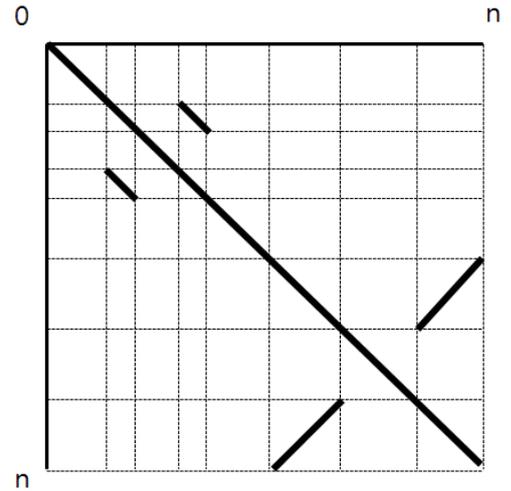


1. n개의 염기서열을 갖는 유전체의 구간을 자기 자신에 대하여 자기 자신을 비교하여 dot plot을 하였더니 좌측의 그림과 같은 형태를 보였다. 이 염기서열이 chloroplast 유전체와 같이 원형의 구조를 가졌다고 가정할 때 이 염기서열이 갖는 내부 구조를 정확히 도해하시오. 단 repeat region은 box로 나타내고, 여러 가지 다른 종류의 repeat들은 기호로 구분하고, 이들의 방향성은 화살표로 표시하여 구분하시오 (10점).



2. A, B, C, D의 생물과 조상형인 ANC 가 갖는 형질의 상태가 아래 matrix와 같을 때 ANC로부터 A, B, C, D가 어떻게 분지 했는지를 parsimony 방법에 의해 추론하여 계통수를 작성하시오. 단 두 종의 생물 간의 형질 차이를 구하는 법과, 진화의 중간단계인 HTU (hypothetical taxonomic unit)와 각각의 종 간에 거리를 구하는 공식은 아래에 제시하였음. HTU에 대한 형질 선정은 주변 종이 갖는 형질들에 대하여 다수의 형질상태를 따르는 방법에 의한다 (10점).

	1	2	3	4	5
A	1	2	2	1	0
B	1	2	1	0	0
C	0	1	0	1	0
D	0	0	0	0	1
ANC	0	0	0	0	0

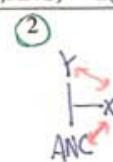
Character × Taxon Matrix

$$d(X,Y) = \sum_{i=1}^n |V_{X_i} - V_{Y_i}|$$

where $d(X,Y)$ = the distance between taxa X and Y
 n = the total number of characters
 V_{X_i} = the character state value of taxon X for character i
 V_{Y_i} = the character state value of taxon Y for character i

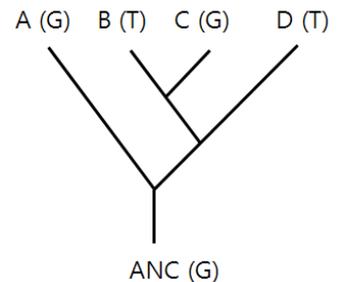
$$d(X,HTU1) = \frac{d(X,Y) + d(X,ANC) - d(Y,ANC)}{2}$$

where X = an unplaced OTU
 HTU1 = the hypothetical ancestor
 Y = the first placed OTU
 ANC = the original ancestor



3. 계통수가 갖는 node가 얼마나 안정된 node 인지 평가하는 방법으로 bootstrap analysis, jackknifing, decay analysis 등이 있다. 이들 중 bootstrap analysis를 수행하는 방법을 기술하시오 (10점).

4. 종 A, B, C, D가 오른쪽과 같은 계통수를 갖는다고 가정할 때, 이들이 갖는 특정 부위의 염기를 괄호 안에 표시하였다. DELTRAN (DElayed TRANSformation) optimization으로 이들의 형질 변화(진화)를 설명 하려고 한다면 좌측 계통수의 어느 위치(node)에서 어떻게 염기서열이 변화되었다고 설명 할 수 있는지 계통수 상에 이를 표시하시오 (5점)

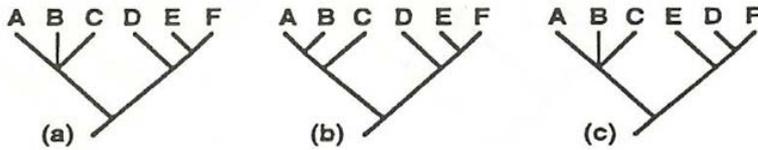


뒷면에 계속 -->

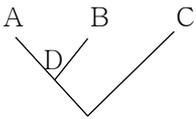
5. 아래는 종 A, B, C, D, E에 대한 DNA 염기서열 자료이다. 이들 중 informative site, uninformative site, variable site들은 각각 몇 개씩인가? (6점)

- A AGATA TGGCA TAGTC
- B AGATA TCGCA TAGTC
- C AGATG TCACA TAATG
- D AGCTG TCACA TAATG
- E TGCTG AGACA TCAAG

6. 아래 세 tree에 대하여 1) strict 2) semistrict 3) 50% majority rule consensus tree를 각각 그리시오(6점).



7. 아래 tree에서 A와 B의 공동조상 D에서 현생의 A, B group에 이르기까지의 진화과정에서 molecular clock이 존재함을 증명하고 싶다. 어떤 방법을 사용하면 될까? A와 B의 공동조상을 D라고 가정하고 설명하시오(5점).



8. 다음 두 용어를 계통수를 그려 비교 설명하시오: orthologous genes vs. paralogous genes (10점).

9. 염기 치환을 설명하는 모델들 중 Jukes-Cantor model과 Kimura's two parameter model의 차이점을 설명하시오 (5점).

고생하셨습니다.

공지사항:

- 1) 2학기에 개설되는 **분자계통학** 수업은 생물정보학의 연장선상에 있는 과목으로 생물정보학을 이수한 학생들의 많은 수강을 기대하겠습니다. 영어수업인 관계로 내용은 쉽게 운영할 예정입니다.
- 2) 2학기 생명과학연구과제 이수를 위해서는 여름 방학이 시작하기 전 요즘에 각 교수님들과 상담 후 여름방학 시작과 동시에 프로젝트를 수행해야 합니다. 졸업 후 생물전공자로서 전공을 살려 뺏어나가기 위해서는 생명과학연구과제 이수가 바람직 하니 많은 관심 바랍니다. 절대평가를 위해 화학연구과제와 연계하여 총원 18명만 운영할 예정입니다.