

제 4 교시

과학탐구 영역(생명 과학Ⅱ)

성명 수험 번호

20 6평 주요 문항 분석

<총평>

원래 난이도는 굉장히 주관적인 것이고...사람에 따라 기분 나쁠 수 있기 때문에 굉장히 조심스러우나 개인적으로 작년 6, 9, 수능과 다르게 어려운 난이도는 아니었던 것 같다. 등급컷도 표본에 따라 다르겠지만 낮더라도...44, 45이지 않을까 추정된다 (이 글 작성 시간 0604 9시 - 등급컷 나오지 않은 상황)

18번 충분히 어려웠다. 하지만 기출 및 여러 문항 분석 & 다른 문항에서의 시간 Save를 토대로 했을 때 전형적으로 예상된 문항이 출제되었으며 수능에 변형되더라도 크게 작년 코돈 추론형처럼 delay를 줄 것 같지는 않다. (다른 문항은 사실 어렵긴..잘 모르겠다)

주요 문항에 수록한 4문항을 제외한 문항을 틀렸다면 기출 분석 및 개념 공부를 꼼꼼히하여, 즉각적으로 관련 단원의 내용 + 실전적 내용이 튀어나올 수 있도록 하는 연습이 필요해보인다.
<16문항은 EBS 해설 및 전문항 손글씨를 참고하자>

<200611>

11. 그림은 붉은빵곰팡이에서 아르지닌이 합성되는 과정을, 표는 최소 배지에 물질 ㉠의 첨가에 따른 붉은빵곰팡이 야생형과 돌연변이주 I~Ⅲ의 생장 여부와 물질 ㉡과 ㉢의 합성 여부를 나타낸 것이다. I은 유전자 a~c 중 어느 하나에, II는 나머지 두 유전자 중 어느 하나에만, III은 그 나머지 하나에 돌연변이가 일어난 것이다. ㉠~㉢은 오르니틴, 시트룰린, 아르지닌을 순서 없이 나타낸 것이다.

전구 물질 유전자 a → 효소 A 오르니틴 유전자 b → 효소 B 시트룰린 유전자 c → 효소 C 아르지닌	구분	최소 배지			최소 배지, ㉠		
		생장	㉡ 합성	㉢ 합성	생장	㉡ 합성	㉢ 합성
야생형	+	○	○	+	○	○	
I	-	×	○	-	×	○	
II	-	×	(가)	+	○	○	
III	-	×	×	+	○	×	

(+: 생장함, -: 생장 못함, ○: 합성됨, ×: 합성 안 됨)

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, 제시된 돌연변이 이외의 돌연변이는 고려하지 않는다.) [3점]

<보 기>

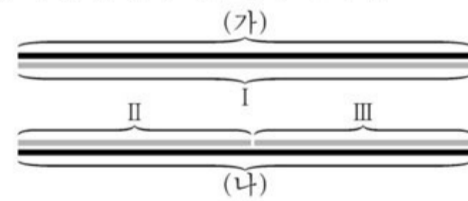
ㄱ. (가)는 '×'이다.
 ㄴ. I은 c에 돌연변이가 일어난 것이다.
 ㄷ. ㉡은 오르니틴이다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄴ ⑤ ㄱ, ㄷ

<200616>

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

- (가)와 (나)는 복제 주형 가닥이고, 서로 상보적이다.
- (나)는 29개의 염기로 구성되고, 염기 서열은 다음과 같다.
 ㉠과 ㉡은 각각 5' 말단과 3' 말단 중 하나이다.
 ㉠-CTGACGAACAGACTTGAGGTCGCGACTGA-㉡
- I~Ⅲ은 새로 합성된 가닥이고, II가 III보다 먼저 합성되었다.
- II와 (나) 사이의 염기쌍의 수와 III과 (나) 사이의 염기쌍의 수의 합은 29이다.
- II는 프라이머 X를, III은 프라이머 Y를 가진다.
- X와 Y는 각각 4개의 염기로 구성되고, X와 Y 중 하나의 염기 서열은 5'-UCAG-3'이다.
- II와 III 각각에서 디옥시리보스를 포함하는 뉴클레오타이드의 피리미딘 계열 염기의 개수는 7개이다.



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

<보 기>

ㄱ. ㉠은 5' 말단이다.
 ㄴ. X와 (나) 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 10개이다.
 ㄷ. III에서 $\frac{\text{아데닌(A) 개수} + \text{티민(T) 개수}}{\text{구아닌(G) 개수} + \text{사이토신(C) 개수}} = \frac{4}{9}$ 이다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄴ ⑤ ㄱ, ㄷ

<200618>

18. 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 합성되고, X, Y, Z의 합성은 모두 개시 코돈에서 시작하여 종결 코돈에서 끝난다.

○ ㉠ x 의 DNA 2중 가닥 중 전사 주형 가닥으로부터 합성된 X의 아미노산 서열은 다음과 같다. (가)와 (나)는 각각 세린과 아르지닌 중 하나이다.

메싸이오닌-발린-라이신-(가)-트레오닌-(나)-아이소류신-류신-글라이신

○ y 는 x 에서 1개의 염기쌍이 결실되고, 다른 위치에 1개의 염기쌍이 삽입된 것이다. Y의 아미노산 서열은 다음과 같다.

메싸이오닌-발린-세린-발린-히스티딘-글루타민-㉡ 타이로신-발린-글라이신

○ z 는 x 에서 동일한 염기가 연속된 2개의 염기쌍이 결실되고, 다른 위치에 동일한 염기가 연속된 2개의 염기쌍이 삽입된 것이다. 결실된 염기와 삽입된 염기는 같다. Z를 구성하는 아미노산의 개수는 7개이며, Z의 네 번째 아미노산은 ㉢ 타이로신이다.

○ 표는 유전 암호의 일부를 나타낸 것이다.

코돈	아미노산	코돈	아미노산	코돈	아미노산	코돈	아미노산								
UUA UUG CUU CUC CUA CUG	류신	UCU UCC UCA UCG AGU AGC	세린	CGU CGC CGA CGG AGA AGG	아르지닌	UAA UAG UGA	종결 코돈								
GUU GUC GUA GUG		발린		GCU GCC GCA GCG		알라닌		ACU ACC ACA ACG	트레오닌	GGU GGC GGA GGG	글라이신				
CAU CAC				히스티딘				AAU AAC		아스파라진		AUU AUC AUA	아이소류신	UAU UAC	타이로신
CAA CAG								글루타민				AAA AAG		라이신	

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, 제시된 돌연변이 이외의 핵산 염기 서열 변화는 고려하지 않는다.) [3점]

<보 기>

- ㄱ. ㉡와 ㉢를 암호화하는 코돈의 염기 서열은 같다.
- ㄴ. ㉠에서 류신을 암호화하는 부위의 5' 말단 염기는 구아닌(G)이다.
- ㄷ. Z의 다섯 번째 아미노산은 라이신이다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄱ, ㄷ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

<200619>

19. 다음은 야생형 대장균과 돌연변이 대장균에 대한 자료이다.

○ 대장균 I과 II는 젓당 오페론을 조절하는 조절 유전자가 결실된 돌연변이와 젓당 오페론의 프로모터가 결실된 돌연변이를 순서 없이 나타낸 것이다.

○ 표는 야생형 대장균과 I, II를 서로 다른 배지에서 각각 배양할 때의 자료이다. (가)와 (나)는 포도당은 없고 젓당이 있는 배지와 포도당과 젓당이 없는 배지를 순서 없이 나타낸 것이다. ㉠과 ㉡은 억제 단백질과 젓당(젓당 유도체)의 결합, 젓당 오페론의 프로모터와 RNA 중합 효소의 결합을 순서 없이 나타낸 것이다.

구분	(가)			(나)		
	㉠	㉡	젓당 분해 효소 생성	㉠	㉡	젓당 분해 효소 생성
야생형	○	?	+	?	×	-
I	×	㉢	?	×	?	+
II	?	×	-	?	×	?

(○: 결합함, ×: 결합 못함, +: 생성됨, -: 생성 안 됨)

이 자료에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, 제시된 돌연변이 이외의 돌연변이는 고려하지 않는다.) [3점]

<보 기>

- ㄱ. ㉢는 '○'이다.
- ㄴ. ㉡은 '억제 단백질과 젓당(젓당 유도체)의 결합'이다.
- ㄷ. I은 (나)에서 억제 단백질을 생성한다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄴ ⑤ ㄱ, ㄷ

<200611>

- renewal Topic 4 유전자 발현 조절 (이전 자료 Topic 1 유전자 발현 조절)-

붉은빵곰팡이 실험 실전개념

I 아르지닌(R)을 결정 후, O와 C를 선호 관계를 통해 결정하자 by 특수

∴ 아르지닌을 제공 ⇒ All 생장 / 합성 여부에 영향 X

아르지닌 유무 = 생존 여부

II 실험 해석의 Key는 '대조군' 이다

III 선호 관계 파악

<순글씨 해설>

11. 그림은 붉은빵곰팡이에서 아르지닌이 합성되는 과정을, 표는 최소 배지에 물질 ㉠의 첨가에 따른 붉은빵곰팡이 야생형과 돌연변이주 I~III의 생장 여부와 물질 ㉡과 ㉢의 합성 여부를 나타낸 것이다. I은 유전자 a~c 중 어느 하나에, II는 나머지 두 유전자 중 어느 하나에만, III은 그 나머지 하나에 돌연변이가 일어난 것이다. ㉠~㉢은 오르니틴, 시트룰린, 아르지닌을 순서 없이 나타낸 것이다.

유전자 a → 효소 A	전구 물질	구분	최소 배지			최소 배지, ㉡		
			생장	합성	합성	생장	합성	합성
유전자 b → 효소 B	오르니틴	야생형	+	○	○	+	○	○
유전자 c → 효소 C	시트룰린	I	-	×	○	-	×	○
		II	-	×	㉠	+	○	○
	아르지닌	III	-	×	×	+	○	×

(+: 생장함, -: 생장 못함, ○: 합성됨, ×: 합성 안 됨)

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, 제시된 돌연변이 이외의 돌연변이는 고려하지 않는다.) [3점]

<보 기>

ㄱ. (가)는 '×'이다.
 ㄴ. I은 c에 돌연변이가 일어난 것이다.
 ㄷ. ㉡은 오르니틴이다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄴ ⑤ ㄱ, ㄷ

<사고의 흐름>

최소 배지에서 돌연변이주 I, II, III은 각각 유전자에 하나씩 돌연변이가 일어난 상태인데 전부 ㉡을 합성하지 못했다. 따라서 ㉡이 R이다.

(용어 설명은 전 게시물을 참고하자 - 여러 전 기출들도 들어있으니 실전 개념을 적용하며 차례차례 풀어보장)

㉠을 첨가한 배지에서 R을 두 개의 배지에서 합성하는 것으로 보아 I이 유전자 c가 파괴되었음을, ㉠이 C임을 알 수 있다. 따라서 ㉢이 O이다.

실전개념 3 '선호 관계'에 의해 최소 배지(대조군)과 최소 배지 + C를 첨가한 배지에서는 ㉢(O) 합성 여부가 정확히 동일하게 나타나야 한다.

따라서 (가)는 O이고, III은 O 합성이 안되므로 유전자 a 파괴, 나머지 II는 유전자 b 파괴이다.

- ㄱ (가)는 O이다
 ㄴ 그렇다아
 ㄷ ㉡은 R이다.

<200616>

- renewal Topic 1 DNA 복제 (업로드 X)

사카프 + 복제 중인 염기 추론 문항 + 반보존적 복제 표 의 개념 상술 및 실전개념을 여기에 담기에는 볼륨이 커지니 6평 이후 renewal ver 으로 추가배포한다. 해당 부분이 부족하다고 느껴지면 **읽고 나서 다시 오자.**

<손글씨 해설>

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

○ (가)와 (나)는 복제 주형 가닥이고, 서로 상보적이다.
 ○ (나)는 29개의 염기로 구성되고, 염기 서열은 다음과 같다.
 ㉠과 ㉡은 각각 5' 말단과 3' 말단 중 하나이다.

$$\text{5} - \text{CTGACGAACAGACTTGAGGTCGCGACTGA} - \text{3}$$

○ I~III은 새로 합성된 가닥이고, II가 III보다 먼저 합성되었다.
 ○ II와 (나) 사이의 염기쌍의 수와 III과 (나) 사이의 염기쌍의 수의 합은 29이다.
 ○ II는 프라이머 X를, III은 프라이머 Y를 가진다.
 ○ X와 Y는 각각 4개의 염기로 구성되고, X와 Y 중 하나의 염기 서열은 5'-UCAG-3'이다.
 ○ II와 III 각각에서 디옥시리보스를 포함하는 뉴클레오타이드의 피리미딘 계열 염기의 개수는 7개이다.

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

<보 기>

ㄱ. ㉠은 5' 말단이다.
 ㄴ. X와 (나) 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 10개이다.
 ㄷ. III에서 $\frac{\text{아데닌(A) 개수} + \text{티민(T) 개수}}{\text{구아닌(G) 개수} + \text{사이토신(C) 개수}} = \frac{4}{9}$ 이다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄴ ⑤ ㄱ, ㄷ

<사고의 흐름>

5 - UCAG - 3은 'DNA 단일 가닥' (나)에 상보적이다 (굳이 원 문자나 미지칭 문자에 정확한 워딩을 하는 이유는 같이 문제를 풀어보면 알 것이다. 사소한 reading 습관 하나가 생2 문제 풀이 속도에 어떻게 영향을 주는지를 2중 가닥인지, 단일 가닥인지, RNA 프라이머인지 DNA 조각들인지 정확하게 붙여읽자)

따라서 주어진 (나) 가닥의 상보적인 곳에서 5 - UCAG - 3를 찾으면 (가운데 한번 / 양끝 한번 하면 바로 나올 수밖에 없는게 프라이머의 위치가 문제에서 결정되어있다 - 그래도 프라이머 찾는 스킬이 필요하다면 PCR 자료 - ㄷ자 / 도약 전도를 참고하자.)

손글씨 해설과 같다.

II와 III은 (나) 가닥과 상보적이므로, (상보적 가닥 / 유사 가닥 mind를 해당 유형 문제 푸는 과정에서 강조했었다) (나) 가닥의 퓨린계열 염기에 점을 찍어가며(161120번 / 190917 PCR 문제 풀이 참고 - 특히 계열 염기에 · 찍어가며 관찰) 관찰하면 프라이머 X의 위치가 귀결된다.

프라이머의 위치는 방향성을 결정하므로 (3' - OH기 제공) (잘 모르겠으면 같이 제시한 Renewal Topic 1 참고) 모든 가닥의 5번 말단, 3번 말단이 결정된다.

ㄱ 그렇다아
 ㄴ 단일 가닥에서 A+T 2개 / G+C 1개이므로 9개이다
 ㄷ A+T 4개 / G+C 9개 / U 1개이다. 아마 U를 DNA 단일가닥에서 세어서 5/9로 착각하게 하여 틀리게 하려는 평가원의 계략이 느껴지는데 맞지 말자. 그냥 DNA와 복제 중인 DNA의 '차이점'은 RNA 프라이머 이다.

ㄹ 보통 자연 가닥의 합성 순서를 단골로 질문하다가 출제되지 않았다. 자연 가닥의 합성은 선도 가닥의 합성 순서를 통해 판단하면 헛갈리지 않는다.

<200618>

- renewal Topic 유전자 발현 돌연변이 (업로드 X)

이걸 몇 줄 comment로 끝내주기를, 3시간짜리 특강 한번으로 끝내주기를 바라는 마인드는 너무 양아치다. 많은 문항을 통한 고민과 효율적인 몇 가지 Tip, 자료 정리 Schema를 통해 정확성을 기르자.

(한 줄 정리 - 코돈표를 효율적인 자료 정리방식으로 암기하고 논리 과정을 여러 문항들로 반복하자)

<손글씨 해설>

18. 다음은 어떤 진핵생물의 유전자 x와, x에서 돌연변이가 일어난 유전자 y, z의 발현에 대한 자료이다.

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

○ ㉠ x의 DNA 2중 가닥 중 전사 주형 가닥으로부터 합성된 X의 아미노산 서열은 다음과 같다. (가)와 (나)는 각각 세린과 아르지닌 중 하나이다.

메싸이오닌-발린-라이신-(가)-트레오닌-(나)-아이소류신-류신-글라이신
 AUG GU AAG CGU ACA UCA AUA CUU GG

○ y는 x에서 1개의 염기쌍이 결실되고, 다른 위치에 1개의 염기쌍이 삽입된 것이다. Y의 아미노산 서열은 다음과 같다.

메싸이오닌-발린-세린-발린-히스티딘-글루타민-㉡ 타이로신-발린-글라이신

○ z는 x에서 동일한 염기가 연속된 2개의 염기쌍이 결실되고, 다른 위치에 동일한 염기가 연속된 2개의 염기쌍이 삽입된 것이다. 결실된 염기와 삽입된 염기는 같다. Z를 구성하는 아미노산의 개수는 7개이며, Z의 네 번째 아미노산은 ㉢ 타이로신이다.

○ 표는 유전 암호의 일부를 나타낸 것이다.

코돈	아미노산	코돈	아미노산	코돈	아미노산	코돈	아미노산
UUA	류신	UCU	세린	CGU	아르지닌	UAA	종결 코돈
UUG		UCC		CGC		UAG	
CUU		UCA		CGA		UGA	
CUC		UCG		CGG		AUG	
CUA		AGU		AGA			
CUG	AGC	AGG	AGG				
GUU	발린	GCU	알라닌	ACU	트레오닌	GGU	글라이신
GUC		GCC		ACC		GGC	
GUA		GCA		ACA		GGA	
GUG		GCG		ACG		GGG	
CAU	히스티딘	AAU	아스파라진	AUU	아이소류신	UAU	타이로신
CAC		AAC		AUC		UAC	
CAA	글루타민	AAA	라이신	AUA			
CAG		AAG					

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, 제시된 돌연변이 이외의 핵산 염기 서열 변화는 고려하지 않는다.) [3점]

<보기>

ㄱ. ㉠과 ㉡를 암호화하는 코돈의 염기 서열은 같다.
 ㄴ. ㉠에서 류신을 암호화하는 부위의 5' 말단 염기는 구아닌(G)이다.
 ㄷ. Z의 다섯 번째 아미노산은 라이신이다.

- ㉠ ㄱ ㉡ ㄴ ㉢ ㄱ, ㄷ ㉣ ㄴ, ㄷ ㉤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

<사과의 흐름>

일단 x에서 모든 돌연변이가 일어나니 천재가 아닌 이상 x에 해당하는 코돈을 기록하는 것이 자명하다. 그러나 적는데 코돈표를 전부 보면서 기록한다면, 분명히 문제 풀이에서 1분 이상의 차이가 날 것이다.

메싸이오닌 하면 Met - M - 코돈으로는 AUG - 코드로는 TAC 모든 해당하는 사실을 알고 있어야 하며 다른 아미노산들도 마찬가지로야 (완벽하게 외우면 좋겠지만 완벽하지 않더라도 노력은 하자.

TCA 6개 유기산들은 다 외우면서 20개 아미노산 얼마나 걸린다고ㅎㅎ

M-V-K-(가)-T-(나)-I-L-G를 코돈으로 적으면 손글씨해설과 같다.

y에서 K-.....-L 부분이 V-.....-V 부분으로 대체되었다. 삽입-결실 돌연변이는 염기가 한 개씩 밀려 모든 서열에 영향을 끼치므로, V-K / I-L 부분에서 삽입 or 결실 돌연변이가 일어났고 나머지 서열에서는 돌연변이가 일어나지 않았음을 알 수 있다(y의 경우).

V의 코돈이 GU_ 임은 schema이다. 코돈표를 보면 분명히 생각하는 과정에서 delay가 있을거다. 없을 수도 있으나 나는 그렇더라. 하트 I-L이 Y-V (UA피 GU_)가 되려면 I의 세 번째 염기가 A이고, G가 삽입되었음이 자명하다.

따라서 나머지 서열에서는 돌연변이가 일어나지 않았으므로(V-K 제외) y의 4번째 V까지는 상황에 맞게 딱딱 채워주면 되당.

S는 AG피 or UC_이다. 따라서 X의 세 번째 아미노산 K가 AAG로 결정되고(y에서 세린의 두 번째 염기는 G or C여야 하므로) 결실되는 염기의 후보는 X의 두 번째 아미노산 V의 세 번째 염기 ㉠, 세 번째 아미노산 S의 첫 번째 염기 A ㉡, 두 번째 염기 A ㉢이다.

Z에서 동일한 염기 2개가 삽입되고 결실되어야 하는데 나는 주어진 X 코돈들에서 결실 후보가 왼쪽에서부터 차례대로 AA ㉠, AA ㉡, UU ㉢이 파악되었다.

이 때, 주어진 조건이 Z의 네 번째 아미노산은 Y이다인데, 네 번째 아미노산 전에 아무리 삽입을 해보아도 UA피(Y)를 만들어낼 재간이 없다. 따라서 네 번째 아미노산 전에 결실이 일어나야하고, AA ㉠가 빠져야 한다. 빠지면 4번째에서 타이로신이 등장하고, 아미노산의 개수가 7개가 되려면 Z의 7번째 아미노산 T가 생성된 직후 종결 코돈이 생성되어야 한다. 따라서 X의 8번째 아미노산 L의 3번째 염기는 U로 귀결된다. U 직후에 결실이 일어났던 두 개의 동일한 염기 AA를 넣어주면 자료 해석이 끝난다.

- ㄱ UAC로 동일하다.
 ㄴ 전사 주형 가닥에서는 U의 상보적인 염기 A일 것이다
 ㄷ Z의 5번째 아미노산은 코돈 AUC에 해당하는 I(아이소류신)이다.

