

Trend [21학년도 수능]

개정 전 교육과정과 크게 다르지 않게

염기 서열 위치 추론(전 PCR 유형), 유전자 돌연변이 문항에서 비중 있게 출제되었으며

염기 조성 추론 문항은 상대적으로 쉽게 출제되었다.

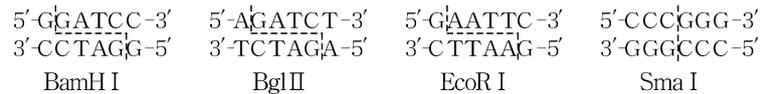
[21학년도 수능 11번]

다음은 이중 가닥 DNA x 를 이용한 실험이다

- x 는 31개의 염기쌍으로 구성되고, x 중 한 가닥의 염기 서열은 다음과 같다.
㉠~㉣은 A, C, G, T를 순서 없이 나타낸 것이다.

5'-㉠㉡㉢㉣㉤㉥㉦㉧㉨㉩㉪㉫㉬㉭㉮㉯㊀㊁㊂㊃㊄㊅㊆㊇㊈㊉㊊㊋㊌㊍㊎㊏㊐㊑㊒㊓㊔㊕㊖㊗㊘㊙-3'

- 그림은 제한 효소 BamHI, BglII, EcoRI, SmaI이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.



⋮: 절단 위치

[실험 과정 및 결과]

- (가) 제한 효소 반응에 필요한 물질과 x 가 들어 있는 시험관 I ~ V를 준비한다.
- (나) (가)의 I ~ V에 표와 같이 제한 효소를 첨가하여 반응시킨다. V에 첨가된 제한 효소는 BamHI, BglII, EcoRI, SmaI 중 2가지이다.
- (다) (나)의 결과 생성된 DNA 조각 수와 각 DNA 조각의 염기 수를 확인한 결과는 표와 같다.

시험관	I	II	III	IV	V
첨가한 제한효소	BamHI	BglII	EcoRI	SmaI	?
생성된 DNA 조각 수	2	2	2	3	3
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	?	?	?	20, 20, 22	8, 24, 30

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고르시오.

< 보 기 >

- ㄱ. ㉠은 타이민(T)이다.
- ㄴ. 시험관 I에서 염기 수가 30개인 DNA 조각이 생성된다.
- ㄷ. 시험관 V에서 첨가한 제한 효소는 BglII와 EcoRI이다.

[최근 킬러 문항 - 21 수능 18번]

다음은 어떤 진핵생물의 유전자 x 와, x 에서 돌연변이가 일어난 유전자 y , z 의 발현에 대한 자료이다.

- x , y , z 로부터 각각 폴리펩타이드 X, Y, Z가 합성된다.
- ㉔의 DNA 이중 가닥 중 전사 주형 가닥으로부터 합성된 X의 아미노산 서열은 다음과 같다.

메싸이오닌-글루탐산-트레오닌-티로신-아르지닌-알라닌-아이소류신-아스파르트산

- y 는 ㉔에서 ㉑ 퓨린 계열에 속하는 연속된 2개의 동일한 염기가 1회 결실되고, ㉒ 1개의 염기가 사이토신(C)으로 치환되며, ㉓ 1개의 염기가 구아닌(G)으로 치환된 것이다. ㉔에서 ㉑~㉓의 위치는 서로 다르다.
- Y는 6개의 아미노산으로 구성되고, 1개의 트립토판, 1개의 프롤린, 2개의 트레오닌을 가진다. Y의 3번째 아미노산은 트레오닌이다.
- z 는 ㉔에서 퓨린 계열에 속하는 1개의 염기가 삽입된 것이다.
- Z는 6종류의 아미노산으로 구성되고, 2개의 아스파르트산을 가진다.
- X, Y, Z의 합성은 개시 코돈 AUG에서 시작하여 종결 코돈에서 끝나며, 표는 유전 부호를 나타낸 것이다.

UUU	페닐알라닌	UCU	세린	UAU	티로신	UGU	시스테인
UUC		UCC		UAC		UGC	
UUA	류신	UCA		UAA	종결 코돈	UGA	종결 코돈
UUG		UCG		UAG	종결 코돈	UGG	트립토판
CUU		CCU		CAU	히스티딘	CGU	
CUC		CCC	프롤린	CAC		CGC	아르지닌
CUA	류신	CCA		CAA	글루타민	CGA	
CUG		CCG		CAG		CGG	
AUU		ACU		AAU	아스파라진	AGU	세린
AUC	아이소류신	ACC	트레오닌	AAC		AGC	
AUA		ACA		AAA	라이신	AGA	아르지닌
AUG	메싸이오닌	ACG		AAG		AGG	
GUU		GCU		GAU	아스파르트산	GGU	
GUC	발린	GCC	알라닌	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. ㉒은 구아닌(G)이다.
- ㄴ. Z의 4번째 아미노산은 류신이다.
- ㄷ. X의 아르지닌을 암호화하는 코돈의 3' 말단 염기는 유라실(U)이다.

[최근 킬러 문항 - 21학년도 수능 18번 해설] [답] ㄱ, ㄴ, ㄷ

아미노산 약어와 근거

명칭	3자	1자	근거
알라닌	Ala	A	더 흔함
아르지닌	Arg	R	발음 (Ar ≙ R)
아스파라진	Asn	N	N 포함
아스파르트산	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

메싸이오닌-글루탐산-트레오닌-타이로신-아르지닌-알라닌-아이소류신-아스파르트산

아미노산 서열이 주어져 있으며
y와 z 모두 x에서 돌연변이가 일어난 상황이다.

1st mRNA 서열 기입
mRNA 서열을 기입하면 다음과 같다.

[해제]

x AUG GAA AC_ UAU ~~G~~ GC_ AU_ GAU U_ ~~C~~

[설명틀]

<i>x_mRNA</i>	5'	AUG	GA大	AC_	UA小	_G_	GC_	AU_	GA小	U_	3'
아미노산		개시								종결	

2nd 돌연변이 해제
X와 Y의 정보를 비교-대조해보자

[폴리펩타이드 X]

메싸이오닌-글루탐산-트레오닌-타이로신-아르지닌-알라닌-아이소류신-아스파르트산

[폴리펩타이드 Y]

6개의 아미노산, 1개의 트립토판, 1개의 프롤린, 2개의 트레오닌, 3번째 아미노산 트레오닌

개시 코돈이 새로 생성될 수 없고
아미노산의 개수가 Y가 더 적으므로 종결 코돈의 위치가 7번째 틀로 당겨지며
3번째 아미노산이 동일하게 트레오닌인 것을 알 수 있다.

(∴ Schema 5 아미노산 (유무, 개수, 종류, 순서))

<i>x_mRNA</i>	5'	AUG	GA大	AC_	UA小	_G_	GC_	AU_	GA小	U_	3'
아미노산		M	D	T	Y	R	A	I	D	종결	

치환 돌연변이는 번역틀 위치에 영향을 미치지 못한다.
x의 번역틀 내 7번째 염기 서열인 AU_이 치환 돌연변이에 의해 종결 코돈이 될 수 없으므로
ⓐ의 1회 결실에 의해 종결 코돈이 생성된다는 것을 알 수 있다.

퓨린 계열 염기
大

피리미딘 계열 염기
小

아이소류신 자료 정리

AUG가 메싸이오닌임을 확실히
인지하고 AU_를 아이소류신으로
알고 있는게 자료 정리에 유리하다.

<i>X_mRNA</i>	5'	AUG	GA _大	AC ₋	UA _小	_G ₋	GC ₋	AU ₋	GA _小	U ₋	3'
아미노산		M	D	T	Y	R	A	I	D	종결	

① 종결 코돈 염기 서열이 밀릴 수 있는가?

2개의 피리미딘 계열 염기가 앞에서 결실되면 종결 코돈 염기 서열이 생성될 수 있다.

<i>Y_mRNA</i>	5'	AUG	GA _大 AC ₋ UA _小 _G ₋ GC ₋ AU ₋					GA _小	U ₋	3'
아미노산		M						종결		

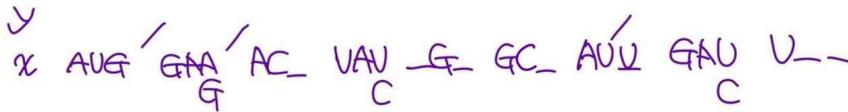
② 종결 코돈 염기 서열이 재조합되는가?

7번째 틀에 종결 코돈 염기 서열이 생성되어야 하므로 보라색 영역에서 피리미딘 계열 2개 염기 결실이 일어나야 한다. 재조합되어 생성될 수 없으므로 ①이다.

<i>X_mRNA</i>	5'	AUG	GA _大	AC ₋	UA _小	_G ₋	GC ₋	AU ₋	GA _小	U ₋	3'
아미노산		M	D	T	Y	R	A	I	D	종결	

개시 코돈과 종결 코돈의 위치가 결정되어 있으므로 정방향 번역, 역방향 번역이 가능하다. Y의 3번째 아미노산은 트레오닌으로 X의 3번째 아미노산과 동일하므로 돌연변이가 일어나지 않는 염기 서열이 결정된다.

[해제]



[설명틀]

<i>Y_mRNA</i>	5'	AUG	GA _大 AC ₋ UA _小 _G ₋ GC ₋ AU ₋					UGA _小	U ₋	3'
아미노산		M	E	T				종결		

이때 Y는 6개의 아미노산으로 구성되고, 일부 아미노산 구성이 제시되어 있으므로 Y의 아미노산 조성이 결정된다.

∴ Y의 아미노산 조성

아미노산	메싸이오닌	글루탐산	트레오닌	트립토판	프롤린	총합
개수	1	1	2	1	1	6개

틀 이동 돌연변이

- ① 특정 서열 유지
- ② 특정 서열 조합

⇒ 유지되면 변형된 번역틀 구성 후 번역적 판단, 유지되지 않으면 새로 염기 서열이 조합됨이 확실하다고 앞서 언급한 바 있다.

동일한 두 개의 염기 결실에 의해 종결 코돈(U_大)을 암호화하는 서열이 직접 생성될 수 없으므로, 밀려서 생성된 종결 코돈을 암호화하는 염기 서열 앞에서 동일한 두 개의 염기 결실이라 단정지을 수 있다.

번역적 근거

3번째 염기 서열 AC 앞에 결실된 연속된 피리미딘 계열 염기가 없다.

⇒ 20학년도 9월 평가원 문항 해설을 복습하자.

[20학년도 6월 평가원 날개]

본 문항 논리와 거의 동일한 아래 내용이 적혀 있다. 복습하고 오자. 결국은 본 문항도 기출 논리 변형...!

번역에 대한 확증

동일한 두 개의 염기 삽입에 의해 타이로신(UA_小)을 암호화하는 서열이 직접 생성될 수 없으므로, 염기 서열 앞에서 동일한 두 개의 염기 결실이라 단정지을 수 있다.

틀 이동 돌연변이 해제

- ① 염기 서열이 밀리는지
- ② 돌연변이에 의해 직접 생성되는지

[결실 가능 후보]

결정되지 않은 염기 서열 내에서 결실될 수 있는 염기 서열은 다음과 같다.

<i>y</i> mRNA	5'	AUG	GA大AC_UA小_G_GC_AU					UGA	小U_	3'
아미노산		M	E	T			종결			

치환 돌연변이가 2회 일어나 결정되지 않은 아미노산 T, W, P가 생성되어야 한다.
즉, 틀 내에 세 아미노산 중 하나의 아미노산을 암호화하는 서열은 존재해야 한다는 것이다.

아미노산의 유무 조건이 제시되었으므로

비교-대조해야 하는 염기 서열을 적은 후, 비교-대조해보자.

(∴ Schema 5 아미노산 (유무, 개수, 종류, 순서))

[Case 1] _U (UU) 결실

<i>y</i> mRNA	5'	AUG	GA大ACA小_G_GC_AU				UGA	小U_	3'
아미노산		M	E	T	P 가능		종결		

AC_, UGG, CC_ 중 CC_가 가능하다.

[Case 2] 小_ (CC) 결실

<i>y</i> mRNA	5'	AUG	GA大AC_UAG_GC_AU				UGA	小U_	3'
아미노산		M	E	T	종결		종결		

AC_, UGG, CC_ 중 가능한 서열이 없다.

따라서 [Case 2]는 불가하다.

[Case 3] C_ (CC) 결실

<i>y</i> mRNA	5'	AUG	GA大AC_UA小_G_GAU				UGA	小U_	3'
아미노산		M	E	T			종결		

AC_, UGG, CC_ 중 가능한 서열이 없다.

따라서 [Case 3]은 불가하다.

∴ [Case 1]이 타당하며 일부 염기 서열과 변형된 번역틀이 결정된다.

[해제 - 염기 서열]



[해제 - 아미노산 기입]

$$\begin{array}{l}
 \text{Y} \\
 \times \text{ 메싸이오닌-글루탐산-트레오닌-타이로신-아르지닌-알라닌-아이소류신-아스파르트산}
 \end{array}$$

[설명틀]

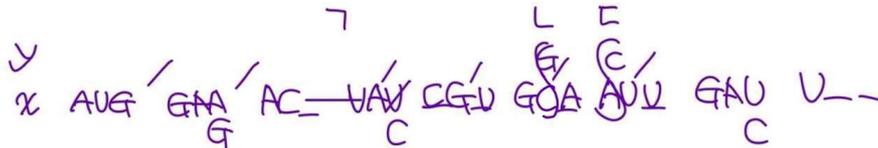
<i>ymRNA</i>	5'	AUG	GA大	ACA	CCG	_GC	_AU	UGA	小U_	3'
아미노산		M	E	T	P			종결		

(∴ 남은 치환 돌연변이는 번역틀의 위치에 영향을 주지 않는다.)

주형 가닥에서 사이토신(C)으로의 치환은 mRNA에서 구아닌(G)으로의 치환이므로
 ㉠의 치환에 의해 트립토판을 암호화하는 염기 서열이 되며

주형 가닥에서 구아닌(G)으로의 치환은 mRNA에서 사이토신(C)으로의 치환이므로
 ㉡의 치환에 의해 트레오닌을 암호화하는 염기 서열이 된다.

[해제 - 염기 서열]



[해제 - 아미노산 기입]

$$\begin{array}{l}
 \text{Y} \\
 \times \text{ 메싸이오닌-글루탐산-트레오닌-타이로신-아르지닌-알라닌-아이소류신-아스파르트산}
 \end{array}$$

[설명틀]

<i>ymRNA</i>	5'	AUG	GA大	ACA	CCG	UGG	ACU	UGA	小U_	3'
아미노산		M	E	T	P	W	T	종결		

(∴ 남은 치환 돌연변이는 번역틀의 위치에 영향을 주지 않는다.)

In-Frame mutation

20학년도 모든 평가원, 21학년도 수능이 모두 같은 양상이니 이제 그냥 알고 풀자.

돌연변이 z 를 보자.

-2와 +1 돌연변이가 모두 일어나면 염기 3개 차이므로

y 의 번역틀 내 염기 서열에 z 의 종결 코돈이 있다면 In-frame mutation이다.

(∴ Common Sense - In-frame mutation)

[설명틀]

x_mRNA	5'	AUG	GA大ACUUACCGUGCAAU						UGA	小U_	3'
아미노산		M						종결			

따라서 염기 삽입은 X의 단백질 암호화 부위에 일어나며

z 의 종결 코돈은 y 에 있는 종결 코돈과 동일하다.

∴ Z의 아미노산 개수는 6+1=7개이다.

이때 Z는 6종류의 아미노산을 가지고, 2개의 아스파르산을 가지므로

다른 아미노산은 모두 다른 종류로 구성된다.

6종류 연역적 근거

아미노산	?	?	?	?	?	D	6종류
개수	1	1	1	1	1	2	7개

⇒ 본 문항 논리와 거의 동일한 IDEA가 20학년도 수능 z 에서 사용된다. 20학년도 수능 문항 해설을 복습하자.

z 는 x 에서 생성된 돌연변이 유전자이므로

X의 아미노산 서열과 Z의 아미노산 서열을 비교-대조하자.

[해제 - X의 아미노산 서열]

Y
X 메싸이오닌-글루탐산-트레오닌-타이로신-아르지닌-알라닌-아이소류신-아스파르산

X의 8번째 아미노산인 아스파르산을 암호화하는 염기 서열은 Z의 종결 코돈의 일부이다.

그에 따라 Z의 아스파르산을 암호화할 수 없으며, 그 앞 아미노산 서열에는 아스파르산이 없다.

따라서 아스파르산을 암호화하는 염기 서열 후보가 변형된 번역틀 내부에 올때까지 역방향

번역이 가능하다. 이는 염기 삽입이 일어나면 앞부분의 아미노산 염기 서열이

X의 아미노산 서열 일부분을 암호화하기 때문이다.

예를 들어보자.

[설명틀]

x_mRNA	5'	AUG	GA大ACUUACCGUGCAAU						UGA	小U_	3'
아미노산		M						종결			

종결 코돈 앞 염기 서열 AU에 G가 삽입되어 GAU를 암호화하는 염기 서열이 된다고 가정하면

그와 동시에 앞의 아미노산 서열은 X의 아미노산 서열 일부분을 암호화한다.

z_mRNA	5'	AUG	GA大AC_UA小_G_GC_AU						UGA	小U_	3'
아미노산		M	E	T	Y	R	A	D	종결		

이는 X의 아미노산 서열 앞부분에 아스파르산이 없으므로 아스파르산이 2개라는 조건에

모순이며, 그에 따라 Z의 변형된 번역틀 내에 아스파르산을 암호화하는 염기 서열이 등장할

때까지 역방향 번역을 해야함을 알 수 있다.

[설명틀]

<i>XmRNA</i>	5'	AUG	GA AC	UUA	CCG	UGC	AAU	UGA	U	U	3'
아미노산		M	!	L	P	C	N	종결			

아스파르산을 암호화할 수 있는 염기 서열 ~~AC~~가 등장했다.
따라서 ~~AC~~는 G이다.

설명의 편의를 위해 설명틀 내에 변형된 번역틀을 기입하였으나
실제로는 *y*의 결실 돌연변이 위치 전까지는 *y*의 변형된 번역틀과 정확하게 동일하므로
그냥 기입하지 않고 눈으로 *y*의 변형된 번역틀 내부 염기 서열을 관찰하면 된다.

In-Frame mutation

20학년도 z 처리와 정확하게 동일하다.

[해제]



[설명틀]

<i>XmRNA</i>	5'	AUG	GA	GAC	UUA	CCG	UGC	AAU	UGA	U	U	3'
아미노산		M	!	D	L	P	C	N	종결			

변형된 2번째 번역틀 내 염기 서열 GA 뒤에 피리미딘 계열 염기가 삽입되어야
또 다른 아스파르산을 암호화할 수 있으며 삽입되는 피리미딘 계열 염기가 무엇인지는
결정되지 않는다.

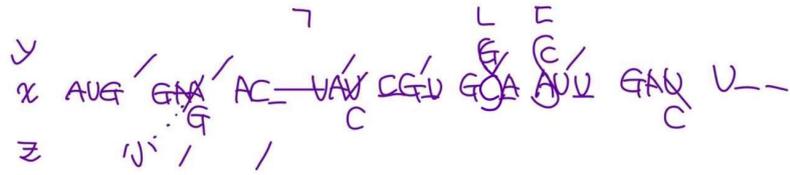
[해제]



[설명틀]

<i>ZmRNA</i>	5'	AUG	GA	GAC	UUA	CCG	UGC	AAU	UGA	U	U	3'
아미노산		M	D	D	L	P	C	N	종결			

[자료 해제]



[설명틀 정리]

<i>XmRNA</i>	5'	AUG	GAG	ACU	UAC	CGU	GCA	AUU	GAU	U__	3'
아미노산		개시	E	T	Y	R	A	I	N	종결	

<i>YmRNA</i>	5'	AUG	GAG	ACA	CCG	UGG	ACU	UGA	U__	3'
아미노산		M	E	T	P	W	T	종결		

<i>ZmRNA</i>	5'	AUG	GAU	GAC	UUA	CCG	UGC	AAU	UGA	U__	3'
아미노산		M	D	D	L	P	C	N	종결		

[선지 해제]

< 보 기 >

ㄱ. ㉠은 구아닌(G)이다. (O)

mRNA 상 사이토신(C)이 구아닌(G)으로 치환되었으므로 주형 가닥 ㉠에서는 구아닌(G)=㉠이 사이토신(C)으로 치환된다.

ㄴ. Z의 4번째 아미노산은 류신이다. (O)

<i>ZmRNA</i>	5'	AUG	GAU	GAC	UUA	CCG	UGC	AAU	UGA	U__	3'
아미노산		M	D	D	L	P	C	N	종결		

ㄷ. X의 아르지닌을 암호화하는 코돈의 3' 말단 염기는 유라실(U)이다. (O)

<i>XmRNA</i>	5'	AUG	GAG	ACU	UAC	CGU	GCA	AUU	GAU	U__	3'
아미노산		개시	E	T	Y	R	A	I	N	종결	

[Comment]

3군데에서 유전자 돌연변이가 일어난 것이 신유형처럼 보일 수 있으나...

과정은 20학년도 6, 9월, 마무리는 20학년도 수능 변형인 정확하게 기출 변형 문항

이제 그냥 In-Frame mutation은 알고 쓰자.

단, 자료 해석 상황에서 단백질 암호화부위에 돌연변이가 일어난 경우에 국한된다는 제한과 변형된 번역틀 내에 종결 코돈이 존재하는 경우에 성립한다는 전제도 숙지할 것

Z의 류신, 프롤린, 시스테인, 아스파라진이 서로 다른 종류의 아미노산이어야 한다는 분 문항에서 검산용으로 사용된 논리가 추후 22학년도 평가원에 등장할 수 있다.