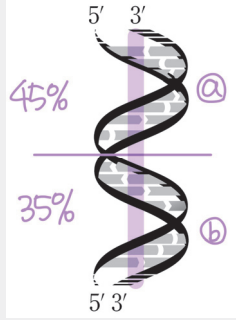


Mind setting

비율 vs 정량값



①+②의 G+C 염기 개수는
 $800 \times 45\% + 800 \times 35\%$
 $= 800 \times 80\%$
 $= 640(\text{개})$

①+②의 염기 개수는
 1600개이므로

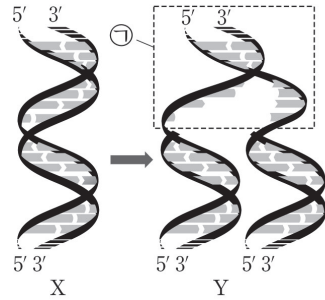
①+②의 A+T 염기 개수는
 $1600 - 640$
 $= 960(\text{개})$

$$\frac{960}{640} = \frac{1600 \times 60\%}{1600 \times 40\%} \text{ vs } \frac{60}{40}$$

비율을 우선으로 생각하고, 필요할 때 정량값을 도출하자고 1권에서 충분한 예시 문항과 함께 서술한 바 있다.

[수리적 문항 - 공통]

Mind 1 비율 우선... 필요하면 정량값



- Y를 구성하는 뉴클레오타이드는 모두 2400개이다.
- Y에서 새로 합성된 DNA 가닥의 G+C 함량은 35%이고, Y에서 복제되지 않은 부분 ㉠의 G+C 함량은 45%이다.

15학년도 수능

㉠. X에서 $\frac{A+T}{G+C} = 1.5$ 이다. (단, Y는 X가 50% 복제되었을 때 DNA이다.)

해당 선지에 대해, 시중의 해설지는

GC 함량을 활용하여 G+C의 정확한 개수(640개)를 구한 후

전체 염기 개수가 1600개이므로 A+T의 정확한 개수는 960개임을 도출한 후

나눈 값이 1.5이므로 옳다고 해설한다.

잘못된 해설은 아니나 준킬러 문항은 철저히 정확성과 속도에 초점이 맞춰져야 한다.

1권에서 다음과 같이 서술한 바 있다.

“X의 GC 함량은 35%와 45%의 1 : 1 내분점인 40%이고 GC 함량이 40%이므로 맞다”

위 내용이 당연하게 여겨지고 추후 비례상수를 활용하는 문항이 등장했을 때

즉각적으로 문항을 해결할 수 있기를 바라며 1권부터 본 내용에 대해 꼭 서술해 온 바 있다.

[∴ 1권 Mind]

출간 기준 가장 최근 평가원 문항은 21학년도 6, 9월 평가원 문항이다.

다음 페이지 문항에 적용하여 해제해보자.

Mind setting

Mind 2 자연수의 적절한 활용

- I과 II를 구성하는 개체수는 같고, I과 II 중 한 집단만 하디-바인베르크 평형이 유지되는 집단이다.
- P의 몸 색은 상염색체에 있는 검은색 몸 대립 유전자 A와 회색 몸 대립 유전자 A*에 의해 결정되며, A와 A* 사이의 우열 관계는 분명하다.
- 유전자형이 AA인 개체들과 AA*인 개체들을 합쳐서 A의 빈도를 구하면 I에서 $\frac{5}{8}$ 이고, II에서 $\frac{5}{9}$ 이다.
- 검은색 몸 개체수는 I에서가 II에서의 2 배이다.
- $\frac{\text{I에서 검은색 몸 개체수}}{\text{II에서 회색 몸 개체수}} = \frac{1}{12}$ 이다.

20학년도 9평

비례상수의 설정

처음에 비례상수를 자연수로 설정하더라도, 풀이 과정에서 소수나 분수가 등장할 수 있다.

다만 처음에는 자연수를 활용하는 게 유리하며 해당 교재로 경험이 쌓이다보면 자연수로만 논리를 이끌어 나갈 수 있게 비례상수를 설정하는 직관이 생길 것이다.

[구하는 것] I과 II 중 하디-바인베르크 평형이 유지되는 집단에서 유전자형이 AA*인 암컷이 임의의 회색 몸 수컷과 교배하여 자손(F₁)을 낳을 때, 이 F₁이 회색 몸일 확률은?

두 개 이상의 대상들의 비례 관계를 나타내는 적절한 상수를 “비례상수”라고 정의하자.

예를 들어 멘델 집단에서 AA의 개체수 : AA*의 개체수 = 0.5 : 4 라고 한다면 A와 B의 개체수를 나타낼 수 있는 비례상수는 다음과 같다.

| | 비례상수 | |
|-------|---------|----------|
| | AA의 개체수 | AA*의 개체수 |
| Set 1 | 0.5 | 4 |
| Set 2 | 1 | 8 |
| Set 3 | 2 | 16 |

비율 우선 그리고 정량값

결국 Mind 1로 회귀된다.

Mind 2의 핵심은 비례관계를 적절한 자연수로 표현하는 게 유리하다는 데에 있다.

Set 1~3 중 어떠한 Set가 유리할지는 주어진 상황에 따라 다르며 일반적으로는 상황을 자연수로 나타내는 게 풀이 과정에서 유리할 가능성이 높다.

비례상수를 정량값으로 매개하는 특정 상수를 “곱상수”라고 정의하자.

예를 들어 위와 같은 상황에서 AA*의 개체수가 800임을 알아냈다면 주어진 상황은 다음과 같이 정리된다.

Mind setting

유전의 기본 내용

개체군의 유전 부분에 필수적인 내용은 서술되어 있다.

곱상수의 특징

곱상수는 변하지만, 두 대상 간 관계는 변하지 않는다

$$\frac{a}{2} : a = a : 2a = 1 : 2$$

[해제]

평가원 시험에서 개체군의 유전 문항은 기본적인 생명과학 1의 내용은 인지하고 있다는 전제 하에 문항이 출제된다.

“동물 중 P”의 유전이고 동물의 핵상은 2n이기 때문에 생명과학2에서 제시하는 내용이 아닐지라도

(순종) AA 개체수 × 2 = 대립 유전자 A 개수
(잡종) AA* 개체수 × 1 = 대립 유전자 A 개수 = 대립 유전자 A' 개수

라는 사실은 인지하고 있어야 한다는 것이다.

(+ 그 외에도 통합과학 내용인 **우열의 원리, 분리의 법칙, 독립의 법칙**이나 생명과학 1 내용인 **대립 유전자의 개념, 유전자형, 표현형** 등의 **유전에 대한 기본적인 내용은 알고 있어야** 진행이 가능하다.)

이를 바탕으로 문제에서 적절히 비례상수를 설정할 수 있다. 이때, 비례상수를 설정할 때 작은 단위에서부터 설정하는 게 편리하다고 언급한 바 있다.

“(순종) 순종 개체수 × 2 = 대립 유전자 개수“

이 식에서 대립 유전자의 개수를 비례상수 a로 잡으면 개체수의 개수에 해당하는 비례상수가 $\frac{a}{2}$ 로 분수가 되어 자연수로 설정되지 않는다. 하지만 순종 개체수를 a로 잡으면 대립 유전자의 개수가 2a가 된다.

두 대상의 관계가 변하지 않는다면
당연히 계산(or 관찰)이 용이한 방향으로 비례상수를 설정하는게 당연하다.

이와 같은 논리로 순종 개체의 유전자형과 잡종 개체의 유전자형 중 개체수의 비례상수를 할당할 때에도 **잡종의 유전자형에 비례상수를 먼저 할당하는 게 유리하다.**

이는 순종과 잡종의 개체수가 같다는 전제 하에 잡종 개체에서 대립 유전자를 나타내는 비례상수를 1이라고 하면 순종 개체에서 대립 유전자를 나타내는 비례상수는 2가 되어 계산이 더 용이해지기 때문이다.

문제로 가자.

Common Sense

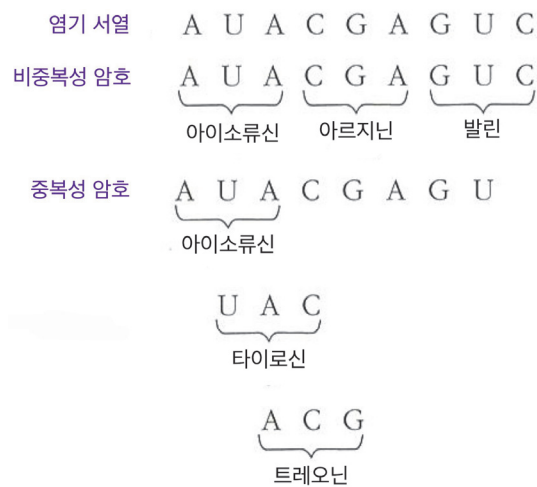
: 코돈의 성질

유전 부호의 기본 단위, 다시 말해서 **하나의 아미노산을 암호화하고 있는 염기 세트를 코돈**이라고 한다.

이러한 코돈에는 다음과 같은 성질이 존재한다.

① 비중복성

각 뉴클레오타이드는 하나의 코돈에만 포함된다.



② 중첩성

하나의 아미노산이 하나 이상의 코돈에 의해 지정된다

[코돈표]

| | | | |
|-----------|----------|------------|-----------|
| 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 아르지닌 |
| 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 |

③ 명확성

한 개의 코돈은 하나의 아미노산만 지정한다.

⑤ 유전자 돌연변이

코돈 추론형
Schema 1

코돈표

최근에 출제되는 문항은
코돈표를 “① 효율적으로 ② 암기”했을 때, 논리적으로 해결하기 쉽게 출제된다.

다음은 평가원 문항 자료의 일부이다.

[20 수능] Z는 6종류의 아미노산으로 구성되고, 4번째 아미노산은 트립토판이다.

[20 9평] X는 6종류의 아미노산으로 구성되고, X의 3번째 아미노산은 아스파르트산, 5번째 아미노산은 아르지닌이다.

[19 수능] X는 서로 다른 8개의 아미노산으로 구성된다.

머리 속에 등장했던 아미노산의 종류를 기억하는 일은 쉬운 일이 아니다.
할 수 있는 영역이긴 하나 도출하는 데 있어 시간이 더 걸릴뿐더러
“n번째 아미노산”이라는 표현에서 알 수 있듯이 아미노산의 순서도 질문하기에

“폴리펩타이드의 아미노산 구성을 효율적으로 정리할 수 있는 방법”이 필요하다.

시간이 충분하다면
메싸이오닌 - 아스파르트산 - 아스파라진 - 아르지닌 - 류신 - 글루탐산 - 글루타민

이렇게 주어진 폴리펩타이드 서열을 기입할 수 있겠지만
이는 시간 효율의 측면에서나, 정확성의 측면에서 부적합하다.

따라서 다음을 제안하는 바이다.

앞글자의 유사성

한글로 적어나가기에는 ‘아스파르트산 vs 아스파라진’ 이 나 ‘글루탐산 vs 글루타민’ 과 같이 비슷한 앞 글자를 지닌 아미노산이 존재해 바람직하지 않다.

코돈 추론형
Schema 1

코돈표

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

한 번에 완벽하게 외우려 하지 않아도 된다
오른쪽 근거를 한번 숙지한 후, 교재 내에서 계속 접하다 보면 숙달될 것이다.

아미노산과 약어 대응

① 왼쪽 두 줄

| | |
|-----------|----------|
| UUU 페닐알라닌 | UCU 세린 |
| UUC 류신 | UCC 세린 |
| UUA 류신 | UCA 세린 |
| UUG 류신 | UCG 세린 |
| CUU 류신 | CCU 프롤린 |
| CUC 류신 | CCC 프롤린 |
| CUA 류신 | CCA 프롤린 |
| CUG 류신 | CCG 프롤린 |
| AUU 아이소류신 | ACU 트레오닌 |
| AUC 아이소류신 | ACC 트레오닌 |
| AUA 아이소류신 | ACA 트레오닌 |
| AUG 메싸이오닌 | ACG 트레오닌 |
| GUU 발린 | GCU 알라닌 |
| GUC 발린 | GCC 알라닌 |
| GUA 발린 | GCA 알라닌 |
| GUG 발린 | GCG 알라닌 |

[예제 1 - 빈칸 채우기]

| 명칭 | 약어 |
|-------|----|
| 알라닌 | |
| 아이소류신 | |
| 류신 | |
| 메싸이오닌 | |
| 페닐알라닌 | |
| 프롤린 | |
| 세린 | |
| 트레오닌 | |
| 발린 | |

발음의 첫 글자를 따서 명명되었으니 발음으로 암기하자.

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 |

3자 약어 vs 1자 약어

학계에서는 3자로 구성된 약어가 더 보편적으로 사용되기에 3자 약어가 더 익숙하다면 3자 약어로 해제해도 무방하다.

다만 우리는 대학 과정 시험이 아닌 생명과학 수능(내신)이 목표이기에 가급적 1자 약어를 암기하기를 권유한다.

1자 약어가 아미노산 서열을 기록하고 후보를 압축하는 데 있어 조금 더 편리하기 때문이다.

예제 1 정답

차례대로
A, I, L, M, F, P, S, T, V

⑤ 유전자 돌연변이

유전자 돌연변이 서술 방식
 교육과정 내에서 돌연변이를 세부적으로 가르치지 않아 유전학 내용과 평가원에서 기출된 내용을 바탕으로 서술하였다.

세린(S, Ser)
 세린의 경우, 코돈 중 유일하게 코돈의 두 번째 염기가 2종류이다.

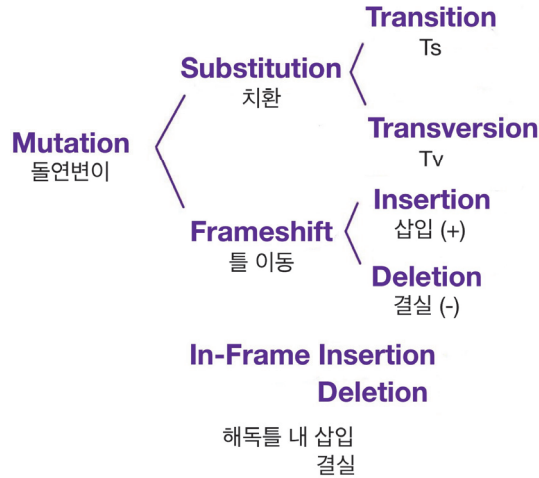
코돈 추론형
 Schema 4

유전자 돌연변이

생명과학 II에서 출제되는 유전자 돌연변이는 크게 다음 세 가지로 나뉜다.

“염기 치환, 염기 삽입, 염기 결실”

그리고 이를 세부적으로 파악하면 다음과 같다.



[Substitution : 치환]

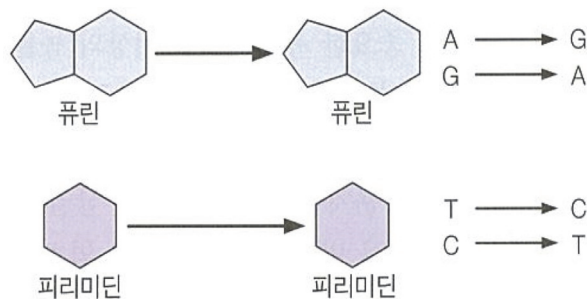
① Transition mutation (Ts)

염기 치환 돌연변이 중 (고리의 개수 기준) 같은 계열의 염기로 치환되는 돌연변이이다.
 (大→大 or 小→小)

세린을 암호화하는 코돈을 제외하고 코돈에서 중첩성이 나타나게 하는 염기는 첫 번째 염기와 세 번째 염기이다. 그중 세 번째 염기가 변동성이 좀 더 강하다.

(이는 염기가 치환되어도 같은 아미노산을 암호화할 수 있음을 의미한다.)
 (첫 번째 염기의 경우 아르지닌과 류신의 경우만 해당된다.)

코돈의 세 번째 염기에 Ts가 일어날 경우 짝수 개의 코돈이 1개의 아미노산을 지정할 때 아미노산에 변화가 일어나지 않는다.

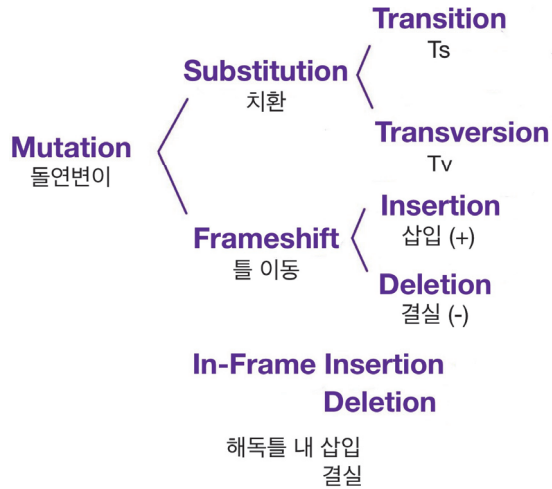


⑤ 유전자 돌연변이

코돈 추론형
Schema 5

아미노산 (개수, 유무, 종류, 그리고 순서)

① 아미노산의 개수



각각의 경우에서 어떻게 아미노산의 개수가 변하는지 살펴보자.

①-⑥ Frameshift 돌연변이

아미노산 개수는 증가하거나, 감소하거나, 일정하다.
따라서 3가지 경우로 분류할 수 있다.

★ ①-⑥-(3) 아미노산 개수 일정

앞서 단백질 암호화 부위에서 치환 돌연변이가 일어날 경우 번역틀의 위치가 변하지 않아 아미노산 개수가 일정한 경우를 공부했다.

이와 비슷하게 단백질 암호화 부위에서 **n개의 염기가 삽입되고, n개의 염기가 결실**되면 종결 코돈을 암호화하는 염기 서열 부위가 그대로 유지되어 아미노산 개수가 동일하다.

또한 **3k±1개의 염기가 삽입 또는 결실**되었는데 **변형된 번역틀 내에 새로운 종결 코돈**을 암호화하는 부위가 존재한다면 아미노산 개수가 일정할 수 있다.

다음 사실은 자주 기출되었고 유용하게 활용되니 논리를 정확히 이해한 후 활용하자.

[전제]

- ① 유전자 내에서 염기 +n 돌연변이와 염기 -n 돌연변이가 모두 일어남
- ② 대조군과 실험군의 아미노산 개수가 동일한 상황
- ③ 다른 돌연변이는 일어나지 않았다 (≙ 돌연변이와 후보군이 1 : 1 대응)

⇒ 종결 코돈을 암호화하는 염기 서열 부위가 동일하다.

⇒ 정방향 번역과 역방향 번역이 가능하다.

⇒ 돌연변이 후보군이 압축되고, 압축된 부위를 제외한 염기 서열이 암호화하는 아미노산은 변하지 않는다. 그에 따라 변형된 번역틀이 결정되고, 돌연변이 후보가 더욱 압축된다.

종결 코돈의 염기 서열

종결 코돈을 암호화하는 서열에 돌연변이가 일어나 염기 서열 자체는 UGA와 UAG와 같이 다를 수 있으나 종결되는 위치는 동일하다.