
A.S at 2509

생명과학 II

- 본 A.S는 *The All*의 내용을 숙지하고 있다는 전제 내
실전 *Tempo* 해설로 서술되어 있습니다.

학습 질문은 insta : Theall_Class를 활용해 주세요.

1.

다음은 이중 가닥 DNA X와 mRNA Y에 대한 자료이다.

- X는 서로 상보적인 단일 가닥 X_1 과 X_2 로 구성되어 있다.
- X_1 과 X_2 중 하나로부터 Y가 전사되었고, 염기 개수는 X가 Y의 2배이다.
- X_1 에서 $\frac{A}{C} = \frac{7}{5}$ 이다.
- X_2 에서 $\frac{\text{피리미딘 계열 염기의 개수}}{\text{퓨린 계열 염기의 개수}} = \frac{13}{7}$ 이고, 타이민(T)의 개수는 35개이다.
- Y에서 사이토신(C)의 개수는 유라실(U)의 개수보다 15개 많다.

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

—<보 기>—

- ㄱ. X_1 에서 사이토신(C)의 개수는 25개이다.
- ㄴ. Y는 X_1 로부터 전사되었다.
- ㄷ. X에서 염기 간 수소 결합의 총개수는 255개이다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄱ, ㄷ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

[Tactic 1] 정보 번역

X_1 에서 $\frac{A}{C} = \frac{7}{5}$ 이고, X_2 에서 $\frac{\text{피리미딘 계열 염기의 개수}}{\text{퓨린 계열 염기의 개수}} = \frac{13}{7}$ 이며
 X_2 에서 타이민(T)의 개수가 35개이다.

X_2 의 정보 위상이 더 높으므로
 X_2 로 염기 조성을 번역하면 다음과 같다.

$$\therefore X_2 \text{의 } \frac{A}{G} \Big| \frac{T}{C} = \frac{2}{5} \Big| \frac{7}{6} \times 5$$

[Tactic 2] 상보성 파악

mRNA Y에서 사이토신(C)의 개수는 유라실(U)의 개수보다 15개 많으므로
Y는 X_2 와 상보적인 관계이고 X_2 의 염기 조성은 다음과 같다.

$$\therefore X_2 \text{의 } \frac{A}{G} \Big| \frac{T}{C} = \frac{2}{5} \Big| \frac{7}{6} \times 5$$

[선지 판단]

- ㄱ X_1 에서 사이토신(C)의 개수는 25개이다. (○)
- ㄴ Y는 X_2 로부터 전사되었다. (×)
- ㄷ X에서 염기 간 수소 결합의 총개수는 255개이다. (○)

정답 ③ ㄱㄷ

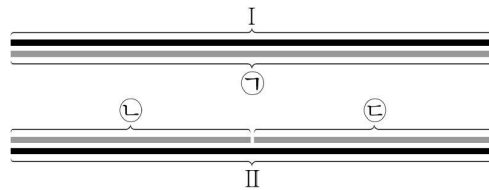
2.

다음은 어떤 세포에서 복제 중인 이중 가닥 DNA에 대한 자료이다.

- I과 II는 각각 22개의 염기로 구성된 복제 주형 가닥이며, 서로 상보적이다. II의 염기 서열은 다음과 같다. ㉠와 ㉡는 각각 5' 말단과 3' 말단 중 하나이다.

㉠-TAATCCGATTGCGTTAGCCCTT-㉡

- ㉢, ㉣, ㉤은 새로 합성된 가닥이며, ㉢은 22개의 염기로 구성되고, ㉣과 ㉤은 각각 11개의 염기로 구성된다.
- 프라이머 X는 ㉢에, 프라이머 Y는 ㉣과 ㉤ 중 하나에, 프라이머 Z는 그 나머지 하나에 존재한다. X, Y, Z는 각각 4개의 염기로 구성되고, G+C 함량은 $Y > Z > X$ 이다.
- ㉤에서 프라이머를 제외한 나머지 부분과 II 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 18개이다.



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

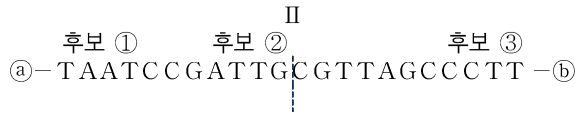
<보 기>

- ㄱ. ㉠은 3' 말단이다.
- ㄴ. Y는 ㉤에 존재한다.
- ㄷ. Z에 있는 퓨린 계열 염기의 개수는 4개이다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄴ ⑤ ㄴ, ㄷ

[Tactic 1] 영역 구분

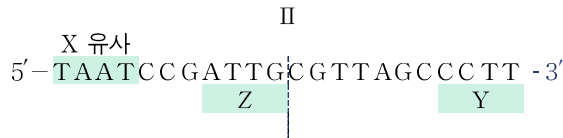
X, Y, Z는 각각 4개의 염기로 구성되고, G+C 함량은 $Y > Z > X$ 이며 $22 = 11 + 11$ 이므로 영역 구분선은 상수 조건이다. 이를 토대로 프라이머의 위치 후보를 색출하면 다음과 같다.



∴ 후보 ①은 X의 후보, ②은 Z의 후보, ③은 Y의 후보이다.
 (∵ G+C 함량은 $Y > Z > X$)

제시된 가닥은 II임이 상수 조건이므로 각 프라이머의 위치가 확정된다.

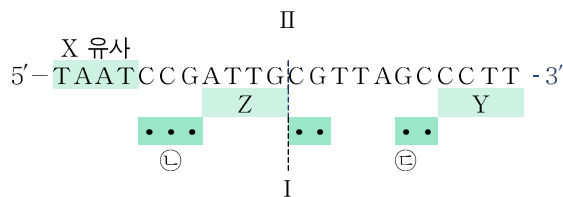
∴ ㉠은 5' 말단, ㉢은 3' 말단이다.



[Tactic 2] HB 조건 해석

㉠에서 프라이머를 제외한 나머지 부분과 II 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 18개이고 ㉢에서 프라이머를 제외한 나머지 부분의 염기 개수는 7개이므로 GC 개수는 4개여야 한다.

그에 따라 ㉠과 ㉢의 위치가 결정된다.



[선지 판단]

- ㄱ ㉠은 5' 말단, ㉢은 3' 말단이다. (×)
- ㄴ Y는 ㉢에, Z는 ㉠에 존재한다. (○)
- ㄷ Z의 염기 서열이 3'-UAAC-5'이므로 Z에 있는 퓨린 계열 염기의 개수는 2개이다. (×)

정답 ② ㄴ

3.

다음은 이중 가닥 DNA x 와 제한 효소에 대한 자료이다.

- x 는 35개의 염기쌍으로 이루어져 있고, x 중 한 가닥의 염기 서열은 다음과 같다. ㉠~㉤은 A, C, G, T를 순서 없이 나타낸 것이다.

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

- 그림은 제한 효소 BamH I, EcoR I, Kpn I, Xho I이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.

5'-GGATCC-3' 5'-GAATTC-3' 5'-GGTACC-3' 5'-CTCGAG-3'
 3'-CCTAGG-5' 3'-CTTAAG-5' 3'-CCATGG-5' 3'-GAGCTC-5'
 BamH I EcoR I Kpn I Xho I

⋮ 절단 위치

- x 를 시험관 I~V에 넣고 제한 효소를 첨가하여 완전히 자른 결과 생성된 DNA 조각 수와 각 DNA 조각의 염기 수는 표와 같다. ㉠~㉤은 BamH I, EcoR I, Kpn I, Xho I을 순서 없이 나타낸 것이고, V에 첨가한 제한 효소는 ㉠~㉤ 중 2가지이다.

시험관	I	II	III	IV	V
첨가한 제한 효소	㉠	㉡	㉢	㉣	?
생성된 DNA 조각 수	2	3	2	2	4
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	22, 48	?	10, 60	?	10, 14, 22, 24

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은?

<보 기>

- ㄱ. ㉢은 Kpn I이다.
- ㄴ. II에서 염기 개수가 38개인 DNA 조각이 생성된다.
- ㄷ. V에서 생성된 DNA 조각 중 염기 개수가 22개인 조각에서 아데닌(A)의 개수는 3개이다.

- ① ㄱ ② ㄷ ③ ㄱ, ㄴ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

[Tactic 1] 인식 서열 색출

x는 35 개의 염기쌍으로 구성되고, 첫 번째 염기의 종류가 다르고,
가운데 2 개의 염기는 1 종류의 연속된 염기이며
대칭성을 만족하는 조합은 다음 Only one이다.

3'-㉠㉡㉢㉣㉤㉥㉦㉧㉨㉩㉪㉫㉬㉭㉮㉯㊀㊁㊂㊃㊄㊅㊆㊇㊈㊉㊊㊋㊌㊍㊎㊏㊐㊑㊒㊓㊔㊕㊖㊗㊘㊙㊚㊛㊜㊝㊞㊟㊠㊡㊢㊣㊤㊦㊧㊨㊩㊪㊫㊬㊭㊮㊯㊰㊱㊲㊳㊴㊵㊶㊷㊸㊹㊺㊻㊼㊽㊾㊿-5'

∴ ㉠은 구아닌(G), ㉡은 아데닌(A), ㉢은 타이민(T), ㉣은 사이토신(C)이다.

[Tactic 2] 염기 개수 판단

I에서는 염기 개수가 22 개와 48 개인 DNA 조각이 생성되었으므로
I에는 EcoR I 이 첨가되었고, II에서 생성된 DNA 조각의 개수는 3 개이므로
II에는 BamH I 이 첨가되었으며 III에서는 염기 개수가 10 개와 60 개인
DNA 조각이 생성되었으므로 III에는 Kpn I 이 첨가되었다

3'-㉠㉡㉢㉣㉤㉥㉦㉧㉨㉩㉪㉫㉬㉭㉮㉯㊀㊁㊂㊃㊄㊅㊆㊇㊈㊉㊊㊋㊌㊍㊎㊏㊐㊑㊒㊓㊔㊕㊖㊗㊘㊙㊚㊛㊜㊝㊞㊟㊠㊡㊢㊣㊤㊦㊧㊨㊩㊪㊫㊬㊭㊮㊯㊰㊱㊲㊳㊴㊵㊶㊷㊸㊹㊺㊻㊼㊽㊾㊿-5'

B E X B K
⑥ ㉠ ㉡ ⑥ ㉢

∴ ㉠은 EcoR I , ⑥는 BamH I , ㉢은 Kpn I , ㉡는 Xho I 이다.

V에 첨가한 2 가지 효소에 의해 생성된 각 DNA 조각의 염기 수가 각각
10, 14, 22, 24 이므로 V에 첨가한 2 가지 효소는 ⑥(BamH I)와
㉡(Xho I)이다

[선지 판단]

- ㄱ ㉢은 Kpn I 이다. (○)
- ㄴ II에 첨가한 효소는 ⑥(BamH I)이고, 생성된 DNA 조각 수는 3 개,
생성된 DNA 조각의 염기 수는 각각 10, 22, 38 이다. (○)
- ㄷ 생성된 DNA 조각 중 염기 개수가 22 개인 조각에서 아데닌(A)의
개수는 3 개이다. (○)

정답 ⑤ ㄱㄴㄷ

4.

다음은 동물 중 P의 두 집단 I과 II에 대한 자료이다.

- I과 II는 각각 하디·바인베르크 평형이 유지되는 집단이며, I과 II 중 한 집단을 구성하는 개체 수는 다른 한 집단을 구성하는 개체 수의 2배이다.
- P의 몸 색은 상염색체에 있는 회색 몸 대립유전자 A와 검은색 몸 대립유전자 A*에 의해 결정되며, A는 A*에 대해 완전 우성이다. ㉠과 ㉡은 각각 AA, AA*, A*A* 중 하나이다.
- $\frac{\text{I에서 유전자형이 ㉠인 개체 수}}{\text{I에서 검은색 몸 개체 수}} = \frac{2}{3}$ 이다.
- I에서 유전자형이 ㉡인 개체들을 제외한 나머지 개체들을 합쳐서 구한 A*의 빈도는 $\frac{3}{7}$ 이다.
- $\frac{\text{I에서 유전자형이 ㉠인 개체 수}}{\text{II에서 유전자형이 ㉡인 개체 수}} = \frac{25}{48}$ 이다.

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, I과 II에서 각각 암컷과 수컷의 개체 수는 같다.)

—<보 기>—

- ㄱ. I에서 A의 빈도는 $\frac{1}{4}$ 이다.
- ㄴ. $\frac{\text{II에서 검은색 몸 개체 수}}{\text{I에서 검은색 몸 대립유전자 수}} = \frac{3}{25}$ 이다.
- ㄷ. II에서 유전자형이 AA*인 암컷이 임의의 수컷과 교배하여 자손(F₁)을 낳을 때, 이 F₁이 회색 몸일 확률은 $\frac{7}{10}$ 이다.

- ① ㄴ ② ㄷ ③ ㄱ, ㄴ ④ ㄱ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

[Tactic 1] 변형된 집단 해석

분수 값이 1/2 미만이므로 ㉠은 A*A*이고 값이 6/14 이므로 다음에 대응된다.

		S	
		7	
	6		1
A	AA*		AA
			A ^c

순종×2를 활용하면 빈도 비는 다음으로 도출되겠다.

	A	>	A*		AA	AA*	A*A*	
	회		검		회		검	
I	1		3		1	6	9	
II								

∴ ㉠은 AA*이다.

[Tactic 2] A.S

5번째 조건 분수 조건의 분자가 25이고 이는 6과 서로소 관계이므로 ×25를 보정해서 생각하면 다음과 같다.

	A	>	A*		AA	AA*	A*A*	
	회		검		회		검	
I	1		3		1	6	9	×25
II							12 ²	×2

∴ II에서 빈도 비는 8:12이다.

[선지 판단]

- ㄱ I에서 A의 빈도는 $\frac{1}{4}$ 이다. (○)
- ㄴ 구하는 값은 $(2 \times 12^2) / (2 \times 15 \times 20) = 12/25$ 이다. (×)
- ㄷ 구하는 값은 $1 - (1/2) \times (3/5) = 7/10$ 이다. (○)

정답 ④ ㄱㄷ

[TAC Zip]



5.

다음은 어떤 진핵생물의 유전자 x 와 돌연변이 유전자 y, z 의 발현에 대한 자료이다.

- x, y, z로부터 각각 폴리펩타이드 X, Y, Z가 합성된다.
- x의 DNA 이중 가닥 중 한 가닥의 염기 서열은 다음과 같다.
- ㉠~㉤은 A, C, G, T를 순서 없이 나타낸 것이고, ㉥은 퓨린 계열 염기이다. ㉦와 ㉧는 각각 5' 말단과 3' 말단 중 하나이다.
- ㉠-TCGAGTACACG㉡㉢㉣㉤㉥㉦㉧CTCTGGACTTGCATTGAT-㉨

- X의 세 번째 아미노산과 네 번째 아미노산은 같다.
- y는 x의 전사 주형 가닥에서 ④ 연속된 6개의 염기가 1회 결실된 것이며, X와 Y의 아미노산 서열은 동일하다.
- z는 y의 전사 주형 가닥에서 피리미딘 계열에 속하는 연속된 3개의 동일한 염기가 1회 결실된 것이고, Z는 7개의 아미노산으로 구성된다.

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

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

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, 제시된 돌연변이 이외의 핵산 염기 서열 변화는 고려하지 않는다.)

—〈보기〉

- ㄱ. ㉠은 구아닌(G)이다.
 ㄴ. ㉡에는 타이민(T)이 2개 있다.
 ㄷ. Z는 클루탐산을 가진다.

- ① $\neg$ ② $\perp$ ③ $\sqsubset$ ④ $\neg, \perp$ ⑤ $\neg, \sqsubset$

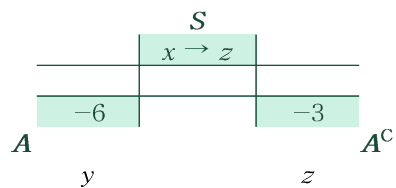
[Tactic 1] 자연수론

한 가닥으로 제시되어 있고, 일부 염기 서열이 변수로 감춰져 있으므로

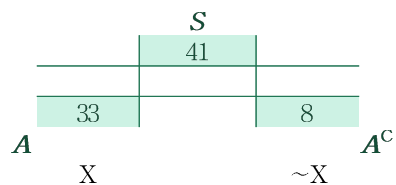
㉠-TCGAGTACACG㉡㉢㉣㉤㉥㉦㉧㉨㉩㉪㉫㉬㉭㉮㉯㉰㉱㉲㉳㉴㉵㉶㉷㉸㉹㉺㉻㉼㉽㉾㉿㊀CTCTGGACTTGCATTGAT-㊁

수 관점으로 해석을 행하자. ($\because$ 염기 추론형)

$x \rightarrow y \rightarrow z$ 에서



두 돌연변이가 각각의 관점에서 1 회 돌연변이 & 3n개 결실이므로
Z의 개시와 종결 간 간격과 X를 엮어서 생각할 수 있고
Z의 염기 영역은 24 개이므로 X의 염기 영역은 33 개로 구성된다.



그에 따라 상수 염기 중 Z의 개시, 종결 영역이 존재해야 하고
이를 색출했을 때, Z의 개시, 종결은 TAC-ATT Pair임을 알 수 있다.

$\therefore$ 주어진 가닥은 전사 주형 가닥이다.

[Tactic 2] 코돈의 특징

3'-TACACG㉡㉢㉣㉤㉥㉦㉧㉨㉩㉪㉫㉬㉭㉮㉯㉰㉱㉲㉳㉴㉵㉶㉷㉸㉹㉺㉻㉼㉽㉾㉿㊀CTCTGGACTTGCATTGAT-5'
M C S S Z

㉡㉢㉣와 ㉤㉥㉦이 같은 아미노산을 암호화하므로 대응되는 아미노산은 세린이고 ㉧은 퓨린 계열 염기이므로 ㉧은 A, ㉨은 G, ㉩은 T, ㉪은 C이다.

[Tactic 3] 역방향 번역

X와 Y의 아미노산 서열이 동일하므로 X의 종결 코돈이나 그 일부가 결실되었고, 그에 따라 역방향 번역을 토대로 해석하자.



경우의 수가 3 가지 초과이니 계의 관점에서 해석하자. (by 1911)

즉, y 에서 피리미딘 계열에 속하는 연속된 3개의 동일한 염기가 1회 결실되어야 하고, x 내에서는 존재하지 않음을 알 수 있다.

∴ 연속된 3 개의 동일한 염기가 2+1 or 1+2 꼴로 y에서 조합되어야 한다.

조금 더 특수한 피리미딘 계열에 속하는 2 개의 연속된 동일한 염기를 관찰했을 때, TT가 존재하고, ①이 결실되었을 때, T와 조합됨을 알 수 있다.

∴ y에서 ①이 결실되고, z에서 TTT가 결실된다.



[선지 판단]

7. $\langle \mathbb{R} \rangle$ 은 구아닌(G)이다. (○)

↳ ㉠에는 타이민(T)이 1 개 있다. (×)

ㄷ Z에는 글루탐산이 없다. (×)

정답 ① ㄱ

[빠른 정답]

01. ② 02. ⑤ 03. ① 04. ② 05. ① 06. ④ 07. ⑤ 08. ⑤ 09. ② 10. ①
11. ⑤ 12. ① 13. ③ 14. ③ 15. ④ 16. ④ 17. ② 18. ④ 19. ① 20. ③