Present [:선물]

생명과학 Ⅱ

유전자 돌연변이
평가원 문항이 고난도 추론형으로 진화해온 것과는 별개로 유전자 돌연변이는 진화적으로 중요하다.

(∵ Present 2권 Common Sense)

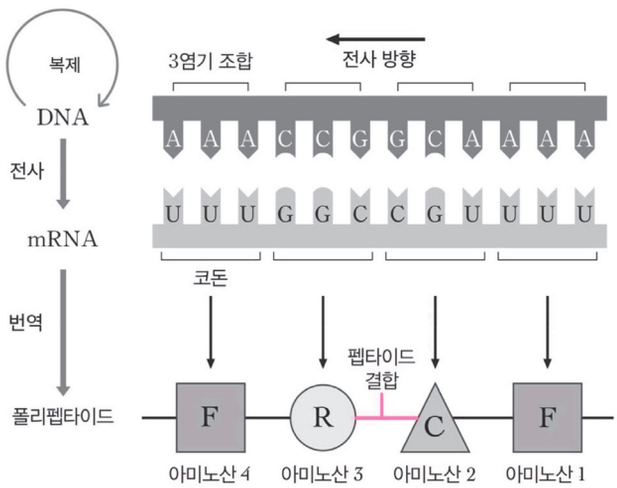
트리플렛 코드(3염기 조합)
개정 교육과정에서 '트리플렛 코드'는 '3염기 조합' 용어로 대체되어 서술되고 있다.

⑤ 유전자 돌연변이 (≒ 코돈 추론형)

코돈 추론형 문항을 해제하는 데 있어 기본으로 알아야 하는 것들은 다음과 같다.

[코돈 추론형 Basic]

① 코돈과 코드



"코돈"은 연속된 3개의 염기로 구성되는 mRNA의 유전부호를 의미하고
"3염기 조합"은 연속된 3개의 염기로 구성되는 DNA의 유전부호를 의미한다.

3염기 조합을 "트리플렛 코드"라고도 하는데
본 교재에서는 3염기 조합이라는 말 대신 "코드"라는 말로 줄여 사용한다.

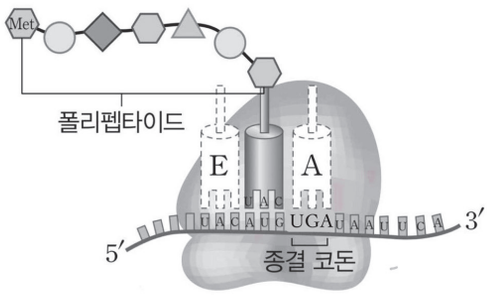
② 개시 코돈

유전자 발현의 시작은 "개시 코돈"에서 일어나며
mRNA 기준 5′-AUG-3′이다.

보통 유전자 돌연변이는 "전사 주형 가닥"에서 주로 일어나고
코돈 추론형 유형이 진화해온 최근 5년간 수능은 모두 전사 주형 가닥에서 유전자 발현 돌연변이에 대해 질문했으니 다음을 반드시 같이 암기하자.

전사 주형 가닥에서 개시 코돈을 암호화하는 부위인 "개시 코드"의 염기 서열은
3′-TAC-5′이다.

③ 종결 코돈



유전자 발현의 종결은 "종결 코돈"에서 일어나며
아미노산 대신 방출 인자가 오는 종결 코돈은 5'-UAA-3', 5'-UAG-3', 5'-UGA-3' 총 3가지이다.

종결 코돈은 모두 **U大大**의 형태를 띄는 것과
전사 주형 가닥에서 종결 코돈을 암호화하는 부위인 "종결 코드"의 서열인
3'-ATT-5', 3'-ATC-5', 3'-ACT-5'는 함께 암기하는게 좋다.

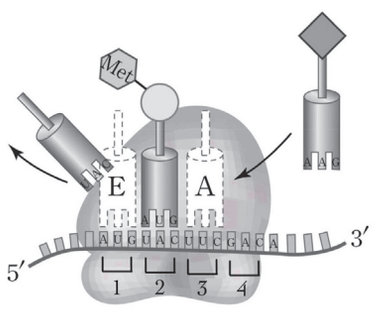
大
퓨린 계열 염기

UGG
U大大 중 유일하게 아미노산을 암호화하며 **트립토판**을 지정한다.

U大大 서술에 있어 UGG는 배제하고 생각하자.

+ UGG가 트립토판임이 당연하게 여겨지는 정도로 코돈에 익숙해지는게 좋다.

④ 번역틀



코돈 번호

번역은 염기 3개 단위, 코돈 1개 단위로
염기가 중복되거나 누락되지 않고 순서대로 일어난다.

본 교재에서 "번역틀"은 다음과 같이 정의하겠다.

"개시 코돈부터 종결 코돈 사이에서 염기 3개, 코돈 1개 단위로 나누는 사선(/)의 집합"
"개시 코드부터 종결 코드 사이에서 염기 3개, 코드 1개 단위로 나누는 사선(/)의 집합"

예를 들어 다음과 같이 30개의 아미노산으로 구성된 단백질 X를 암호화하는 서열이 있다고 가정하자.

주형가닥 3′ … TTA GCT AAA ACT TAT TTA TTT … 5′
mRNA 5′ … AAU CGA UUU UGA AUA AAU AAA … 3′
코돈 번호 … 28 29 30

본 교재에서 정의하는 "번역틀"은 다음과 같다.

번역틀 vs 해독틀
번역이 일어나는 한 단위라는 의미를 살리기 위해 번역틀이라는 용어로 본 교재에서 통일하고 있으나 유전학 교재에서는 본 상황을 나타낼 때 해독틀이라는 용어를 사용한다.

어떤 용어로 알아도 무방하다.
(단어 자체는 중요하지 않다.)

고교 과정에서 출제되는 문항만 잘 해제하면 그만이다.

번역틀의 정의
유전학 범위에서 번역틀의 정의은 다소 다르다.

그러나 설명의 이해나, 사고의 흐름, 서술의 편의를 위해 필수적인 용어이기에 제시하였다.

⑤ 유전자 돌연변이

[해제]

주형가닥 3′ … TTA GCT AAA ACT TAT TTA TTT … 5′
mRNA 5′ … AAU CGA UUU UGA AUA AAU AAA … 3′
코돈 번호 … 28 29 30

[설명틀]

주형 가닥	3′	…	TTA	GCT	AAA	ACT	TAT	TTA	TTT	…	5′
mRNA	5′	…	AAU	CGA	UUU	UGA	AUA	AAU	AAA	…	3′
코돈 번호		…	28	29	30	종결				…	

⑤ 변형된 번역틀

틀 이동 돌연변이(뉴클레오타이드의 삽입, 결실)에 의해
번역틀 내 사선(/)들의 위치가 변형된 번역틀을 의미한다.

틀 이동 돌연변이
Frameshift mutation

뉴클레오타이드가 삽입 또는 결실되어 번역틀이 변형, 다수의 코돈이 변화하는 돌연변이를 의미한다.

㉮
주형가닥 3′ … TTA GCT AAA ACT TAT TTA TTT … 5′
mRNA 5′ … AAU CGA UUU UGA AUA AAU AAA … 3′
코돈 번호 … 28 29 30

앞서 번역틀을 설명하는 데 활용한 30개의 아미노산으로 구성된 단백질 X를 암호화하는 서열이다. 단백질 X의 유전자에서 ㉮의 위치에 어떤 한 개의 뉴클레오타이드를 삽입하여 새로운 단백질 Y를 합성하였다고 가정해보자.

그에 따라 형성되는 변형된 번역틀은 다음과 같다.

[해제]

㉮
주형가닥 3′ … TTA GCT AAA ACT TAT TTA TTT … 5′
mRNA 5′ … AAU CGA UUU UGA AUA AAU AAA … 3′
코돈 번호 … 28 29 30

[설명틀]

주형 가닥	3′	…	TTA	GC_	TAA	AAC	TTA	TTT	ATT	T	…	5′
mRNA	5′	…	AAU	CG_	AUU	UUG	AAU	AAA	UAA	A	…	3′
코돈 번호		…	28	29	30	31	32	33	종결		…	

(변형된 번역틀의 특징)

돌연변이가 일어난 위치를 모두 파악하면 다른 염기 서열에는 돌연변이가 일어나지 않았다는 것을 방증할 수 있어 변형된 번역틀을 확정지을 수 있다.

—
① 치환 가능한 염기
② 여러 개의 염기 위치 가능

한 개의 염기가 삽입된 이후의 염기 서열에서의 번역틀은
단백질 X의 번역틀과 다른 위치의 사선(/)들로 구성되는 것을 알 수 있다.

이렇게 결정되는 틀을 본 교재에서는 변형된 번역틀이라고 명명하겠다.

⑥ 번역틀의 활용

제시된 염기 서열을 해석하는 도구인 번역틀에 의해 알 수 있는 것들은 다음과 같다.

ⓐ 아미노산 개수

번역틀 내 사선(/)의 개수는 아미노산 개수와 동일하다.

[EX 1]

돌연변이가 일어나지 않은 주형 가닥 제시

[해제]

DNA 3′−TAC/ ATA/ TAT/ ACC/ TAT/ TTT/ ATT−5′

[설명틀]

주형 가닥	3′	…	TAC	ATA	TAT	ACC	TAT	TTT	ATT	…	5′
mRNA	5′	…	AUG	UAU	AUA	UGG	AUA	AAA	UAA	…	3′
코돈 번호		…	개시(1)	2	3	4	5	6	종결	…	

사선(/)의 개수가 아미노산의 개수와 동일함을 알 수 있다.

[EX 2] 주형 가닥의 ㉠과 ㉡에 각각 1개의 뉴클레오타이드가 삽입

[상황 해제]

DNA 3′−TAC/ ATA/ TA㉠T/ ㉡ACC/ TAT/ TTT ATT−5′

[설명틀]

주형 가닥	3′	…	TAC	ATA	T_A	_TA	CCT	ATT	TTATT	…	5′
mRNA	5′	…	AUG	UAU	A_U	_AU	GGA	UAA	AAUAA	…	3′
코돈 번호		…	개시(1)	2	3	4	5	종결		…	

변형된 번역틀 내 사선(/)의 개수가 아미노산의 개수와 동일함을 알 수 있다.

종결 코돈

아미노산을 암호화하지 않는다.

ⓑ 펩타이드 결합 개수

펩타이드 결합 개수는 어떤 폴리펩타이드에서 '아미노산 개수 - 1'이므로
'사선(/)의 개수 - 1'로 생각해도 무방하다.

[16학년도 6평 간소화]

○ x, y로부터 각각 폴리펩타이드 X, Y가 합성된다.
○ x의 DNA 2중 가닥 중 한 가닥의 염기 서열은 다음과 같다.

5′-TCACTGCTTATGTCGGCTTACTCATGG-3′

○ y는 x에서 연속된 4개의 염기쌍이 결실된 돌연변이이다. 결실된 부분의 모든 염기는 각각 상보적인 염기와 2개의 수소 결합을 한다.

Y의 펩타이드 결합 개수는?

[해제]

결실될 수 있는 염기 서열이 하나로 압축되고
해당 부분을 결실시키고 나면 5'-ATG-3'이 없으므로
문제에서 제시된 가닥은 y의 전사 주형 가닥임을 알 수 있다.

돌연변이에 따라 변형된 번역틀은 다음과 같이 형성된다.

5′-TCACTGCTTATGTCGGCTTACTCATGG-3′

주형 가닥	5′	…	TCA	CTG	CTTATGT	CGG	CTT	ACT	CAT	…	3′
mRNA	3′	…	AGU	UAU	GAAUACA	GCC	GAA	UGA	GUA	…	5′
코돈 번호		…	종결	6	5	4	3	2	개시(1)	…	

따라서 Y의 펩타이드 결합 개수는 6-1=5 이다.

⑦ 코돈표

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

코돈과 아미노산을 대응하는 표로 문제에 필요한 조건으로 보통 주어지나
최근 Trend의 문항은 코돈표를 적절히 암기해야 해제가 용이하게 출제된다.

코돈표에 대한 자세한 분석은 바로 다음 Schema 1에서 알아보자.

+ 뒷 페이지에서 서술되는 MInd에서 사용되는 코돈표는 다음과 같다.

UUU, UUC 페닐알라닌 F	UCU, UCC, UCA, UCG 세린 S	UAU, UAC 타이로신 Y	UGU, UGC 시스테인 C
UUA, UUG 류신 L		UAA 종결 코돈	UGA 종결 코돈
		UAG 종결 코돈	UGG 트립토판 W
CUU, CUC, CUA, CUG 류신 L	CCU, CCC, CCA, CCG 프롤린 P	CAU, CAC 히스티딘 H	CGU, CGC, CGA, CGG 아르지닌 R
		CAA, CAG 글루타민 Q	
AUU, AUC, AUA 아이소류신 I	ACU, ACC, ACA, ACG 트레오닌 T	AAU, AAC 아스파라진 N	AGU, AGC 세린 S
AUG 메싸이오닌 M		AAA, AAG 라이신 K	AGA, AGG 아르지닌 R
GUU, GUC, GUA, GUG 발린 V	GCU, GCC, GCA, GCG 알라닌 A	GAU, GAC 아스파트산 D	GGU, GGC, GGA, GGG 글리신 G
		GAA, GAG 글루탐산 E	

아미노산 약어

코돈 추론형 문항을 해제할 때 조건에 따라 아미노산을 기입해야 하는 경우가 있다.

한글로 아스파트산과 아스파라진을 구분하여 기입하는 데에는 한계가 있기에 아미노산 약어는 연상과 반복을 통해 암기하기를 권유하는 바이다.

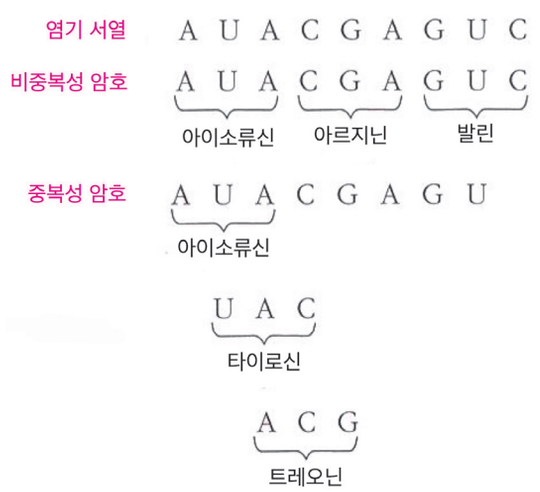
억지로 외우려 하지말고 주어진 약어가 표기된 코돈표와 교재에 제시한 내용들을 읽어가다보면 저절로 암기되리라 생각한다.

Common Sense
: 코돈의 성질

유전 부호의 기본 단위, 다시 말해서 하나의 아미노산을 암호화하고 있는 염기 세트를 코돈이라고 한다.

이러한 코돈에는 다음과 같은 성질이 존재한다.

① 비중복성
각 뉴클레오타이드는 하나의 코돈에만 포함된다.



② 중첩성
하나의 아미노산이 하나 이상의 코돈에 의해 지정된다

[코돈표]

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

③ 명확성
한 개의 코돈은 하나의 아미노산만 지정한다.

코돈 추론형
Schema 1

코돈표

최근에 출제되는 문항은
코돈표를 "① 효율적으로 ② 암기"했을 때, 논리적으로 해결하기 쉽게 출제된다.

다음은 평가원 문항 자료의 일부이다.

[20 수능] Z는 6종류의 아미노산으로 구성되고, 4번째 아미노산은 트립토판이다.
[20 9평] X는 6종류의 아미노산으로 구성되고, X의 3번째 아미노산은 아스파트산, 5번째 아미노산은 아르지닌이다.
[19 수능] X는 서로 다른 8개의 아미노산으로 구성된다.

머리 속에 등장했던 아미노산의 종류를 기억하는 일은 쉬운 일이 아니다.
할 수 있는 영역이긴 하나 도출하는 데 있어 시간이 더 걸릴뿐더러
"n번째 아미노산"이라는 표현에서 알 수 있듯이 아미노산의 순서도 질문하기에

"폴리펩타이드의 아미노산 구성을 효율적으로 정리할 수 있는 방법"이 필요하다.

시간이 충분하다면
메싸이오닌 - 아스파트산 - 아스파라진 - 아르지닌 - 류신 - 글루탐산 - 글루타민

이렇게 주어진 폴리펩타이드 서열을 기입할 수 있겠지만
이는 시간 효율의 측면에서나, 정확성의 측면에서 부적합하다.

따라서 다음을 제안하는 바이다.

앞글자의 유사성
한글로 적어나가기에는 '아스파트산 vs 아스파라진' 이나 '글루탐산 vs 글루타민'과 같이 비슷한 앞 글자를 지닌 아미노산이 존재해 바람직하지 않다.

코돈 추론형
Schema 1

코돈표

UUU 페닐알라닌 F UUC	UCU 세린 S UCC	UAU 타이로신 Y UAC	UGU 시스테인 C UGC
UUA 류신 L UUG	UCA UCG	UAA 종결 코돈 UAG 종결 코돈	UGA 종결 코돈 UGG 트립토판 W
CUU 류신 L CUC CUA CUG	CCU 프롤린 P CCC CCA CCG	CAU 히스티딘 H CAC	CGU 아르지닌 R CGC CGA CGG
AUU 아이소류신 I AUC AUA	ACU 트레오닌 T ACC ACA ACG	CAA 글루타민 Q CAG AAU 아스파라진 N AAC	AGU 세린 S AGC
AUG 메싸이오닌 M		AAA 라이신 K AAG	AGA 아르지닌 R AGG
GUU 발린 V GUC GUA GUG	GCU 알라닌 A GCC GCA GCG	GAU 아스파트산 D GAC GAA 글루탐산 E GAG	GGU 글리신 G GGC GGA GGG

한 번에 완벽하게 외우려 하지 않아도 된다
오른쪽 근거를 한번 숙지한 후, 교재 내에서 계속 접하다 보면 숙달될 것이다.

아미노산과 약어 대응

① 왼쪽 두 줄

UUU 페닐알라닌 F UUC	UCU 세린 S UCC UCA UCG
UUA 류신 L UUG	
CUU 류신 L CUC CUA CUG	CCU 프롤린 P CCC CCA CCG
AUU 아이소류신 I AUC AUA	ACU 트레오닌 T ACC ACA ACG
AUG 메싸이오닌 M	
GUU 발린 V GUC GUA GUG	GCU 알라닌 A GCC GCA GCG

[예제 1 - 빈칸 채우기]

명칭	약어
알라닌	
아이소류신	
류신	
메싸이오닌	
페닐알라닌	
프롤린	
세린	
트레오닌	
발린	

발음의 첫 글자를 따서 명명되었으니 **발음**으로 암기하자.

아미노산 약어와 근거

명칭	3자	1자	근거
알라닌	Ala	A	더 흔함
아르지닌	Arg	R	발음 (Ar ≒ R)
아스파라진	Asn	N	N 포함
아스파트산	Asp	D	A 근처
시스테인	Cys	C	유일 C
글루탐산	Glu	E	G 근처
글루타민	Gln	Q	Q-tamine
글리신	Gly	G	더 흔함
히스티딘	His	H	유일 H
아이소류신	Ile	I	유일 I
류신	Leu	L	더 흔함
라이신	Lys	K	L 근처
메싸이오닌	Met	M	유일 M
페닐알라닌	Phe	F	발음 (Ph ≒ F)
프롤린	Pro	P	더 흔함
세린	Ser	S	유일 S
트레오닌	Thr	T	더 흔함
트립토판	Trp	W	루프 구조
타이로신	Tyr	Y	발음 (Ty ≒ Y)
발린	Val	V	유일 V

3자 약어 vs 1자 약어
학계에서는 3자로 구성된 약어가 더 보편적으로 사용되기에 3자 약어가 더 익숙하다면 3자 약어로 해제해도 무방하다.

다만 우리는 대학 과정 시험이 아닌 생명과학 수능(내신)이 목표이기에 가급적 1자 약어를 암기하기를 권유한다.

1자 약어가 아미노산 서열을 기록하고 후보를 압축하는 데 있어 조금 더 편리하기 때문이다.

예제 1 정답
차례대로
A, I, L, M, F, P, S, T, V

코돈 추론형
Schema 3

코돈의 특징

[1906] x는 모두 다른 코돈에 의해 지정되는 5개의 아미노산으로 구성된 폴리펩타이드 X를 암호화하고, X는 1종류의 아미노산으로 구성된다.

위 평가원 문항의 조건과 같은 상황을 만족시키려면 X를 구성하는 아미노산은
아미노산 1개당 아미노산을 지정하는 코돈의 개수가 5개 이상인
류신(L), 세린(S), 아르지닌(R) 중 하나여야 한다.

이렇게 L, S, R은 아미노산 별 지정하는 코돈의 개수가 6개로
지정하는 코돈의 경우의 수가 많아 추론형 요소로 출제되기 용이하다.

아미노산을 지정하는 코돈의 개수를 나타내는 코돈표를 그리면 다음과 같다.

UUU	페닐알라닌 (2개)	GGU	글리신 (4개)	UAU	타이로신 (2개)	UGU	시스테인 (2개)
UUC		GGC		UAC		UGC	
UUA	류신 (6개)	GGA		UAA	종결 코돈	UGA	종결 코돈
UUG		GGG		UAG	종결 코돈	UGG	트립토판
CUU		CCU	프롤린 (4개)	CAU	히스티딘 (2개)	CGU	아르지닌 (6개)
CUC		CCC		CAC		CGC	
CUA		CCA		CAA	글루타민 (2개)	CGA	
CUG		CCG		CAG		CGG	
AUU	아이소류신 (3개)	ACU	트레오닌 (4개)	AAU	아스파라진 (2개)	AGA	
AUC		ACC		AAC		AGG	
AUA		ACA		AAA	라이신 (2개)	AGU	세린 (6개)
AUG	메싸이오닌	ACG		AAG		AGC	
GUU	발린 (4개)	GCU	알라닌 (4개)	GAU	아스파트산 (2개)	UCU	
GUC		GCC		GAC		UCC	
GUA		GCA		GAA	글루탐산 (2개)	UCA	
GUG		GCG		GAG		UCG	

아미노산을 지정하는 코돈의 개수를 기준으로 아미노산을 분류하면 다음과 같다.

ⓐ 1개 (1 : 1)

메싸이오닌(M), 트립토판(W)

Reading by Codon		Reading by Code	
M	AUG	M	TAC
W	UGG	W	ACC

메싸이오닌(M)은 코돈과 코드 모두 필수 암기 사항이다.
트립토판은 코돈만 암기해도 무방하나, 코드 ACC도 자주 등장하여 암기될 가능성이 높다.

메싸이오닌(M), 트립토판(W), 종결 코드 이외에
다른 3염기 조합의 암기는 L과 R 외에 불필요하다.

코돈 추론형
Schema 3

코돈의 특징

ⓑ 6개 (1 : 6)

류신(L), 세린(S), 아르지닌(R)

UUA		CGU		AGU	
UUG		CGC		AGC	
CUU	L	CGA	R	UCU	S
CUC	(6개)	CGG	(6개)	UCC	(6개)
CUA		AGA		UCA	
CUG		AGG		UCG	

류신(L), 세린(S), 아르지닌(R)의 경우 문제 출제 빈도가 높으므로
다음 사실까지 암기하고 있으면 좋다.

L은 코돈의 두 번째 염기가 공통적으로 U이다.
R은 코돈의 두 번째 염기가 공통적으로 G이다.

S는 서로 다른 코돈 간 상보성을 띌 수 있다.
예를 들어, AGC와 UCG는 서로 상보적이고 두 코돈 모두 세린(S)을 지정한다.

이는 아미노산 배열이 주어져 코돈을 기록하여 풀어가야 하는 문항의 경우
다음과 같이 자료를 정리할 수 있음을 의미한다.

Reading by Codon		Reading by Code	
L	_U_	L	_A_
R	_G_	R	_C_
S	UC_ AGU C	S	AG_ UCA G

류신(L), 세린(S), 아르지닌(R)은 코돈의 자료 정리 방식을 암기하기를 권장한다.
코드의 경우 L과 R은 암기를 권장하며 S는 상황에 맞게 추론하는 게 더 낫다.

추가적으로 다음과 같은 특징이 기출된 바 있으나
이는 문제 해제하면서 익혀도 무방하다.

Reading by Codon	
L	小U_

VS

Reading by Codon	
R	_G_
S	UC_ AGU C

(코돈의 첫 번째 염기가 치환되어도 동일한 아미노산으로 유지되려면
류신(L)은 동일한 피리미딘 계열 염기로 치환되어야 하며
아르지닌(R)은 계열과 수소 결합의 개수가 모두 다른 염기로 치환되어야 한다.)

ⓐ, ⓑ, ⓒ의 순서는 출제 빈도 순이다.

여러 염기가 자리에 공통적으로 들어갈 수 있을 때, 즉 다른 염기로 치환이 가능할 때 기호 _를 사용한다.

암기의 기준

앞으로 출제될 요소에 대해 모두 암기하고 시험장에 들어가는 것은 사실상 불가능하다.

따라서 암기에 대해 강박을 가질 필요는 없으나 기출된 사항에 대해서는 모두 심층적으로 분석하고 들어가야 다른 추론 요소가 등장했을 때 사고가 용이해질 것이다.

Common Sense
: 억제 돌연변이 - ① 유전자 내 억제 돌연변이

억제 돌연변이는 유전자 돌연변이 중
다른 돌연변이로 인해 생긴 결과를 억제시키거나 숨기는 유전 변화를 의미한다.

이러한 억제 돌연변이는 **원 돌연변이와 억제 돌연변이를 모두** 가진
이중 돌연변이이나, 돌연변이가 일어나지 않은 야생형의 표현형을 나타낸다.

억제 돌연변이는
① **유전자 내 억제 돌연변이** 와
② **유전자 간 억제 돌연변이** 로 나뉘고

유전자 내 억제 돌연변이는
원 돌연변이와 억제 돌연변이가 같은 유전자 내에 있으며,
여러 방법에 의해 원 돌연변이를 억제하는 돌연변이를 의미한다.

이는 앞서 설명한 **틀 이동 돌연변이를 억제**함으로써 작동하는데
만약 원 돌연변이가 하나의 염기가 결실되는 돌연변이라면
그 유전자 내 다른 장소에서 하나의 염기가 삽입되어
변형되기 이전 번역틀이 복구될 수 있다.

대표적으로 이를 활용하여 출제된 평가원 문항은
[17학년도 6월 18번] [18학년도 6월 17번] [20학년도 6, 9, 수능]이 있다.

다음과 같은 DNA 염기 서열과 암호화하는 아미노산을 생각해보자.

DNA	TAC	TCA	CTG	GGC	AGC	GAT	CAA	ATT
mRNA	AUG	AGU	GAC	CCG	UCG	CUA	GUU	UAA
아미노산	M	S	D	P	S	L	V	종결 위치
	Met	Ser	Asp	Pro	Ser	Leu	Val	

두 번째 코드의 첫 번째 뉴클레오타이드가 결실되는 돌연변이가 일어났다고 가정하자.
그러면 다음과 같이 변형된 번역틀이 구성된다.

DNA	TAC	~~T~~CAC	TGG	GCA	GCG	ATC	AAATT
mRNA	AUG	~~A~~GUG	ACC	CGU	CGC	UAG	UUUAA
아미노산	M	V	T	R	R	종결 위치	
	Met	Val	Thr	Arg	Arg		

돌연변이가 일어난 후 모든 아미노산 서열이 바뀐 것을 알 수 있다.
이렇게 틀 이동 돌연변이가 일어나게 되면 일반적으로 뚜렷하게 다른 표현형을 나타내게 된다.

이후 1개의 뉴클레오타이드가 변형된 번역틀 내 3번째 유전 부호에 삽입된다면
번역틀 내 2번째 유전 부호와 번역틀 내 3번째 유전 부호가 암호화하는 2개의 아미노산은
본래 염기 서열에 의해 지정되는 아미노산들과 다를 수 있으나 다음과 같이 번역틀은 복구된다.

⑤ 유전자 돌연변이

[복구된 번역틀]

DNA	TAC	~~T~~CAC	TCG	GGC	AGC	GAT	CAA	ATT
mRNA	AUG	~~A~~GUG	AGC	CCG	UCG	CUA	GUU	UAA
아미노산	M	V	S	P	S	L	V	종결 위치
	Met	Val	Ser	Pro	Ser	Leu	Val	

[원 번역틀]

DNA	TAC	TCA	CTG	GGC	AGC	GAT	CAA	ATT
mRNA	AUG	AGU	GAC	CCG	UCG	CUA	GUU	UAA
아미노산	M	S	D	P	S	L	V	종결 위치
	Met	Ser	Asp	Pro	Ser	Leu	Val	

같은 방식으로 유전자 내 뉴클레오타이드의 삽입으로 생겨난 돌연변이는
뉴클레오타이드의 결실에 의해 억제될 수 있다.

억제 돌연변이
유전자 내 개시 코돈 이후부터 종결 코돈 부위까지 +n 돌연변이와 −n 돌연변이가 동시에 일어난 돌연변이

이러한 억제 돌연변이가 출제되었을 때 해석의 핵심은
돌연변이가 일어나지 않았음이 확실한 Fixed 부분이다.

[복구된 번역틀]

DNA	TAC	~~T~~CAC	TCG	GGC	AGC	GAT	CAA	ATT
mRNA	AUG	~~A~~GUG	AGC	CCG	UCG	CUA	GUU	UAA
아미노산	M	V	S	P	S	L	V	종결 위치
	Met	Val	Ser	Pro	Ser	Leu	Val	

[원 번역틀]

DNA	TAC	TCA	CTG	GGC	AGC	GAT	CAA	ATT
mRNA	AUG	AGU	GAC	CCG	UCG	CUA	GUU	UAA
아미노산	M	S	D	P	S	L	V	종결 위치
	Met	Ser	Asp	Pro	Ser	Leu	Val	

돌연변이가 일어난 부근의 염기 서열을 제외하고는
염기 서열과 아미노산 서열이 변하지 않는다.

따라서 **정방향 번역과 역방향 번역이 모두 가능**하여
돌연변이가 일어난 후보군을 압축할 수 있으며

돌연변이가 일어나지 않은 부근의 염기 서열 or 아미노산 서열과
문제 내 주어진 추가 조건을 통해 상황을 연역적으로 해제할 수 있다.

⑤ 유전자 돌연변이

[예제 22 해설] 답. ㄷ

㉮의 단일 가닥이 주어져 있다.

AAGAGA◯◯◯AA㉠TAA

1st 주형 vs 비주형 판단

AUU는 아이소류신을 암호화하고

아이소류신이 폴리펩타이드의 5번째 아미노산이므로 주어진 가닥은 주형 가닥임을 알 수 있다. 따라서 다음과 같이 번역틀이 구성된다.

x_T	AAG	AGA	◯◯◯	AA㉠	TAA
x_m	UUC	UCU	◯◯◯	UU?	AUU
X	F	S	P	?	I

2nd 돌연변이 해제

tRNA의 안티코돈과 그에 상응하는 3염기 조합은 서열이 유사하다.

X가 발현될 때 사용되는 $tRNA^P$의 안티코돈이 3'-??U-5'이므로 다음을 알 수 있다.

x_T	AAG	AGA	◯◯T	AA㉠	TAA
x_m	UUC	UCU	◯◯A	UU?	AUU
X	F	S	P	?	I

$\frac{A+T}{G+C}=2$조건은 ㉮의 염기 서열에서 구아닌(G) 개수+사이토신(C) 개수=5 와 동치이고

$\frac{C+T}{A+G}=\frac{1}{4}$조건은 ㉮의 염기 서열에서 사이토신(C) 개수+타이민(T) 개수=3 과 동치이다.

따라서 정해지지 않은 나머지 염기들은 모두 GC 계열 염기가 되어야 하며

사이토신(C)이 1개, 구아닌(G)이 2개 더 와야 하는 것을 알 수 있다.

이때 ㉠이 구아닌(G)이 되면 페닐알라닌을 암호화하는 것을 첫 번째 아미노산을 암호화하는 염기 서열 AAG를 통해 알 수 있다. X는 모두 서로 다른 아미노산으로 구성되므로 ㉠은 사이토신(C)이 되어야 한다.

그에 따라 다음과 같이 번역틀이 확정된다.

x_T	AAG	AGA	GGT	AAC	TAA
x_m	UUC	UCU	CCA	UUG	AUU
X	F	S	P	?	I

코돈의 암기

UUG는 류신을 암호화하고 코돈에 대해 암기하고 있다면 코돈 추론형 문항 해제에 있어 더 수월하게 해제할 수 있다.

[선지 해제]

< 보 기 >

ㄱ. ㉠은 타이민(T)이다. (X)

㉠은 사이토신(C)이다.

ㄴ. 5′-GGT-3′은 ㉮에서 5′-○○○-3′의 염기 서열에 해당한다. (X)

방향성에 주의하자.
아이소류신과 안티코돈의 유라실(U)을 고려했을 때
3'-GGT-5'임을 알 수 있다.

ㄷ. 안티코돈이 3′-AGA-5′인 tRNA는 세린을 운반한다. (O)

DNA의 3염기 조합 3'-AGA-5'가 세린을 암호화하므로
동일한 염기서열인 3'-AGA-5'을 안티코돈으로 하는 tRNA 또한 세린을 운반한다.

ㄹ. X의 번역 시 세린과 페닐알라닌의 결합보다 세린과 프롤린의 결합이 먼저 일어났다. (X)

아이소류신의 염기 서열에 의해 주어진 가닥 ㉯의 방향성이 결정되고
㉯가 주형 가닥임이 결정된다.

그에 따라 페닐알라닌은 첫 번째 아미노산이고 프롤린은 세 번째 아미노산임을 알 수 있다.
따라서 류신과 페닐알라닌의 결합이 류신과 프롤린의 결합보다 먼저 일어났다.

⑤ 유전자 돌연변이

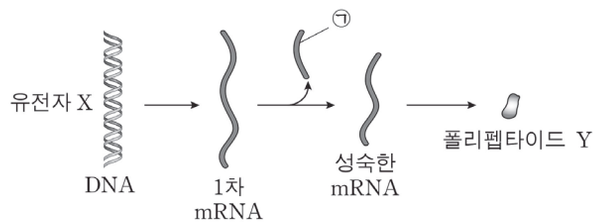
코돈 추론형
Schema 7

인트론 제거

유전자 발현 과정에서 유전 정보를 전달하는 mRNA는 가공 과정을 거친다.

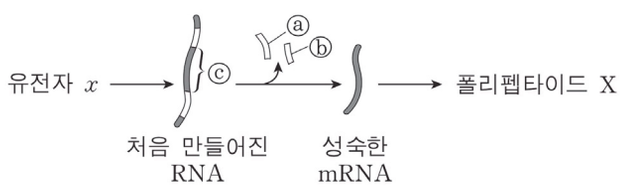
이러한 가공 과정을 통해 1차 mRNA의 특정 부분(인트론)은 제거되고 엑손끼리 연결되어 성숙한 mRNA가 되며, 이를 스플라이싱이라고 한다..

[1409] 유전자 X가 전사되어 1차 mRNA가 생성되며, 이 1차 mRNA로부터 ㉠ 연속된 7개의 뉴클레오타이드가 제거되어 새로운 종결 코돈을 갖는 성숙한 mRNA가 만들어진다.



[1711] ㉠(전사 주형 가닥)으로부터 처음 만들어진 RNA에는 ⓐ 연속된 8개의 뉴클레오타이드와 또 다른 위치에 있는 ⓑ 연속된 6개의 뉴클레오타이드가 포함되며, ⓐ와 ⓑ 사이에는 14개의 뉴클레오타이드가 있다. RNA 가공 과정 중 ⓐ와 ⓑ가 제거되어 X를 암호화하는 성숙한 mRNA가 된다.

이 성숙한 mRNA에는 폴리펩타이드 X 합성에 필요한 개시 코돈과 종결 코돈이 포함되며, ⓒ에는 (가)-아르지닌-(나)-아이소류신의 아미노산 서열을 암호화하는 코돈이 포함된다.



결실 돌연변이와 같이 다음을 유의해서 해제하자.

코돈 추론형
Schema 7

인트론 제거

① 종결 코돈 밀림

1차 mRNA의 단백질 암호화부위에서 모두 인트론이 생성되는 경우
정확한 인트론의 위치는 주어진 조건들을 통해 추론해야 하지만
결실되는 총 뉴클레오타이드의 개수는 보통 문제에서 주어진다.

그에 따라 종결 코돈을 암호화하는 염기 서열의 위치가 고정되며
해당 서열부터 역방향 번역이 가능하다.

3′-GTTATACCGTACACGAGATCCGCAGATTCCAGT-5′

[예시 1] ㉠으로부터 전사되어 처음 만들어진 RNA에는 ⓐ 연속된 5개의 뉴클레오타이드와 또 다른 위치에 있는 ⓑ 연속된 4개의 뉴클레오타이드가 포함되며, ⓐ와 ⓑ 사이에는 ⓒ 연속된 6개의 뉴클레오타이드가 있다. RNA 가공 과정 중 ⓐ와 ⓑ가 제거되어 폴리펩타이드 X를 암호화하는 ㉮ 성숙한 mRNA가 된다. ㉮에는 X 합성에 필요한 개시 코돈과 종결 코돈이 포함되며, 폴리펩타이드 X의 아미노산 서열은 다음과 같다.

메싸이오닌-알라닌-세린-아르지닌

번역틀을 구성해보면 다음과 같다.

x_T	3′	TAC	CGT	ACA	CGA	GAT	CCG	CAG	ATT	5′
mRNA	5′	AUG	GCA	UGU	GCU	CUA	GGC	GUC	UAA	3′

아미노산을 암호화하는 염기는 12개이고, 인트론 내 염기는 9개이다.
따라서 종결 코돈의 위치는 다음으로 고정된다.

x_T	3′	TAC	CGT	ACA	CGA	GAT	CCG	CAG	ATT	5′
mRNA	5′	AUG	GCA	UGU	GCU	CUA	GGC	GUC	UAA	3′
		M	A	!				!		

정방향 번역과 역방향 번역을 통해
인트론이 생성되어야 하는 염기 서열 부위 후보를 압축할 수 있다.

① 생명 공학 기술의 활용

제한 효소

자기 자신을 보호하기 위해 박테리아가 가지고 있는 효소로
특정 염기 서열을 인식하여 DNA를 선택적으로 절단한다.

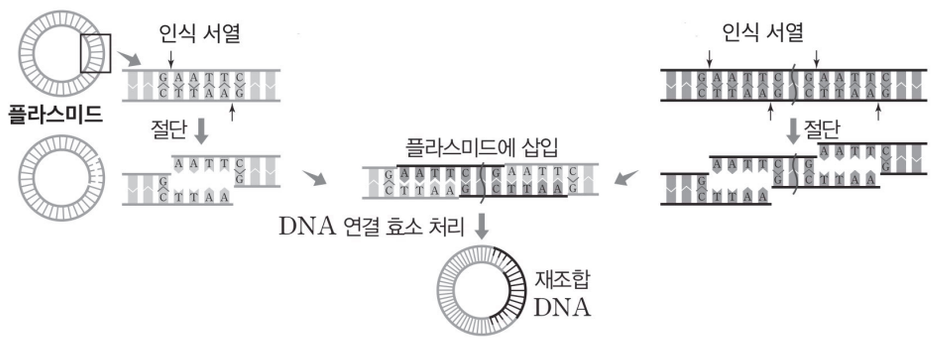
가장 잘 알려져 있는 제한 효소는 EcoR Ⅰ로
이 EcoR Ⅰ가 인식하는 서열은 5'-GAATTC-3'이다.

인식 서열이 상보적으로 결합된 6쌍의 뉴클레오타이드 절편을 절단하므로
인식 서열은 점대칭의 성질을 가진다.

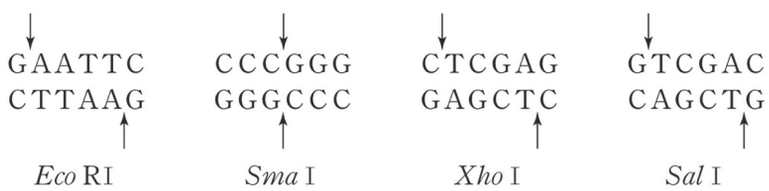
점대칭 활용
1st 3개의 염기
5'-CTGCAG-3'
3'-GACGTC-5'

2nd 상보성 파악
5'-CTGCAG-3'
3'-GACGTC-5'

[EcoR Ⅰ를 이용한 유전자 재조합]



[여러 제한 효소의 인식 서열]



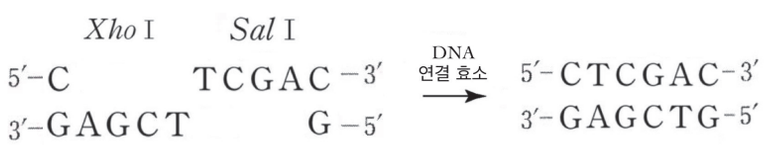
평활성 말단
Sma Ⅰ로 절단된 단편과 같이 절단된 단편이 매끈한 말단

일반적으로 같은 종류의 제한 효소로 자른 부위를 DNA 연결 효소가 연결하지만
Xho Ⅰ과 *Sal* Ⅰ처럼 점착성 말단이 동일하다면 DNA 연결 효소에 의해 연결된다.

점착성 말단
상보적인 염기 서열을 가진 다른 말단과 수소 결합을 할 수 있는 부위

G AATTC
CTTAA G

[점착성 말단이 동일한 제한 효소]



그러나 5'-CTCGAC-3'는 Xho Ⅰ과 Sal Ⅰ의 인식 서열로 작용하지 못하기에
연결된 6쌍의 뉴클레오타이드로 구성된 DNA 절편은 어떤 제한 효소로도 절단되지 않는다.
(∵ 점대칭)

[예제 40]

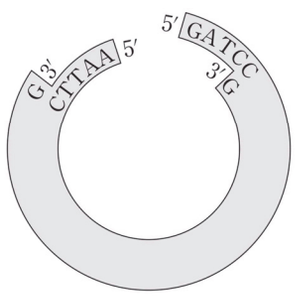
그림은 제한 효소로 자른 2개의 DNA 조각 A, B와 플라스미드 C를 표는 3가지 제한 효소가 인식하는 인식 서열을 나타낸 것이다.

제한 효소	Bgl II	EcoR I	BamH I
인식 서열과 절단 위치	5′−A↓GATCT−3′ 3′−TCTAGA−5′	5′−G↓AATTC−3′ 3′−CTTAA↑G−5′	5′−G↓GATCC−3′ 3′−CCTAG↑G−5′

A

B

C



이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고르시오.
(단, A~C는 각각 1개씩만 사용된다.)

< 보 기 >

ㄱ. C는 EcoR I과 BamH I를 사용하면 얻을 수 있다.
ㄴ. A는 EcoR I과 Bgl II를 사용하면 얻을 수 있다.
ㄷ. DNA 연결 효소로 처리하면 A, B, C가 모두 연결된 재조합 플라스미드를 만들 수 있다.

[예제 40 해설] 답. ㄱ

[자료 해제]

A는 EcoR Ⅰ과 BamH Ⅰ에 의해
B는 EcoR Ⅰ과 Bgl Ⅱ에 의해
C는 EcoR Ⅰ과 BamH Ⅰ에 의해 절단된 DNA 절편임을 염기 서열을 통해 알 수 있다.

[선지 해제]

< 보 기 >

ㄱ. C는 EcoR I과 BamH I를 사용하면 얻을 수 있다. (O)
절편 내 인식 서열로 보아 맞다.

ㄴ. A는 EcoR I과 Bgl II를 사용하면 얻을 수 있다. (X)
절편 내 인식 서열로 보아 EcoR Ⅰ과 BamH Ⅰ이다.

ㄷ. DNA 연결 효소로 처리하면 A, B, C가 모두 연결된 재조합 플라스미드를 만들 수 있다. (X)
A와 B는 점착성 말단이 동일한 부분이 존재하여 연결될 수 있다.
A+B 절편과 C 절편 또한 연결될 수 있지만 재조합 플라스미드가 만들어지지 않는다.

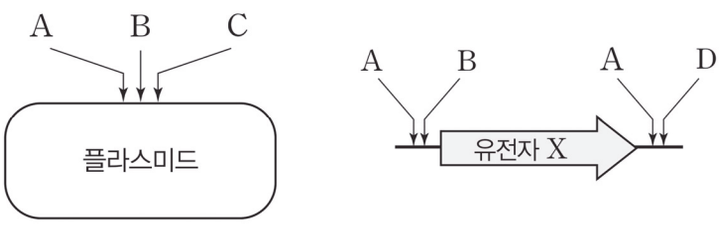
[예제 41 - 15 PEET & EBS 변형]

다음은 제한 효소 A~D에 대한 자료와 이 제한 효소를 이용한 유전자 재조합 실험에 대한 설명이다.

○ 표는 제한 효소 A~D의 인식 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.

제한 효소	A	B	C	D
인식 서열과 절단 위치	↓ CCCGGG GGGCCC ↑	↓ GAATTC CTTAAG ↑	↓ GTCGAC CAGCTG ↑	↓ CTCGAG GAGCTC ↑

○ 유전자 X를 포함하는 DNA 조각과 플라스미드에 존재하는 제한 효소 절단 위치는 아래 그림과 같다.



○ 표는 유전자 X의 재조합 실험 I~V에서 사용된 제한 효소를 나타낸 것이다.

구분	I	II	III	IV	V
플라스미드 절단에 사용된 제한 효소	A	B	A+B	C	A+C
유전자 X 절단에 사용된 제한 효소	A	B	A+B	D	A+D

○ I~V에서 생성된 재조합 플라스미드 또는 선형 DNA 절편에 유전자 X가 포함된 경우 모두 1개의 X가 포함되어 있으며, X가 포함되어 있는 삽입 부위의 길이는 재조합 이전 플라스미드의 길이보다 짧다.

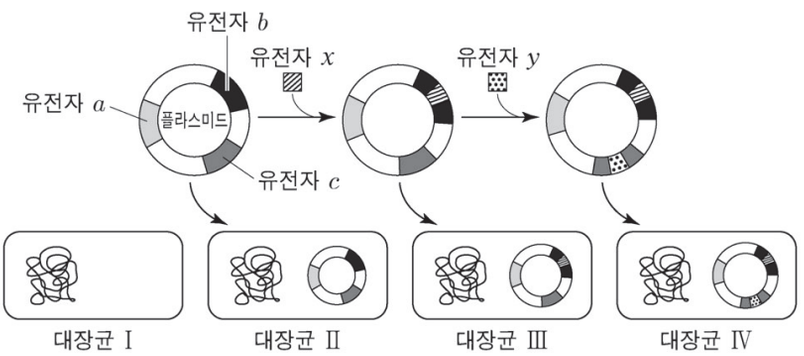
이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고르시오.
(단, 유전자 X의 화살표 방향은 유전자의 방향을 나타낸 것이며, 서로 다른 제한 효소로 절단된 DNA도 점착성 말단이 동일하면 DNA 연결 효소에 의해 연결된다.)

< 보 기 >

ㄱ. 실험 I에서 얻은 재조합 플라스미드를 B로 절단하여 얻은 모든 짧은 DNA 조각에는 유전자 X가 존재한다.
ㄴ. 실험 II, IV에서는 재조합 플라스미드가 생성되지 않는다.
ㄷ. 실험 III에서 생성된 재조합 플라스미드들에서 유전자 X의 삽입 방향은 동일하다.
ㄹ. 실험 III에서 생성된 재조합 플라스미드에는 모두 유전자 X가 존재한다.
ㅁ. 실험 V에서 얻은 재조합 플라스미드를 A와 D로 절단하면 세 조각의 DNA가 생성된다.

[예제 45 - 21학년도 9월 평가원]

그림은 유전자 재조합 기술을 이용하여 대장균 Ⅰ으로부터 유전자 x의 단백질과 유전자 y의 단백질을 모두 생산하는 대장균 Ⅳ를 얻는 과정을, 표는 대장균 Ⅰ~Ⅳ를 섞어 서로 다른 배지에서 배양한 결과를 나타낸 것이다. 젖당 분해 효소 유전자의 산물은 물질 Z를 분해하여 대장균 군체 색을 흰색에서 푸른색으로 변화시킨다. 앰피실린과 카나마이신은 항생제이고, 유전자 a~c는 각각 앰피실린 저항성 유전자, 카나마이신 저항성 유전자, 젖당 분해 효소 유전자 중 하나이며, ㉠~㉣은 Ⅰ~Ⅳ를 순서 없이 나타낸 것이다.



구분		㉠	㉡	㉢	㉣
Z와 앰피실린이 첨가된 배지	군체 형성 여부	형성함	㉮	형성함	형성 못함
	군체색	푸른색	?	흰색	?
Z와 카나마이신이 첨가된 배지	군체 형성 여부	형성함	형성함	형성함	?
	군체색	푸른색	흰색	흰색	?

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

< 보 기 >

ㄱ. ㉮는 '형성 못함'이다.
ㄴ. b는 카나마이신 저항성 유전자이다.
ㄷ. ㉢은 x를 가진다.

[예제 45 해설] 답. ㄱ, ㄷ

[연역]

구분		㉠	㉡	㉢	㉣
Z와 앰피실린이 첨가된 배지	군체 형성 여부	형성함	㉮	형성함	형성 못함
	군체색	푸른색	?	흰색	?
Z와 카나마이신이 첨가된 배지	군체 형성 여부	형성함	형성함	형성함	?
	군체색	푸른색	흰색	흰색	?

㉠~㉢이 '모두' 항생제가 첨가된 배지에서 형성되므로
㉣이 대장균 Ⅰ임을 알 수 있다.

구분		㉠	㉡	㉢	Ⅰ
Z와 앰피실린이 첨가된 배지	군체 형성 여부	형성함	㉮	형성함	형성 못함
	군체색	푸른색	?	흰색	?
Z와 카나마이신이 첨가된 배지	군체 형성 여부	형성함	형성함	형성함	?
	군체색	푸른색	흰색	흰색	?

카나마이신이 첨가된 배지에서 "흰색" 군체가 2개이므로
유전자 b가 lac Z이다.

(∵ 재조합된 플라스미드가 도입된 대장균에서 흰 색 군체가 생성된다면 특정 유전자가 젖당 분해 효소 유전자에 삽입된 상황)

구분		㉠	㉡	㉢	Ⅰ
Z와 앰피실린이 첨가된 배지	군체 형성 여부	형성함	㉮	형성함	형성 못함
	군체색	푸른색	?	흰색	?
Z와 카나마이신이 첨가된 배지	군체 형성 여부	형성함	형성함	형성함	?
	군체색	푸른색	흰색	흰색	?

흰색이 푸른색으로 변하는 ㉠은 lac Z가 파괴되지 않은 대장균 Ⅱ이다.

구분		Ⅱ	㉡	㉢	Ⅰ
Z와 앰피실린이 첨가된 배지	군체 형성 여부	형성함	㉮	형성함	형성 못함
	군체색	푸른색	?	흰색	?
Z와 카나마이신이 첨가된 배지	군체 형성 여부	형성함	형성함	형성함	?
	군체색	푸른색	흰색	흰색	?

lac Z가 파괴되고 다른 두 저항성 유전자를 모두 가지고 있는 ㉢은 대장균 Ⅲ이고
그에 따라 ㉡은 대장균 Ⅳ임을 알 수 있다.

구분		Ⅱ	Ⅳ	Ⅲ	Ⅰ
Z와 앰피실린이 첨가된 배지	군체 형성 여부	형성함	㉮	형성함	형성 못함
	군체색	푸른색	?	흰색	?
Z와 카나마이신이 첨가된 배지	군체 형성 여부	형성함	형성함	형성함	?
	군체색	푸른색	흰색	흰색	?

대장균 Ⅳ는 어떤 한 항생제 유전자가 파괴되었으므로
㉮는 형성 안함, 대장균 Ⅳ에서 lac Z 외에 파괴된 유전자 c는 앰피실린 저항성 유전자,
파괴되지 않은 유전자 a는 카나마이신 저항성 유전자이다.

2회

Mini 모의고사

2-1

다음은 생명 과학의 역사에서 과학자 (가)~(라)의 업적을 나타낸 것이다. (가)~(라)는 각각 멀리스, 니런버그, 왓슨과 크릭, 모건 중 하나이다.

과학자	업적
(가)	여러 과학자의 연구 자료를 분석하여 ⓐ DNA의 입체 구조를 규명했다.
(나)	인공 합성된 RNA를 이용하여 유전 부호를 해독하였다.
(다)	㉠
(라)	유전자가 염색체의 일정 위치에 존재함을 밝혔다.

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고르시오.

< 보 기 >

ㄱ. ⓐ로 인해 DNA의 구성 성분이 무엇인지 밝혀졌다.
ㄴ. '유전자 재조합 기술 개발'은 ㉠에 해당한다.
ㄷ. (나)는 니런버그이다.

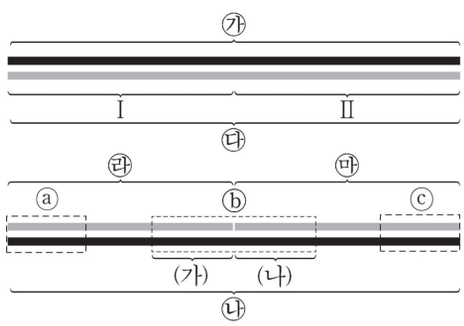
2-2

다음은 어떤 세포에서 복제 중인 2중 가닥 DNA의 일부에 대한 자료이다.

- ㉮와 ㉯는 복제 주형 가닥이고, 서로 상보적이며, ㉰, ㉱, ㉲는 새로 합성된 가닥이다.
- ㉮, ㉯, ㉰는 각각 48개의 염기로 구성되고, I, II, ㉱, ㉲는 각각 24개의 염기로 구성된다.
- ⓐ와 ⓒ는 각각 8개의 염기쌍으로, ⓑ는 16개의 염기쌍으로 구성되고, (가)와 (나)는 각각 8개의 염기로 구성된다.
- 프라이머 X는 ㉰~㉲ 중 어느 하나에, 프라이머 Y는 나머지 두 가닥 중 하나에, 프라이머 Z는 그 나머지 하나에 존재한다. Z와 주형 가닥 사이의 염기 간 수소 결합 총개수는 14개이다.
- 표는 X~Z의 염기 서열을 나타낸 것이다. ㉠, ㉡, ㉢, ㉣은 A, U, G, C를 순서 없이 나타낸 것이며 ㉠은 퓨린 계열 염기에 속한다.

구분	염기 서열
X	5′-㉠㉠㉡㉡㉠㉠-3′
Y	5′-㉡㉡㉢㉢㉡㉡-3′
Z	5′-㉢㉢㉣㉣㉢㉢-3′

- ⓐ에서 $\frac{A+T}{G+C}=3$이고, ⓑ에서 $\frac{A+T}{G+C}=\frac{3}{4}$ 이며, ⓒ에서 $\frac{A+T}{G+C}=\frac{1}{6}$이다.
- ㉮에서 $\frac{\text{피리미딘 계열 염기의 수}}{\text{퓨린 계열 염기의 수}}=\frac{5}{3}$이다.
- ㉯에서 $\frac{A}{C}=\frac{5}{4}$이고, ㉲에서 $\frac{T}{A}=1$, $\frac{C}{G}=\frac{5}{13}$이다.



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

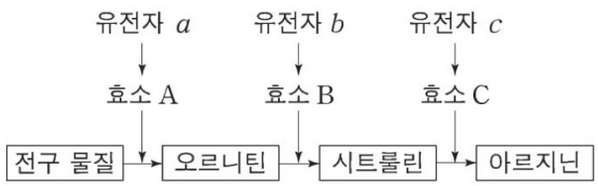
< 보 기 >

ㄱ. ㉱가 ㉲보다 먼저 합성되었다.
ㄴ. ㉡은 사이토신(C)이다.
ㄷ. ㉱에서 $\frac{A+T}{G+C}=\frac{3}{2}$이다.

2-3

다음은 붉은빵곰팡이의 유전자 발현에 대한 자료이다.

○ 붉은빵곰팡이에서 아르지닌이 합성되는 과정은 다음과 같다.



○ 돌연변이주 I~III은 각각 유전자 a~c 중 서로 다른 하나에만 돌연변이가 일어난 것이다.

○ 야생형과 I~III을 각각 최소 배지, 최소 배지에 물질 ㉠이 첨가된 배지, 최소 배지에 물질 ㉡이 첨가된 배지에서 배양하였을 때, ㉠과 ㉡을 기질로 사용하는지의 여부는 표와 같다. ㉠과 ㉡은 각각 오르니틴과 시트룰린 중 하나이다.

구분	최소 배지(MM)		최소 배지 + ㉠		최소 배지 + ㉡	
	㉠ 사용	㉡ 사용	㉠ 사용	㉡ 사용	㉠ 사용	㉡ 사용
야생형	○	○	○	○	○	○
I	×	ⓐ	×	○	×	○
II	×	×	○	×	ⓑ	×
III	×	×	○	×	○	○

(○: 사용함 ×: 사용 못 함)

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 [보기]에서 모두 고르시오.
(단, 제시된 돌연변이 이외의 돌연변이는 고려하지 않는다.)

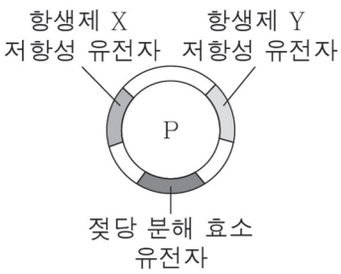
< 보 기 >

ㄱ. ㉠은 시트룰린이다.
ㄴ. II는 *b*에 돌연변이가 일어난 것이다.
ㄷ. ⓐ와 ⓑ는 모두 '○'이다.

2-4

다음은 플라스미드 P를 이용한 유전자 재조합 실험이다.

○ 그림은 플라스미드 P를 나타낸 것이다. 젖당 분해 효소는 물질 Z를 분해하여 대장균 군체를 흰색에서 푸른색으로 변화시킨다.

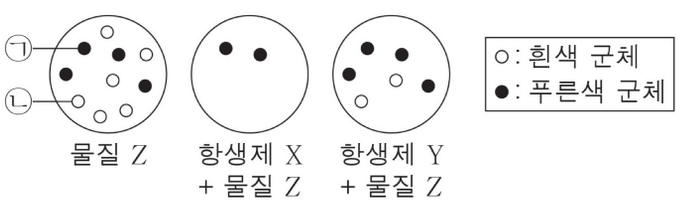


[실험 과정 및 결과]

(가) P에 유전자 ⓐ가 삽입된 재조합 플라스미드 P_1을, P_1에 유전자 ⓑ가 삽입된 재조합 플라스미드 P_2를 만든다. ⓐ와 ⓑ는 각각 젖당 분해 효소 유전자, 항생제 X 저항성 유전자, 항생제 Y 저항성 유전자 중 서로 다른 하나에만 삽입된다.

(나) 대장균 I에 P를 도입해 대장균 II를, I에 P_1을 도입해 대장균 III을, I에 P_2를 도입해 대장균 IV를 만든다.

(다) I~IV를 섞어 서로 다른 물질이 첨가된 배지에서 배양한 결과는 다음과 같다. 동일한 대장균은 각 배지에서 동일한 위치에 있다.



이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고르시오.
(단, 돌연변이는 고려하지 않으며 대장균 I에는 항생제 X 저항성 유전자와 항생제 Y 저항성 유전자가 존재하지 않는다.)

< 보 기 >

ㄱ. ⓐ는 항생제 X 저항성 유전자에 삽입된다.
ㄴ. ㉠의 대장균은 P_1을 갖는다.
ㄷ. ㉡은 IV의 군체이다.