

**생명 공학 문항**

크게 기존 기조와 다르지 않아 생명 공학 단원 내 문항에 수록하였습니다.

**Trend [21학년도 9월 평가원]**

개정 전 교육과정과 크게 다르지 않게

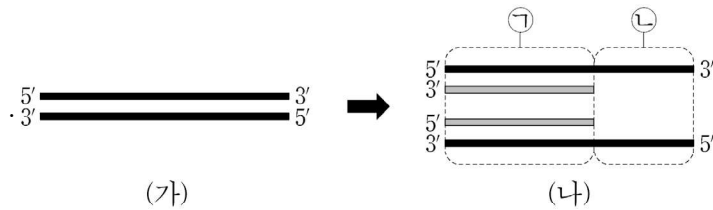
코돈 추론형, 하디-바인베르크 법칙, 유전자 재조합 문항에서 비중 있게 출제되었으며

염기 조성 추론 문항은 상대적으로 쉽게 출제되었습니다.

**[최근 준킬러 문항 - 21 9평 13번]**

**다음은 어떤 세포에서 일어나는 DNA X의 복제에 대한 자료이다.**

- 그림 (가)는 이중 가닥 DNA X를, (나)는 X가 복제되는 과정의 일부를 나타낸 것이다.
- (나)는 복제된 부분과 복제되지 않은 부분을 나타낸 것이며, ㉠은 새로 합성된 가닥과 그에 대해 상보적인 주형 부분을 포함한다.
- ㉠에서 새로 합성된 가닥의 G+C 함량은 40%이다.
- ㉡의 염기 개수는 X의 염기 개수의 40%이다.
- ㉢에서 A+T 함량은 60%이다.
- ㉢에서 구아닌(G)의 개수는 180개이다.



이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고르시오.  
(단, 돌연변이는 고려하지 않는다.)

**< 보 기 >**

- ㄱ. X에서 G+C 함량은 40%이다.
- ㄴ. ㉠의 염기 개수는 2700개이다.
- ㄷ. ㉢에서 사이토신(C) 개수+타이민(T) 개수 = 450개이다.

[최근 킬러 문항 - 21 9평 18번]

다음은 어떤 진핵생물의 유전자 x와, x에서 돌연변이가 일어난 유전자 y, z의 발현에 대한 자료이다.

- x, y, z로부터 각각 폴리펩타이드 X, Y, Z가 합성된다.
- x의 DNA 이중 가닥 중 한 가닥의 염기 서열은 다음과 같다.

5' - CATATCATACTATTTGTCGCTTCTGCAGTCATCAG - 3'

- y는 x의 전사 주형 가닥에서 ㉠ 연속된 5개의 뉴클레오타이드가 결실된 것이다.
- z는 x의 전사 주형 가닥에서 ㉡ 연속된 5개의 뉴클레오타이드가 결실된 것이다.
- x에서 ㉠와 ㉡의 염기는 각각 상보적인 염기와 12개의 수소 결합을 형성한다.
- x의 전사 주형 가닥에서 ㉠와 ㉡는 서로 다른 위치에 있다.
- Y를 구성하는 아미노산은 모두 서로 다른 아미노산이다.
- Y는 시스테인을 가지고, Z는 아스파르트산을 가진다.

- X, Y, Z의 합성은 개시 코돈 AUG에서 시작하여 종결 코돈에서 끝나며, 표는 유전 부호를 나타낸 것이다.

UUU	페닐알라닌	UCU	세린	UAU	타이로신	UGU	시스테인
UUC		UCC		UAC		UGC	
UUA	류신	UCA		UAA	종결 코돈	UGA	종결 코돈
UUG		UCG		UAG	종결 코돈	UGG	트립토판
CUU		CCU	프롤린	CAU	히스티딘	CGU	
CUC	류신	CCC		CAC		CGC	아르지닌
CUA		CCA		CAA	글루타민	CGA	
CUG		CCG		CAG		CGG	
AUU		ACU	트레오닌	AAU	아스파라진	AGU	세린
AUC	아이소류신	ACC		AAC		AGC	
AUA		ACA		AAA	라이신	AGA	
AUG	메싸이오닌	ACG		AAG		AGG	아르지닌
GUU		GCU	알라닌	GAU	아스파르트산	GGU	
GUC	발린	GCC		GAC		GGC	글리신
GUA		GCA		GAA	글루탐산	GGA	
GUG		GCG		GAG		GGG	

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고르시오.

(단, 제시된 돌연변이 이외의 핵산 염기 서열 변화는 고려하지 않는다.)

< 보 기 >

- ㄱ. ㉠의 3' 말단 염기는 구아닌(G)이다.
- ㄴ. Z는 라이신을 가진다.
- ㄷ. Y를 구성하는 아미노산 개수와 Z를 구성하는 아미노산 개수는 같다.

[최근 준킬러 문항 - 21 9평 13번]

[자료 해제]

○ 그림 (가)는 이중 가닥 DNA X를, (나)는 X가 복제되는 과정의 일부를 나타낸 것이다.

○ (나)는 ㉠ 복제된 부분과 ㉡ 복제되지 않은 부분을 나타낸 것이며, ㉠은 새로 합성된 가닥과 그에 대한 상보적인 주형 부분을 포함한다.

○ ㉠에서 새로 합성된 가닥의 G+C 함량은 40%이다.

○ ㉡의 염기 개수는 X의 염기 개수의 40%이다.

○ ㉡에서 A+T 함량은 60%이다.

○ ㉡에서 구아닌(G)의 개수는 180개이다.

1권부터 일관적으로 수리형 문항에 대해

Mind 1 비율 우선, Mind 2 자연수의 적절한 활용에 대해 서술한 바 있으며 이를 적용하는 문항을 충분히 공부한 바 있다.

㉠의 한 가닥에 비례상수 3을, ㉡의 한 가닥에 비례상수 2를 할당해두고 구하는 것을 파악하기 위해 선지로 가자.

(㉠의 한 가닥 염기 개수 : ㉡의 한 가닥 염기 개수 = 3 : 2)

< 보 기 >

㉠. X에서 G+C 함량은 40%이다. (O)

㉠과 ㉡의 G+C 함량이 모두 40%로 제시되어 있으므로  
 (:: ㉡은 순수한 DNA 가닥이므로 U가 있을 수 없다.)  
 염기 개수 비와 무관하게 X에서 G+C 함량은 40%임을 알 수 있다.

㉡. ㉠의 염기 개수는 2700개이다. (O)

염기 개수의 정량값은 ㉡의 G 개수가 유일하다.  
 이때 ㉡은 2중 가닥이므로 사가프 법칙이 성립하고 GC 함량은 40%이므로 G 함량은 20%이다.  
 (비율 ⇔ 정량값)  
 따라서 ㉡에 할당된 총 비례상수 4당 총 염기 개수는 900개임을 알 수 있고  
 (:: G 함량은 20%이고, G 개수는 180개)  
 ㉡에 할당된 총 비례상수는 12이므로 정량값인 총 염기 개수는 2700개이다.

㉢. ㉡에서 사이토신(C) 개수+타이민(T) 개수 = 450개이다. (O)

㉡의 총 염기 개수는 900개임을 도출했고  
 ㉡에서 피리미딘 계열 염기 개수의 정량값을 물어보므로 절반인 450개이다.

C와 T 개수 각각 구하는 문제 노노...

[최근 킬러 문항 - 21 9평 18번]

5' - CATATCATACTATTTGTCGCTTCTGCAGCTCATCAG - 3'

DNA 단일 가닥이 주어져 있으며  
y와 z 모두 x에서 돌연변이가 일어난 상황이다.

1<sup>st</sup> 주형 vs 비주형 판단

5'-ATG-3' 서열이 존재하지 않으므로  
주어진 가닥은 x의 주형 가닥이다.

2<sup>nd</sup> (MInd, Schema 기반) 돌연변이 해제

x의 번역틀을 구성해보면 다음과 같다.

[해제]

5' - CATATCATACTATTTGTCGCTTCTGCAGCTCATCAG - 3'

[설명들]

$x_T$	5'	CATATCATA	CTA	TTT	GTC	GCT	TCT	GCA	GCT	CAT	3'
$x_m$ RNA	3'		GAU	AAA	CAG	CGA	AGA	CGU	CGA	GUA	5'
			종결							개시	

Y는 '모두 서로 다른 아미노산으로 구성되어 있다'라는 아미노산의 종류 조건과 '시스테인이 존재한다'라는 아미노산의 유무 조건이 제시되어 있다.  
따라서 변형되기 전 번역틀의 아미노산 조성을 파악해보자.

(실제 시험장에서는 눈으로 종류가 같은 아미노산을 파악할 수 있을 정도로 공부되면 더 좋다.)  
[∴ Schema 5 아미노산]

[해제]

5' - CATATCATACTATTTGTCGCTTCTGCAGCTCATCAG - 3'

[설명들]

$x_T$	5'	CATATCATA	CTA	TTT	GTC	GCT	TCT	GCA	GCT	CAT	3'
$x_m$ RNA	3'		GAU	AAA	CAG	CGA	AGA	CGU	CGA	GUA	5'
X			종결			S	R	C	S	M	

세린을 암호화하는 3염기 조합 TCG가 두 개 있는 것을 알 수 있다.  
따라서 돌연변이가 일어나는 후보가 압축된다.

수소 결합 조건이 제시되어 있으므로  
세린을 암호화하는 염기 서열 근처에서 GC 계열 염기를 분류해보자.

수소 결합 조건

GC 계열 염기를 분류하여 해제하는 수소 결합 조건은 본디 코이전 교육과정에서 코돈 추론형문항보다는 PCR 문항에서 특정 염기 서열 부위를 압축하는 IDEA로 많이 사용되었다.

수소 결합 조건은 결국 GC 계열 염기 조건과 동치이다.

5개 뉴클레오타이드  
+ HB 12  
⇒ GC 계열 염기 2개

[해제]



- ㉞ 세린을 암호화하는 염기 서열 하나 삭제
- ㉟ 5개 염기 중 GC 계열 염기 2개
- ㊱ 2번째 아미노산 시스테인(C) 유지

㉞~㊱를 모두 만족시키게 후보를 압축하면 만족하는 염기 서열은 다음이 유일하다.

[해제]



[설명들]

$y_T$	5'	CATA	TCA	TAC	TAT	TTG	TCG	CTTCT	GCA	GCT	CAT	3'
$y_m\text{RNA}$	3'		AGU	AUG	AUA	AAC	AGC	GAAGA	CGU	CGA	GUA	5'
Y			중결	V	I	Q	R			C	S	M

Z는 아스파르트산을 가진다는 아미노산의 유무 조건이 있고 이를 암호화하는 염기 서열은 다음에 존재한다.

$x_T$	5'	CATATCATA	CTA	TTT	GTC	GCT	TCT	GCA	GCT	CAT	3'
$x_m\text{RNA}$	3'		GAU	AAA	CAG	CGA	AGA	CGU	CGA	GUA	5'
X			중결		D						

그에 따라 CT大 3염기 조합을 유지하면서 GC 계열 염기를 분류하면 다음과 같다.



경우의 수가 1개이다. 따라서 다음으로 확정된다.



추가 조건이 없고 모두 부합하므로 이대로 선지로 가도 무방하다.

**틀 이동 돌연변이**  
1<sup>st</sup> 특정 서열 유지  
2<sup>nd</sup> 특정 서열 재조합

⇒ 유지되면 그대로 Go, 유지되지 않으면 재조합

[자료 해제]



< 보 기 >

ㄱ. ㉠의 3' 말단 염기는 구아닌(G)이다. (X)

㉠의 염기 서열은 5'-CTTCT-3'이므로 아니다.

ㄴ. Z는 라이신을 가진다. (O)

3염기 조합 TTT는 라이신(코돈 AAA)를 암호화한다.  
Y를 파악할 때 개시 코돈 방향에서 라이신이 없었으므로  
종결 코돈을 암호화하는 서열에서 변형된 번역틀을 역방향으로 읽어나갔으면 쉽게 알 수 있다.

ㄷ. Y를 구성하는 아미노산 개수와 Z를 구성하는 아미노산 개수는 같다. (O)

개시 코돈이 동일하고 종결 코돈을 암호화하는 마지막 염기가 같다.  
결실된 염기 개수도 동일하므로 아미노산 개수는 자명하게 같다.

틀 이동 돌연변이에 의해 변형된 번역틀의 특징을 물어보고 있다.