

一、选择题 (5\*2)

1. 人基因组大概多少个碱基?
2. CIGAR 信息里 M 是什么意思, D 是什么意思?
3. 研究核糖体和 RNA 互作的手段是什么, 研究三维空间结构的手段是什么?  
B ribo-seq D hi-C

二、名词解释 10\*3

1. Reads mapping
2. 转录组
3. 合成生物学
4. GO(gene ontology)
5. Gene mapping
6. GWAS
7. Gibson 策略
8. ChIP-seq
9. 基因组注释
10. 测序深度

三、简答题 8\*4

1. 简述空间转录组学的研究技术原理和建库步骤(4)举例应用(4)
2. 基因组中外显子, 内含子, 结构 RNA, 剪接位点的跨物种序列保守特征是什么(2\*4)
3. 简述 nanopore, pacbio 的技术原理和特点(4\*2)
4. 简述机器学习的范式和原理 (4) 举例说明机器学习或深度学习在基因组学的应用 (4)

四、计算题 (8\*2)

1. 作业题类似, 给一个 BED 序列求 CDS 长度, 内含子个数, 氨基酸数目
2. 给不同的 reads 拼成一个大序列。

五、论述题 (12)

1. 说明单细胞测序的技术原理和建库步骤 (4) 单细胞数据分析流程 (4) 比较单细胞测序和 bulk 测序的优缺点(4)举例说明单细胞测序的应用 (4)