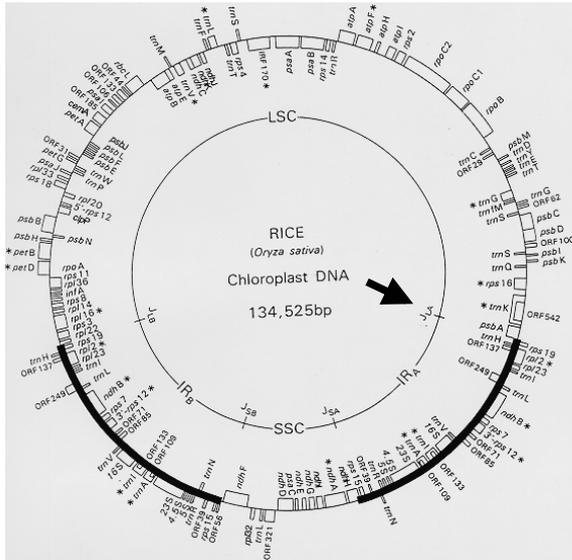


1. PCR을 위한 primer를 디자인 할 때 일반적으로 18bp 이상의 길이로 한다. 그 이유에 대하여 설명하시오(10점).
2. 전통적인 Sanger sequencing의 원리를 설명하고 현재 널리 쓰이고 있는 capillary 방식의 Sanger sequencing과 비교하시오(10점).
3. New Generation Sequencing (NGS)에 대하여 아는 바를 쓰시오(10점).



4. 염록체 유전체는 두 개의 inverted repeat (IRa and IRb) region이 small single copy (SSC) region과 large single copy (LSC) region 사이에 배열하여 circle을 이루는 모습이다(그림참조). 염록체 유전체를 화살표 위치에서 절단하여 linear한 염기서열을 만든 후 자신의 서열에 대한 자신의 서열의 dot plot을 작성하면 어떤 형태가 될 지 정확히 도해하시오(10점).

5. 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)
6. FAMLGFIKYLPGCM의 아미노산 서열을 대상서열 TGFYKYLPGACT에 조회하려고 한다. FASTA algorithm에 의한 국부정렬법(gapped local alignment)을 이용하여 두 서열을 정렬하시오(10점).
7. 다음 용어를 2~3줄로 간단히 정의하고 설명하시오(각 3점).

Entrez	alternative splicing
EST library	contig
gi number	Dr. Craig Venter
Termination codon	degenerate site
PAM	GT-AG rule