

[예제 32 - 20학년도 수능]

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

○ x , y , z 로부터 각각 폴리펩타이드 X , Y , Z 가 합성되고, X , Y , Z 의 합성은 모두 개시 코돈에서 시작하여 종결 코돈에서 끝난다. 개시 코돈은 AUG이다.

○ X 는 9개의 아미노산으로 구성되며, 아미노산 서열이 ㉠-(가)-(나)-(다) 순서로 연결된 폴리펩타이드이다. 표의 ㉠~㉣은 (가)~(다)를 순서 없이 나타낸 것이다.

구분	아미노산 서열
㉠	류신-발린
㉡	발린-글루타민-트립토판
㉢	라이신-류신
㉣	메싸이오닌-알라닌

○ y 는 x 의 전사 주형 가닥에서 연속된 2개의 염기가 1회 결실되고, 다른 위치에서 ㉤연속된 2개의 염기가 1회 삽입된 것이다. y 의 DNA 2중 가닥 중 전사 주형 가닥의 염기 서열은 다음과 같다.

5'-GACTCACAAGCCATTGAACCAACTCGTTGCCATGC-3'

○ z 는 x 의 전사 주형 가닥에서 1개의 사이토신(C)이 결실된 것이다. Z 는 6종류의 아미노산으로 구성되고, 4번째 아미노산은 트립토판이다.

○ 표는 유전 암호를 나타낸 것이다.

UUU 페닐알라닌	UCU 세린	UAU 타이로신	UGU 시스테인
UUC 류신	UCC	UAC	UGC
UUA	UCA	UAA 종결 코돈	UGA 종결 코돈
UUG	UCG	UAG 종결 코돈	UGG 트립토판
CUU 류신	CCU 프롤린	CAU 히스티딘	CGU 아르지닌
CUC	CCC	CAC	CGC
CUA	CCA	CAA 글루타민	CGA
CUG	CCG	CAG	CGG
AUU 아이소류신	ACU 트레오닌	AAU 아스파라진	AGU 세린
AUC	ACC	AAC	AGC
AUA	ACA	AAA 라이신	AGA 아르지닌
AUG 메싸이오닌	ACG	AAG	AGG
GUU 발린	GCU 알라닌	GAU 아스파르트산	GGU 글리신
GUC	GCC	GAC	GGC
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. ㉢은 (가)이다.
- ㄴ. ㉤에는 아데닌(A)이 있다.
- ㄷ. X 와 Z 가 합성될 때 사용된 종결 코돈의 염기 서열은 같다.

[예제 32 해설] 답. ㄱ

5'-GACTCACAAGCCATTGAACCAACTCGTTGCCATGC-3'

연쇄적 판단

Schema 8 참고

DNA 단일 가닥이 주어져 있으며

$y \rightarrow x \rightarrow z$ 로 연쇄적으로 해석하는 상황임을 알 수 있다.

1st 주형 vs 비주형 판단

주어진 가닥이 y 의 주형 가닥임이 주어져 있다.

정방향 번역

개시 코돈부터 종결 코돈 방향으로 염기 서열을 읽어나가는 것

2nd (Mind, Schema 기반) 돌연변이 해제

y 의 번역들을 구성해보면 다음과 같다.

[해제]

5'-GACTCACAAGCCATTGAACCAACTCGTTGCCATGC-3'

역방향 번역

종결 코돈부터 개시 코돈 방향으로 염기 서열을 읽어나가는 것

[설명틀]

y_T	5'	TCA	CAA	GCC	ATT	GAA	CCA	ACT	CGT	TGC	CAT	3'
y_{mRNA}	3'	AGU	GUU	CGG	UAA	CUU	GGU	UGA	GCA	ACG	GUA	5'
		종결	9 th								1 st	

아미노산 개수가 동일

Schema 5 아미노산과

Common Sense : 억제 돌연변이에서 상술한 바 있다.

X의 아미노산 개수는 9개로 주어져 있고

Y의 아미노산 개수 또한 번역들을 기입해보면 아미노산 개수가 9개임을 알 수 있다.

즉, X와 Y의 아미노산 개수가 동일한 것을 알 수 있다

따라서 종결 코돈을 암호화하는 염기 서열 부위가 동일하고

그에 따라 정방향 번역과 역방향 번역을 진행하면

다음과 같이 돌연변이 후보군이 결정된다.

이를 요약하면 개시 코돈의 위치가 동일하고, 억제 돌연변이가 일어났을 때 종결되는 위치가 동일해야 한다는 것이다.

y_T	5'	TCACAAGCC	ATT	GAA	CCA	ACT	CGT	TGC	CAT	3'
y_{mRNA}	3'	AGUGUUCGG	UAA	CUU	GGU	UGA	GCA	ACG	GUA	5'
		종결 위치	후보 1				후보 2	A	M	
								1 st (Ⓜ)		

이때 종결 코돈을 암호화하는 부위에 억제 돌연변이가 일어났다면 종결 코돈의 위치는 동일하지만 종결 코돈을 암호화하는 염기 서열은 다를 수 있다.

돌연변이가 일어나는 염기 서열 후보군이 결정된다는 것은

다른 염기 서열 부근에는 돌연변이가 일어나지 않았다는 것을 방증하며

[돌연변이가 일어나지 않는 염기 서열 부근]

후보군의 결정

정방향으로 번역하면 Ⓜ을 발견할 수 있지만 역방향으로 번역하면 ㉠~㉡을 발견할 수 없다.

y_T	5'	TCACAAGCC	ATT	GAA	CCA	ACT	CGT	TGC	CAT	3'
y_{mRNA}	3'	AGUGUUCGG	UAA	CUU	GGU	UGA	GCA	ACG	GUA	5'
		종결 위치	후보 1				후보 2	A	M	
								1 st (Ⓜ)		

그에 따라 x 의 변형된 번역들을 결정할 수 있다는 것을 의미한다.

X 의 아미노산 서열은 고정된 서열이다.

따라서 필요하다면 다음과 같은 염기 서열로 번역할 수 있다.

구분	아미노산 서열	주형 가닥 염기 서열	mRNA 염기 서열
㉠	류신-발린	_A_CA_	_U_GU_
㉡	발린-글루타민-트립토판	CA_GT_ACC	GU_CA_UGG
㉢	라이신-류신	TT_A_	AA_U_
1 st	메싸이오닌-알라닌		

개시 코돈과 종결 코돈 사이 변하지 않는 염기 서열을 비교-대조했을 때 고정된 염기 서열인 CA_GT_ACC 을 발견할 수 있다. (주형 가닥 기준)

y_T	5'	TCACAAGCC	ATTGAACCA	ACT	CGT	TGC	CAT	3'
y_{mRNA}	3'	AGUGUUCGG	UAACUUGGU	UGA	GCA	ACG	GUA	5'
		종결 위치	후보 1			후보 2	A	M
							1 st (㉠)	

그에 따라 다음과 같이 변형된 번역들이 결정된다.

[해제]



[설명틀]

x_T	5'	TCACAAG	CCA	TTG	AAC	CAACTCGT	TGC	CAT	3'
x_{mRNA}	3'	AGUGUUC	GGU	AAC	UUG	GUUGAGCA	ACG	GUA	5'
		종결 위치	W	Q	V		A	M	
			4 th	3 rd (㉡)		2 nd	1 st (㉠)		

∴ ㉠ ㉡이 3rd 펩타이드를 암호화하는 염기 서열임을 알 수 있다.

㉡ 2nd 펩타이드가 와야할 염기들에는 8개의 염기가 있다.

그에 따라 $x \rightarrow y$ 기준 -2 돌연변이가 일어났음을 알 수 있다.

㉠ 4th 펩타이드가 와야할 염기들에는 7개의 염기가 있다.

그에 따라 $x \rightarrow y$ 기준 +2 돌연변이가 일어났다.

실제 해제

9개의 염기 CA_GT_ACC 중 고정된 염기 7개가 한 눈에 보이는 독자는 거의 없으리라 생각한다.

지면의 논리적 해제 상 추론에 필요한 염기 서열을 모두 기입하고 그 중 발견할 수 있다고 서술되어 있으나

실제 해제의 경우 고정된(= 특수한) 코돈 하나를 찾아 전체 염기 서열로 확장해나가는 게 실전적이며 필자의 경우 ACC(코돈으로 UGG)를 찾았다.

이는 Present 1권 - 프라이머 추론 : 일부를 통한 전체 추론에서 간접적으로 언급한 바 있으며

앞선 코돈 추론형 문항에서도 동일하게 서술된 바 있다.

$y \rightarrow x$

실전에서는 제시되어 있는 가닥 기준으로 연쇄적으로 돌연변이를 생각하는게 낫다.

즉, $x \rightarrow y$ 기준 -2 돌연변이는 $y \rightarrow x$ 기준 +2 돌연변이로 $x \rightarrow y$ 기준 +2 돌연변이는 $y \rightarrow x$ 기준 -2 돌연변이로 생각하는게 주어진 상황을 판단하는데 더 낫다.

연속된 2개의 염기 3'-GC-5'를 결실시키면 라이신-류신을 암호화하는 염기 서열 TT_A_ 을 파악할 수 있다. (주형 가닥 기준)

그에 따라 펩타이드 조각의 순서가 모두 결정된다.

[해제]



[설명틀]

x_T	5'	TCACAAG	CCA	TTG	AAC	CAACTGGT	TGC	CAT	3'
x_{mRNA}	3'	AGUGUUC	GGU	AAC	UUG	GUUGAGGA	ACG	GUA	5'
		종결 위치	V-L	W	Q	V	L-K	A	M
			4 th (㉠)	3 rd (㉡)		2 nd (㉢)		1 st (㉣)	

매개상수

관계를 매개하는 상수
보통 순서의 의미가 내포되어
있다.

[매개상수 기입]

구분	아미노산 서열
4 ㉠	류신-발린
3 ㉡	발린-글루타민-트립토판
2 ㉢	라이신-류신
1 ㉣	메싸이오닌-알라닌

y → x 기준 GAACACT 염기 서열에 +2 돌연변이가 일어나
_A_CA_A_ 염기 서열이 되어야 한다.

즉, 다음과 같은 염기 서열이 생성되어야 한다.
(단, ㉠~㉣은 어떤 염기이다.)

[해제]



[설명틀]

x_T	3'	① A ②	CA ③	5'
x_{mRNA}	5'	④ U ⑤	GU ⑥	3'
		L	V	

그리고 이는 하나로 결정되지 않고 다음과 같이 여러 경우가 발생한다.

① A_ 삽입 (종결 코돈 생성) (단, _는 C, T 중 하나)

x_T	3'	GAA	CAC	A_T	5'
x_{mRNA}	5'	CUU	GUG	U_A	3'
		L	V	종결	

② _A 삽입 (종결 코돈 생성) (단, _는 A, G, C, T 중 하나)

x_T	3'	GAA	CA_	ACT	5'
x_{mRNA}	5'	CUU	GU_	UGA	3'
		L	V	종결	

③ CA 삽입 (발린 생성)

x_T	3'	GAA	CAC	ACT	5'
x_{mRNA}	5'	CUU	GUG	UGA	3'
		L	V	종결	

④ _C 삽입 (발린 생성) (단, _는 A, G, C, T 중 하나)

x_T	3'	GA_	CAC	ACT	5'
x_{mRNA}	5'	CU_	GUG	UGA	3'
		L	V	종결	

⑤ A_ 삽입 (발린 생성) (단, _는 A, G, C, T 중 하나)

x_T	3'	GA_	CA_	ACT	5'
x_{mRNA}	5'	CU_	GU_	UGA	3'
		L	V	종결	

이렇게 15개의 경우의 수를 모두 나열 후
해제하는 건 **실전에서 불가능하다.**

따라서 이 중 떠오르는 1개를 기입해두고 **다음 조건으로 넘어가거나**
(변형된 번역들을 표현 = 상황을 파악해두고)

위 사항을 인지한 채 (변형된 번역들 기입)
다음 조건으로 넘어가는 게 실전적이다.

넘어갈 수 있는 이유

결국 $y \rightarrow x$ 기준 삽입되는 염기는 2개로, 변형된 번역들의 위치는 고정되어 있기 때문이다.

이는 치환 돌연변이의 변형된 번역들의 위치가 변하지 않아 다음 조건으로 넘어가서 판단해도 무방하다는 **19 수능 문항의 IDEA와 동일하다.**

z에서는 1개의 사이토신이 결실되었고 (= Frameshift mutation)
 4번째 아미노산이 트립토판이라고 제시되어 있다. (= 아미노산의 순서 조건)

아미노산의 순서 조건
 Schema 5 아미노산에서 해제
 에 관해 언급한 바 있다

지금까지 아미노산의 순서 조건을 해제해온 것과 동일한 논리로
 트립토판의 코드인 ACC를 x의 4th 번역틀 근처에서 관찰해보자.

x_T	5'	TCA	CAAG	CCA	TTG	AAC	CAA	CTT	TGC	CAT	3'
x_{mRNA}	3'	AGU	GUUC	GGU	AAC	UUG	GUU	GAA	ACG	GUA	5'
		종결 위치	?			5 th	4 th				

x의 4번째 번역틀 내 두 번째 염기부터 트립토판의 유전 부호가 관찰되는 것을 알 수 있다.

돌연변이 후보 압축
 모든 돌연변이의 후보군이 압축
 되면 다른 염기 서열에는 돌연변이
 가 일어나지 않았음이 방증된
 다.

따라서 ACC 서열의 앞 부분에 -1 돌연변이가 일어났음을 알 수 있고
 "ACC 이후 염기 서열에는 돌연변이가 일어나지 않았으므로"

이는 앞서 Frameshift 돌연변이
 이를 해제하는 기본이라고 언급
 한 바 있다.

다음과 같이 결실되는 염기 후보와 변형된 번역틀이 압축된다.
 (= Fixed 아미노산을 결정할 수 있다.)

[해제]



[설명틀]

z_T	5'	GAC	TCACAA	GCC	ATT	GAA	CCA	ACTTTGC	CAT	3'
z_{mRNA}	3'			CGG	UAA	CUU	GGU	UGAAACG	GUA	5'

이때 실제 해제에서 z의 번역틀을 기입하지 않은 것을 알 수 있다
 이는 x의 염기 서열 앞부분에서 -1 돌연변이가 일어나 z가 될 때 이미
 y → x 기준 2개의 염기가 결실되었으므로 x → z 기준 -1 돌연변이가 일어난 후의
 z의 변형된 번역틀은 y의 번역틀과 동일하게 나타나기 때문이다.
 (∴ Common Sense : Inframe mutation -3 = 0)

In-frame mutation
 20학년도 9월 평가원 문항을 다
 루기 전 Common Sense : 해독
 틀 내 삽입&결실에서 다룬 바 있
 다.

즉, 실전에서 y의 번역틀을 z의 변형된 번역틀로 생각하고 해제할 수 있다는 의미이다.
 본 논리에 의해 풀어쓴 논리는 길지만 실제 해제는 훨씬 간명해진다.

-3 돌연변이가 일어난 염기 서
 열 이후의 서열은, 변형된 번역틀
 이 기존 번역틀과 동일한 양상을
 나타낸다.

이는 20학년도 9월 평가원 문항
 에서 먼저 언급한 바 있다.

Z의 아미노산이 6종류라고 제시되어 있다.

아미노산의 종류 조건은 아미노산의 조성과 상관관계가 있으므로 고정된(≡ 변하지 않는) 아미노산 서열을 기입해준다.

아미노산의 종류 조건

Schema 5 아미노산에서 해제에 관해 언급한 바 있다

[해제]

y
 x 5'-GACTCACAAGCCATTGAACCAACTCGTTGCCATGC-3'

z
○ z 는 x 의 전사 주형 가닥에서 1개의 사이토신(C)이 결실된 것이다. Z는 6종류의 아미노산으로 구성되고, 4번째 아미노산은 트립토판이다.

○ 표는 유전 암호를 나타낸 것이다.

x - A C A -
L V

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

(∵ ① 17 수능, 18 수능 IDEA : 아미노산 직접 제시 트립토판 - ACC 기입이 상황 관찰에 유리)

(∵ ② 19 수능 IDEA : 복잡한 상황, 고정된 부분 번역을 기입이 상황 관찰에 유리)

(∵ ③ 20 9평 IDEA : 돌연변이 일어난 이후 서열, y 의 번역틀 = z 의 변형된 번역틀)

(∵ ④ AAC(코돈은 UUG) 서열 번역 X : x 에서 결정되지 않은 부분, 고정된 아미노산 기입 못함)

[설명틀]

Z_T	5'	GAC	TCACAA	GCC	ATT	GAA	CCA	ACTTTGC	CAT	3'
Z_{mRNA}	3'		?	CGG	UAA	CUU	GGU	UGAAACG	GUA	5'
				G	N	F	W		M	

고정된 부분 관찰이 끝났으니 압축된 돌연변이 후보들 중 올바른 곳을 찾아보자.

[Case 1]

개시 코돈에 가까운 염기 C를 결실시키면
 ? 부분 아미노산 서열이 Q-S로 결정된다.

그에 따라 결정된 아미노산만 7종류가 되어
 주어진 "Z의 아미노산이 6종류이다" 조건에 모순이다.

[설명틀]

z_T	5'	GAC	TCACAA	GCC	ATT	GAA	CCA	ACT	TTG	CAT	3'
z_{mRNA}	3'		?	CGG	UAA	CUU	GGU	UGA	AAC	GUA	5'
				G	N	F	W	S	Q	M	

[Case 2]

종결 코돈에 가까운 C를 결실시키면
 ? 부분 아미노산 서열이 A-N으로 결정된다.

그에 따라 결정된 아미노산만 6종류가 되고 다음과 같이 변형된 번역틀이 결정된다.

[설명틀]

z_T	5'	GAC	TCACAA	GCC	ATT	GAA	CCA	A CT T	TGC	CAT	3'
z_{mRNA}	3'		?	CGG	UAA	CUU	GGU	U GAA	ACG	GUA	5'
				G	N	F	W	N	A	M	

AAC는 류신(L)을 암호화하고
 AAC 이후의 x의 염기 서열에 돌연변이가 일어났다면 7종류 이상의 아미노산을 가지게 되어 모순이다.

따라서 ? 부분의 염기 서열에서 다음을 만족시키며 염기가 삽입되어야 한다.

?					
x_T	3'	① A ②	CA ③	5'	
x_{mRNA}	5'	④ U ⑤	GU ⑥	3'	
		L	V		

- ⓐ x의 변형된 번역틀 내 염기 서열은 L과 V를 암호화한다 (by x)
- ⓑ 3'-A②C-5' 서열은 종결 코돈을 암호화한다. (by z)

∴ ②는 T로 확정되고, ⓐ와 ⓑ를 동시에 만족시키기 위해
 y → x 기준 삽입되는 연속된 염기는 3'-TC-5'로 확정된다.

[자료 해제]

○ x, y, z로부터 각각 폴리펩타이드 X, Y, Z가 합성되고, X, Y, Z의 합성은 모두 개시 코돈에서 시작하여 종결 코돈에서 끝난다. 개시 코돈은 AUG이다.

○ X는 9개의 아미노산으로 구성되며, 아미노산 서열이 ㉠-(가) - (나) - (다) 순서로 연결된 폴리펩타이드이다. 표의 ㉠~㉣은 (가)~(다)를 순서 없이 나타낸 것이다.

구분	아미노산 서열
4 ㉠	류신-발린
3 ㉡	발린-글루타민-트립토판
2 ㉢	라이신-류신
1 ㉣	메싸이오닌-알라닌

○ y는 x의 전사 주형 가닥에서 연속된 2개의 염기가 1회 결실되고, 다른 위치에서 ㉠ 연속된 2개의 염기가 1회 삽입된 것이다. y의 DNA 2중 가닥 중 전사 주형 가닥의 염기 서열은 다음과 같다.

y
x 5'-GACTCACAAGCCATTGAACCAACTGTTGCCATGC-3'

○ z는 x의 전사 주형 가닥에서 1개의 사이토신(C)이 결실된 것이다. Z는 6종류의 아미노산으로 구성되고, 4번째 아미노산은 트립토판이다.

ACC G N F W S O M : z
N A

○ 표는 유전 암호를 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 류신	CCU 프롤린	CAU 히스티딘	CGU 아르지닌
CUC	CCC	CAC	CGC
CUA	CCA	CAA 글루타민	CGA
CUG	CCG	CAG	CGG
AUU 아이소류신	ACU 트레오닌	AAU 아스파라진	AGU 세린
AUC	ACC	AAC	AGC
AUA	ACA	AAA 라이신	AGA 아르지닌
AUG 메싸이오닌	ACG	AAG	AGG
GUU 발린	GCU 알라닌	GAU 아스파르트산	GGU 글라이신
GUC	GCC	GAC	GGC
GUA	GCA	GAA 글루탐산	GGA
GUG	GCG	GAG	GGG

x -AICA-
L V

[선지 해제]

< 보 기 >

ㄱ. ㉣은 (가)이다. (O)

자료 해제 결과 ㉣은 (가)이다.

ㄴ. ㉠에는 아데닌(A)이 있다. (X)

㉠은 사이토신(C)과 구아닌(G)으로 구성된다.

ㄷ. X와 Z가 합성될 때 사용된 종결 코돈의 염기 서열은 같다. (X)

종결 코돈을 암호화하는 서열이 x는 ACT이지만 z는 ATC이므로 서로 다르다.