

【 문제-1 】 (30점)

유전정보는 DNA 염기서열의 형태로 암호화되어 있다. 염기서열분석 방법 중에는 생어 방법(Sanger sequencing)과 차세대 염기서열 분석법(next generation sequencing, NGS)의 일종인 일루미나 방법(Illumina sequencing)이 있다. 다음 물음에 답하시오.

- (1) 일루미나 방법에서 염기서열 정보를 얻는 방법을 설명하시오. (12점)
- (2) 생어 방법과 일루미나 방법은 서열 정보를 얻기 위한 DNA 합성과는 별개로 충분한 신호를 얻기 위한 DNA 증폭이 필요하다. 두 방법의 DNA 증폭은 어떤 점에서 차이가 있는지 설명하시오. (12점)
- (3) 전통적인 생어 방법은 방사능 표지 물질을 사용하였다. 방사능 표지 물질 대신 형광 표지물질을 이용할 경우의 장점을 설명하시오. (6점)

【 문제-2 】 (20점)

유전자 발현 분석 방법을 <보기>에 나열하였다. 다음 물음에 답하시오.

< 보 기 >

- 노던 블롯(Northern blot)
- 형광 제자리 혼성화법(fluorescent *in situ* hybridization, FISH)
- 정량적 실시간 역전사효소-중합효소 연쇄반응(real-time RT-qPCR)
- DNA 미세배열(DNA microarray)
- RNA 시퀀싱(RNA-seq)

- (1) 단일 유전자의 발현 양상이 아닌 전체 전사체(transcriptome)의 발현 양상을 분석할 수 있는 대표적인 방법 두 가지를 <보기>에서 골라 설명하시오. (10점)
- (2) 형광 제자리 혼성화법은 <보기>의 다른 방법으로는 분석하기 어려운 정보를 제공한다. 그것이 무엇인지 설명하시오. (4점)
- (3) 선택적 이어맞춤(alternative splicing)에 의해 길이가 서로 다른 전사체가 조직에 따라 다양하게 만들어지는 유전자 X가 있다. 조직 A에서 유전자 X의 선택적 이어맞춤 양상을 분석하기 위해 노던 블롯 방법을 사용하고자 한다. 노던 블롯 방법으로 어떻게 선택적 이어맞춤 양상 분석이 가능한지 그 원리에 기초해서 설명하시오. (6점)

【 문제-3 】 (30점)

번역(translation)은 RNA를 이용하여 단백질을 합성하는 과정이다. 다음 물음에 답하시오.

- (1) 리보솜(ribosome)이 개시코돈(start codon)을 찾는 방법을 원핵생물과 진핵생물에서 각각 설명하시오. (11점)
- (2) 번역의 신장(elongation) 과정에서 신장인자(elongation factor)가 작용한다. 세 개의 신장인자(EF-Tu, EF-Ts, EF-G)의 기능을 포함하여 신장(elongation) 과정을 설명하시오. (8점)
- (3) 진핵생물에서 mRNA의 폴리-A(poly-A) 꼬리가 번역의 효율성을 높이는 방법을 설명하시오. (5점)
- (4) 원핵생물의 리보솜 단백질이 자신의 합성 과정에서 번역 억제자로 작용하는 방법을 설명하시오. (6점)

【 문제-4 】 (20점)

DNA 복제는 세포분열 후에 각 세포가 필요한 유전정보를 가지도록 DNA를 합성한다. 다음 물음에 답하시오.

- (1) 원핵생물에서 염색체 복제를 통해 생성한 딸 DNA 분자가 사슬처럼 서로 연결되어 있어서 세포분열이 불가능한 상태이다. 이를 해결하는 방법을 설명하시오. (3점)
- (2) DNA 복제 과정에서 DNA 나선풀림효소(DNA helicase)와 활주 DNA 클램프(sliding DNA clamp)의 작용 부위 및 기능을 각각 설명하시오. (8점)
- (3) DNA의 합성을 위해 RNA 프라이머가 요구되며 이에 따라 염색체 복제에서 말단 복제 문제(end replication problem)가 발생한다. 이를 해결하려는 방법의 하나로 진핵생물은 염색체 말단에 말단소체(telomere)를 가지고 있다. 말단소체 이외에 생명체가 말단 복제 문제를 해결하기 위해 이용하는 2가지 방법을 설명하시오. (6점)
- (4) 말단소체의 과도한 신장(elongation)을 방지하기 위해 말단소체 중합효소(telomerase)의 활성을 억제하는 방법을 설명하시오. (3점)