

Present 1 연쇄

전사 인자 추론 문항을 풀어가는 데 있어
주어진 유전자 중 다른 유전자의 전사에 관여하는 전사 인자를 암호화하는 것이 있는지
점검하고 들어가는 게 좋다.

전사 인자 추론 유형의 기본은 논리적이고 유연한 추론을 위한 자료 정리이나
연쇄성이 문제에 존재하는 경우, 해제의 핵심이 되며
발견하지 못할 경우 난항에 빠질 수 있다.

유사 기출을 통해 연쇄성이 어떻게 작용하는지 확인해보자.

Present 2 자료 정리

전사 인자 추론 유형의 조건에서는

- ① 단정적인 보조사
- ② 유전자 간 연쇄성
- ③ 억제 인자
- ④ 제한 조건 (모두 or 또는 or 하나)

등 원핵생물의 유전자 발현 조절(젖당 오페론) 부분에 비해 상대적으로
문항을 복잡하게 만드는 구성 요소가 많다.

그에 따라 논리적으로 사고할 수 있을만한 적절한 자료 정리가 요구되며
2권의 방식을 따라도 무방하고
자신만의 전사 인자 추론 유형에서의 구성 요소 간 대응 방식을 확립해두는게 좋다.

Present 3 전체집합 그리고 여집합

자료를 정리하다 보면 제한된 전체집합 내에서 생각을 해야 할 때가 존재하며
 A^c 를 통해 A를 질문하는 경우가 전사 인자 추론의 논리 체계에서 많이 사용된다.

EX $a \sim c$ 중 (가)는 a 와 c 가 발현되고 = 제한된 전체집합(U)
돌연변이에 의해 a 가 억제된다 = A^c

위와 같은 상황이 주어진다면
(가)가 c 가 발현되는 것을 기입해두고 해제하는 게 자연스럽다.

A 가 주어지면 A^c 를, A^c 가 주어지면 A 를 기입해두는 게 본 유형의 해제에 있어서
정확성과 속도에 도움을 줄 것이다.

(이러한 자료 정리를 추천하는 유형과 다르게 머리로 해제했을 때 더 좋은 부분도 분명
히 존재한다. 이에 대해서는 필요한 유형에서 따로 언급하겠다.)

Present 3 매개상수

필자가 자료 해제에 있어서 핵심적으로 사용하는 상수는 [4가지](#)가 있다.

① 상수 (= 정량값)

일반적으로 문제 풀이 과정에서 등장하는 상수로, 변수와 달리 [값이 고정되어](#) 있다.

② 비례상수 (= 상댓값)

“비례하는 상황”을 표현하는 상수로

1권부터 쭉 Present를 읽어왔다며 해당 비례상수는 [염기 조성 추론과 개체군의 유전](#) 문항을 Shortcut 하는 핵심으로 사용되어, [1~4권 Mind에 계속 수록하였으니](#) 충분히 체화되었으리라 생각된다.

③ 곱상수

이는 비례상수와 상수(정량값) 간의 관계를 매개하는 상수이다.

예를 들어 개체군의 유전에서 다음을 알고 있다고 하자.

유전자형	AA	AA'	A'A'
비율 (상댓값)	4	5	2

- 유전자형이 A'A'인 개체수는 1000마리이다

위와 같은 경우, 개체수에 대한 표가 다음으로 재설정된다.

유전자형	AA	AA'	A'A'
비율 (상댓값)	4	5	2
정량값 (개체수)	2000	2500	1000

그러나 모든 해석된 수치가 자료 해제에 쓰이는 게 아니기에
이렇게 정량값을 모두 기입하는 것은 비효율적이다.

다음과 같이 곱상수를 활용해보자.

유전자형	AA	AA'	A'A'	곱상수
비율 (상댓값)	4	5	2	×500

“필요한 경우에 필요한 정량값만”

수리적 Mind에서 계속 재진술되는 내용이다.

④ 매개상수

이는 ①~③과 성격이 다소 다르게
적절한 자료 해제를 위해 사용한다.

매개상수는 “주로 순서”에 따른 Matching의 역할을 담당한다.

이는 효모, 석송, 예쁜꼬마선충, 해파리 와 같이 “발문 내 순서”가 정해져 있으나 ⑦~⑨로 [미지수처리된](#) 분류 문항(표 해석 문항)이나 [20 수능 코돈 문항](#)과 같이 ⑧-(가)-(나)-(다)로 펙타이드(=구성 요소) 간 순서가 고정되어 있고, (가)~(다)가 ⑦~⑨로 미지수 처리된 문항에서 둘의 관계를 매개하는 상수로 사용된다.

자세한 실전 적용은 Present 교재와 뒤의 [20 수능 문항 해제](#)를 참고하자.

14

다음은 이중 가닥 DNA x 를 이용한 유전자 재조합 기술에 대한 자료이다.

Present 모의고사
2회 17번

- x 는 58개의 염기쌍으로 구성되고, 염기 서열은 다음과 같다.

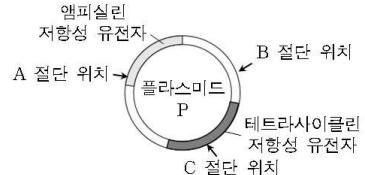
CGGATCCTGCAGATAGATCTGGACGTCCCTAGGAGATCTCACTGCAGTTGGATCCTAGA
GCCTAGGACGTCTATCTAGACCTGCAGGATCCTCTAGAGTGACGTCAACCTAGGATCT

- 그림은 제한 효소 BamH I, Bgl II, Pst I의 인식 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.

5'- GGATCC -3'	5'- AGATCT -3'	5'- CTGCAG -3'
3'- CCTAGG -5'	3'- TCTAGA -5'	3'- GACGTC -5'
BamH I	Bgl II	Pst I

: 절단 위치

- 그림은 길이가 250 염기쌍인 플라스미드 P를 나타낸 것이다. A~C는 BamH I, Bgl II, Pst I을 순서 없이 나타낸 것이다.



- ⑦ x 를 A로 절단하여 생성된 조각을 P에 삽입하여 재조합 플라스미드 P_1 을 만들고,

㉡ x 를 B로 절단하여 생성된 조각을 P에 삽입하여 재조합 플라스미드 P_2 를 만든다. ㉢ x 를 B와 C로 절단하여 생성된 조각 중 한 종류를 P에 삽입하여 재조합 플라스미드 P_3 을 만든다. ㉣을 P에 삽입할 때 사용한 제한 효소는 A~C 중 하나이다.

- 표는 $P_1 \sim P_3$ 의 염기쌍 수와 $P_1 \sim P_3$ 을 각각 숙주 대장균에 도입하여 만든 대장균 I ~ III을 혼합하여 서로 다른 배지에서 배양했을 때 생존 여부를 나타낸 것이다.

대장균	I	II	III
플라스미드	P_1	P_2	P_3
플라스미드의 염기쌍 수	284	297	328
테트라사이클린 첨가 배지	?	?	생존함
앰피실린 첨가 배지	생존 못함	생존함	(a)

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고르시오.

(단, 돌연변이는 고려하지 않으며 그림에서 표시한 A~C 절단 위치 이외에 A~C 각각의 인식 서열은 없다.)

< 보기 >

- ㉠과 ㉡은 DNA 연결 효소로 연결된다.
- ⓐ는 ‘생존함’이다.
- P_3 에는 B의 인식 서열이 두 군데 있다.

Present 1 특정 확률 구하기

ㄱ, ㄴ, ㄷ 문제로 출제될 경우 ㄷ 선지로

①~⑤로 출제될 경우 단독적인 문제로 출제되는 Present이며

“생식 세포의 개념”

“임의의 유전자풀”

“우성 개체 중 열성 대립 유전자”

등에 대한 기본적인 이해를 바탕으로

특정 확률값을 구할 수 있는지를 질문한다

여기에서 주목할 점은 “분수”이다.

확률은 분자/분모 꼴의 분수 꼴로 나타나며

특정한 확률은 모두 조건부확률이다.

이를 다른 말로 하면

전체집합을 새로 설정할 수 있으며

그에 따라 분수값들의 수식이 아닌, 정수비에 대한 수식으로 나타낼 수 있다는 것이다.

EX A : a = 3 : 2 (상염색체)

(추가적으로 여러 조건 제한이 있어야겠지만... 위 정도만 서술하고 일단 넘어가겠다)

① 열성 대립 유전자를 줄 확률

$$\frac{2}{3+2}$$

(∴ 그냥 실전에서는 당연히 $\frac{2}{5}$ 으로 인지하고 넘어가면 그만이고, 위의 정수비에 대한 수식

을 설명하기 위해 $\frac{2}{3+2}$ 와 같이 서술하였다)

② 우성 개체가 열성 대립 유전자를 줄 확률

$$\frac{2}{3+4}$$

③ 유전자형이 Aa인 개체가 열성 대립 유전자를 줄 확률

$$\frac{1}{1+1}$$

이와 같이 분수의 분자와 분모에 분수를 넣는 번분수의 꼴을 보지 않고도
정수비의 형태로 빠르게 암산할 수 있다는 것이다.

번분수를 사용하지 않는 이유는 암산의 용이함이다.

아무래도 분수 내 분자나 분모에 분수가 있으면 정수비들에 비해 암산하기에 딜레이가 걸린다.

17-2

다음은 동물 종 P의 서로 다른 두 집단 (가)와 (나)에서 꼬리털 색 유전에 대한 자료이다.

[유사 기출]

20학년도 수능

- P의 꼬리털 색은 상염색체에 있는 갈색 꼬리털 대립 유전자와 흰색 꼬리털 대립 유전자에 의해 결정되며, 대립 유전자 사이의 우열 관계는 분명하다.
- (가)와 (나)는 각각 하디-바인베르크 평형을 이루는 집단이고, 개체수는 서로 다르다.
- (가)에서 $\frac{\text{갈색 꼬리털 대립 유전자 수}}{\text{갈색 꼬리털을 갖는 개체수}} = \frac{8}{7}$ 이다.
- (가)에서 흰색 꼬리털을 갖는 개체수는 (나)에서 갈색 꼬리털을 갖는 개체수의 3배이다.
- (가)와 (나)의 개체들을 모두 합쳐서 갈색 꼬리털을 갖는 개체의 비율을 구하면 $\frac{1}{2}$ 이다.

(나)에서 임의의 갈색 꼬리털을 갖는 암컷이 임의의 갈색 꼬리털을 갖는 수컷과 교배하여 자손(F_1)을 낳을 때, 이 자손이 흰색 꼬리털을 가질 확률은?

(단, (가)와 (나)에서 각각 암컷과 수컷의 개체수는 같다.)

집단
유전

[자료 해제]

- P의 꼬리털 색은 상염색체에 있는 갈색 꼬리털 대립 유전자와 흰색 꼬리털 대립 유전자에 의해 결정되며, 대립 유전자 사이의 우열 관계는 분명하다.
- (가)와 (나)는 각각 하디-바인베르크 평형을 이루는 집단이고, 개체수는 서로 다르다. $2a+b$
- (가)에서 $\frac{\text{갈색 꼬리털 대립 유전자 수}}{\text{갈색 꼬리털을 갖는 개체수}} = \frac{8}{7}$ 이다.
- (가)에서 흰색 꼬리털을 갖는 개체수는 (나)에서 갈색 꼬리털을 갖는 개체수의 3 배이다. $\frac{6}{1} \therefore 1:3$
- (가)와 (나)의 개체들을 모두 합쳐서 갈색 꼬리털을 갖는 개체의 비율을 구하면 $\frac{1}{2}$ 이다.

$\begin{array}{cccc} 1 & 1 & 6 & 9 \\ || & & | & | \\ 3 & & 1 & 1 \end{array} \quad 1:3$

(나)에서 임의의 갈색 꼬리털을 갖는 암컷이 임의의 갈색 꼬리털을 갖는 수컷과 교배하여 자손(F_1)을 낳을 때, 이 자손이 흰색 꼬리털을 가질 확률은? (단, (가)와 (나)에서 각각 암컷과 수컷의 개체수는 같다.) [3점]

- ① $\frac{4}{25}$ ② $\frac{1}{9}$ ③ $\frac{4}{49}$ ④ $\frac{1}{16}$ ⑤ $\frac{1}{25}$

갈색 꼬리털이 열성이라면

[조건 3]의 분수값은 2를 초과한다.

(∴ 열성 우선 Mind)

따라서 갈색 꼬리털은 D이고

AA와 Aa의 개체수에 해당하는 비례상수비를 이용해 분수에 대입하면

$a:b = 1:6$ 임을 알 수 있다.

멘델 집단에서 순종과 잡종의 비율을 알면 $2 \times (\text{순종}) : (\text{잡종}) = \text{빈도비이므로}$
 $p:q = 1:3$ 이다.

(가)와 (나)에 매개상수 I과 II를 설정한 후 집단 간 관계를 관찰하면
 자료 해제와 같다.

주어진 조건에 의해 II에서 $\frac{1}{1+3} = q^2$ 이므로

대립 유전자 빈도비는 1 : 1이며

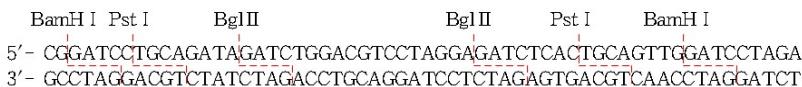
구하는 게 $D_- \times D_- = RR$ 이므로

$$\left(\frac{1}{1+2}\right)^2 = \frac{1}{9}$$
 이다.

2회 17번

①- CGGATCCTGCAGATAGATCTGGACGTCTAGGAGATCTCACTGCAGTTGGATCCTAGA
 ②- GCCTAGGACGTCTATCTAGACCTGCAGGATCCTCTAGAGTGACGTCAACCTAGGAATCT

①이 3' 말단이면, BamH I의 인식 서열이 한 군데이므로 플라스미드에 유전자를 삽입할 수 없다. ①이 5' 말단이면, BamH I, BglII, Pst I의 인식 서열이 각각 두 군데씩 있다. 따라서 ①은 5' 말단이고, 각 제한 효소의 인식 서열을 그림으로 나타내면 다음과 같다.



x 에 BamH I을 처리하면 47개의 염기쌍을 가진 DNA 조각이, Pst I을 처리하면 34개의 염기쌍을 가진 DNA의 조각이, BglII를 처리하면 18개의 염기쌍을 가진 DNA 조각이 생성된다. P에서 P₁을 만들 때 삽입된 DNA 조각의 염기쌍은 34개이므로 A는 Pst I이다.

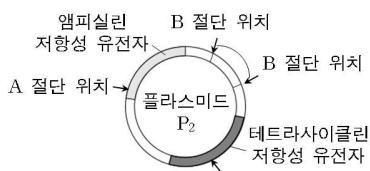
P에서 P₂를 만들 때 삽입된 DNA 조각의 염기쌍은 47개이므로 B는 BamH I이고, C는 BglII이다. 이때 BamH I으로 절단한 조각과 BglII로 절단한 조각은 DNA 단일 가닥 말단(점착성 말단)의 염기 서열이 같으므로 서로 연결할 수 있지만, Pst I으로 절단한 DNA 조각은 앞의 두 조각과 점착성 말단의 염기 서열이 다르므로 서로 연결할 수 없다.

따라서 ⑦과 ⑧은 DNA 연결 효소로 연결할 수 없다. 대장균 III은 테트라사이클린 첨가 배지에서 생장하므로 P₃을 만들 때 사용된 제한 효소는 C가 아니다. 이때 사용된 제한 효소가 A일 경우 DNA 연결 효소를 이용하여 점착성 말단을 연결할 수 없다. 따라서 P₃을 만들 때 사용된 제한 효소는 B이고, III은 앰피실린 첨가 배지에서 생장할 수 있다. 따라서 ⑨은 '생존함'이다. P₃에는 BamH I (B)의 인식 서열이 두 군데 있다.

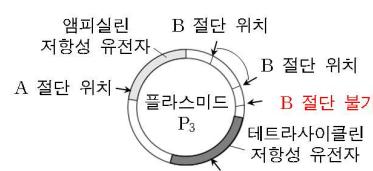
[추가 해설(ㄷ. 선지)]

P₃는 ⑩ x 를 BamH I와 BglII로 절단하여 생성된 조각 중 한 종류를 P₂에 삽입하여 만든 것이다. 이때 P₂에는 BamH I(B)의 인식 서열이 두 군데 있다. ⑩의 한 쪽은 BamH I가 절단한 것이며, 다른 한 쪽은 BglII가 절단한 것이다.

양쪽의 점착성 말단의 염기 서열은 같지만, 점착성 말단 바로 옆 염기의 염기가 다르다. 따라서 P₃에는 BamH I (B)의 인식 서열은 세 군데가 아닌, 두 군데이다.



플라스미드 P₂



플라스미드 P₃ (예시)

이때 그림에서 B 절단 불가 위치는 5'-GGATCT-3' 등을 예시로 들 수 있다.

답 ⑤

2회 17번 Comment

① 점대칭

Present 3권에서 서술한 내용이나 아직 출간되지 않아 미리 언질하면 제한 효소 인식 서열에는 대칭성이 존재한다.

제한 효소는 4~8쌍의 인식 서열을 가지나 생명2에서는 보통 6쌍의 인식 서열만 제시해 왔으므로 6쌍 기준으로 서술하면 단일 가닥 중 3개의 염기를 도약 전도 후 대칭성(점대칭)을 파악하면 좀 더 빠르게 인식 서열을 찾아낼 수 있다.

② 염기 Counting

전체 염기쌍 개수를 기준으로 절반 이하이면 직접 개수를 세는 게 유리하며 단위를 5개 단위로 끊어 세는 게 염기를 세는데 유리하다.

절반 이상이면 양 옆의 염기를 제하여 염기 개수를 구하는게 빠르고 정확하며 해당 방법에 대해 Present 1권 생명 공학 부분에서 상술한 바 있다.

③ 인식 서열

인식하는 염기쌍 내 염기가 모두 일치해야 제한 효소가 절단할 수 있다.

이는 다른 제한 효소로 절단한 점착성 말단이 동일한 두 DNA가 재조합될 수는 있지만 다시 자르는 데 사용한 제한 효소를 통해 절단할 수는 없다는 것을 의미한다.