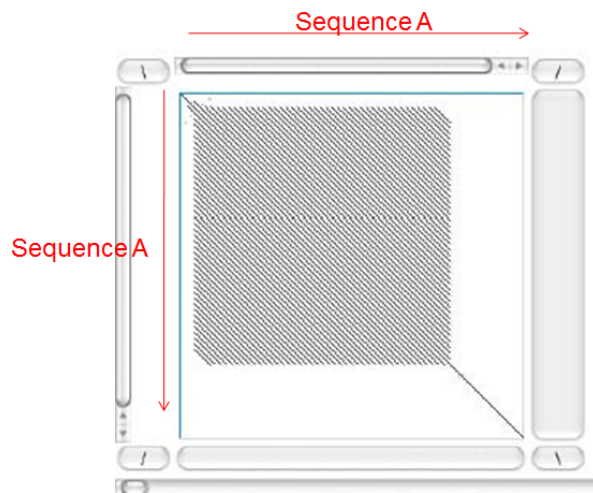


1. Central dogma를 정의하고 이에 대한 현대 생물학적 관점을 설명하시오(10점).
2. Alternative splicing을 정의하고 그 의미에 대하여 설명하시오(10점).
3. 최초로 개발한 DNA sequencing 방법인 Maxam-Gilbert에 의한 방법과 현재도 많이 쓰이고 있는 Sanger에 의한 방법을 비교 서술하시오(10점).
4. gDNA library (genomic library)와 cDNA library가 어떻게 다른지, 그리고 어떻게 활용되는지 설명 하시오(10점).

5. 우측 그림은 유전체 일부 구간인 sequenceA 인데, 내부의 구조를 파악하고자 자기 자신의 염기서열에 대한 자기 자신의 염기서열을 dot plot 한 결과이다. 우리는 이 유전체 일부 구간이 어떠한 구조적 특성을 갖고 있다고 말할 수 있는지 그림을 그려 설명하고, 실제 유전체상에서 이러한 구조적 특성을 갖는 부위에 대하여 설명하시오 (10점).



6. ACTCG의 서열과 ACAGTAG의 서열을 Needleman and Wunsch algorithm에 의한 global alignment를 하려고 한다. gap penalty = -1, match score = 1, mismatch score = 0 이라고 할 때 정렬과정을 기술하시오(10점).

다음 용어를 2~3줄로 간단히 정의하고 설명하시오(각 3점).

- 7-1. termination codon
- 7-2. AT-GC rule
- 7-3. mRNA processing
- 7-4. Taq polymerase
- 7-5. gi number
- 7-6. SEQIN
- 7-7. NGS
- 7-8. contig
- 7-9. blast search
- 7-10. semiglobal alignment