

하디-바인베르크 법칙

19. 다음은 동물 종 P의 두 집단 I과 II에 대한 자료이다.

- I과 II는 각각 하디·바인베르크 평형이 유지되며, I과 II의 개체 수는 같다.
- P의 몸 색은 상염색체에 있는 검은색 몸 대립유전자 A와 회색 몸 대립유전자 a에 의해 결정되며, A는 a에 대해 완전 우성이다.
- I에서 ㉠을 가진 개체들을 합쳐서 구한 ㉠의 빈도는 $\frac{3}{8}$ 이다. ㉠과 ㉡은 A와 a를 순서 없이 나타낸 것이다.
- II에서 유전자형이 Aa인 개체를 제외하고 구한 ㉠의 빈도는 $\frac{1}{17}$ 이다.
- $\frac{\text{I에서 유전자형이 Aa인 개체 수}}{\text{II에서 검은색 몸 개체 수}} = \frac{4}{3}$ 이다.

이에 대한 옳은 설명만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, I과 II에서 각각 암컷과 수컷의 개체 수는 같다.) [3점]

< 보기 >

- ㄱ. ㉠은 A이다.
- ㄴ. I에서 $\frac{\text{회색 몸 개체 수}}{\text{검은색 몸 대립유전자 수}} = \frac{2}{15}$ 이다.
- ㄷ. II에서 유전자형이 Aa인 암컷이 임의의 수컷과 교배하여 자손(F₁)을 낳을 때, 이 F₁이 검은색 몸일 확률은 $\frac{3}{5}$ 이다.

① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄴ ⑤ ㄴ, ㄷ

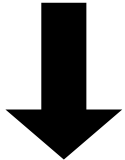
검은색 몸 대립유전자 > 회색 몸 대립유전자
A > a

선지 가정 규칙

ㄱ 선지에서 ㉠이 A라고 했는데...
ㄱ이 있는 선지가 두 개, ㄱ이 없는 선지가 세 개

ㄱ이 틀렸다고 생각해보고
㉠이 a라고 가정해보자

유전자 빈도



개체 빈도

표 그려서 집단 I 구하기

유전자	A	a
I에서의 빈도	p	q

유전자형	AA	Aa	aa
I에서의 빈도	p ²	2pq	q ²

(a를 가진 집단에서 A의 빈도)
 $= \frac{p}{1+p} = \frac{3}{8}, \therefore p = 0.6$
 * (a를 가진 집단에서 a의 빈도)
 $= \frac{1}{1+p}$

유전자	A	a
I에서의 빈도	0.6	0.4

유전자형	AA	Aa	aa
I에서의 빈도	0.36	0.48	0.16

하디-바인베르크 법칙

19. 다음은 동물 종 P의 두 집단 I과 II에 대한 자료이다.

- I과 II는 각각 하디·바인베르크 평형이 유지되며, I과 II의 개체 수는 같다.
- P의 몸 색은 상염색체에 있는 검은색 몸 대립유전자 A와 회색 몸 대립유전자 a에 의해 결정되며, A는 a에 대해 완전 우성이다.
- I에서 ㉠을 가진 개체들을 합쳐서 구한 ㉡의 빈도는 $\frac{3}{8}$ 이다. ㉠과 ㉡은 A와 a를 순서 없이 나타낸 것이다.
- II에서 유전자형이 Aa인 개체를 제외하고 구한 ㉢의 빈도는 $\frac{1}{17}$ 이다.
- $\frac{\text{I에서 유전자형이 Aa인 개체 수}}{\text{II에서 검은색 몸 개체 수}} = \frac{4}{3}$ 이다.

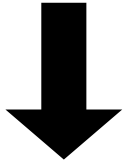
이에 대한 옳은 설명만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, I과 II에서 각각 암컷과 수컷의 개체 수는 같다.) [3점]

< 보기 >

- ㄱ. ㉠은 A이다.
- ㄴ. I에서 $\frac{\text{회색 몸 개체 수}}{\text{검은색 몸 대립유전자 수}} = \frac{2}{15}$ 이다.
- ㄷ. II에서 유전자형이 Aa인 암컷이 임의의 수컷과 교배하여 자손(F₁)을 낳을 때, 이 F₁이 검은색 몸일 확률은 $\frac{3}{5}$ 이다.

① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄴ ⑤ ㄴ, ㄷ

유전자 빈도



개체 빈도

표 그려서

집단 II 구하기

검증하기

I에서 유전자형이 Aa인 개체 수
0.48

II에서 검은색 몸 개체 수
0.36

처음 한 가정이 모순 없음

유전자	A	a
II에서의 빈도	p	q

유전자형	AA	Aa	aa
II에서의 빈도	p^2	$2pq$	q^2

(Aa를 제외하고 구한 A의 빈도)

$$= \frac{p^2}{p^2 + q^2} = \frac{1}{17}, p \text{와 } q \text{가 } 1:4 \text{ 비율}$$

$$\therefore p = 0.2, q = 0.8$$

유전자	A	a
II에서의 빈도	0.2	0.8

유전자형	AA	Aa	aa
II에서의 빈도	0.04	0.32	0.64

하디-바인베르크 법칙

19. 다음은 동물 종 P의 두 집단 I과 II에 대한 자료이다.

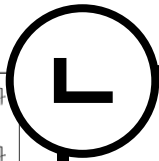
- I과 II는 각각 하디·바인베르크 평형이 유지되며, I과 II의 개체 수는 같다.
- P의 몸 색은 상염색체에 있는 검은색 몸 대립유전자 A와 회색 몸 대립유전자 a에 의해 결정되며, A는 a에 대해 완전 우성이다.
- I에서 ㉠을 가진 개체들을 합쳐서 구한 ㉡의 빈도는 $\frac{3}{8}$ 이다. ㉢과 ㉣은 A와 a를 순서 없이 나타낸 것이다.
- II에서 유전자형이 Aa인 개체를 제외하고 구한 ㉡의 빈도는 $\frac{1}{17}$ 이다.
- $\frac{\text{I에서 유전자형이 Aa인 개체 수}}{\text{II에서 검은색 몸 개체 수}} = \frac{4}{3}$ 이다.

이에 대한 옳은 설명만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, I과 II에서 각각 암컷과 수컷의 개체 수는 같다.) [3점]

< 보기 >

- ㄱ. ㉡은 A이다.
- ㄴ. I에서 $\frac{\text{회색 몸 개체 수}}{\text{검은색 몸 대립유전자 수}} = \frac{2}{15}$ 이다.
- ㄷ. II에서 유전자형이 Aa인 암컷이 임의의 수컷과 교배하여 자손(F₁)을 낳을 때, 이 F₁이 검은색 몸일 확률은 $\frac{3}{5}$ 이다.

① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄴ ⑤ ㄴ, ㄷ

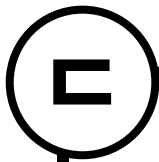


I에서 회색 몸 개체 수
0.16

II에서 검은색 몸 대립유전자 수
A빈도 0.6에 2곱하면
1.20

$$\frac{\text{회색 몸 개체 수}}{\text{검은색 몸 대립유전자 수}} = \frac{2}{15} \text{이다.}$$

여집합 활용



검은색 몸이 나올 확률은
I에서 회색 몸이 나올 확률을 빼면 된다

회색 몸 aa가 나올 확률

Aa와 AA가 만나서 aa가 나올 확률 0.00

Aa와 Aa가 만나서 aa가 나올 확률 0.08

Aa와 aa가 만나서 aa가 나올 확률 0.32

회색 몸이 나올 확률 0.4

검은색 몸이 나올 확률 0.6

DNA 간단한 복제추론

9. 다음은 이중 가닥 DNA X와 mRNA Y에 대한 자료이다.

- 그림은 서로 상보적인 단일 가닥 I과 II로 구성된 X를 나타낸 것이다. X는 6개의 염기쌍으로 구성되고 ㉠~㉢은 아데닌(A), 사이토신(C), 구아닌(G), 타이민(T)을 순서 없이 나타낸 것이다. 염기 사이의 수소 결합은 표시하지 않았다.
- X에서 염기 간 수소 결합의 총개수는 14개이다.
- I에서 ㉡ = 3이다.
- I과 II 중 하나로부터 Y가 전사되었고, 염기 개수는 X가 Y의 2배이다. Y의 3' 말단 염기는 C이다.

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

- < 보 기 >
- ㄱ. ㉡은 사이토신(C)이다.
 - ㄴ. X에서 ㉡의 개수는 2개이다.
 - ㄷ. Y는 I로부터 전사되었다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄱ, ㄷ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

염기 수 6개
수소 결합 수 14개

A+T/G+C = 4/2

㉠과 ㉡이 퓨린 계열
둘 중 하나가 A 또는 G

I에서 ㉢과 ㉣의 비율이 3:1
두 개수는 자연수일 수 밖에 없다
전체 염기수가 6개이므로 3개, 1개

G+C가 총 2개이니...
염기 수가 3개 ㉡이 G일 수는 없고
㉢은 A, I에서 3개

㉣ C ㉠ G
㉡ A ㉢ T

I에서 A/T/G/C = 3/1/1/1
II에서 A/T/G/C = 1/3/1/1

DNA 간단한 복제추론

9. 다음은 이중 가닥 DNA X와 mRNA Y에 대한 자료이다.

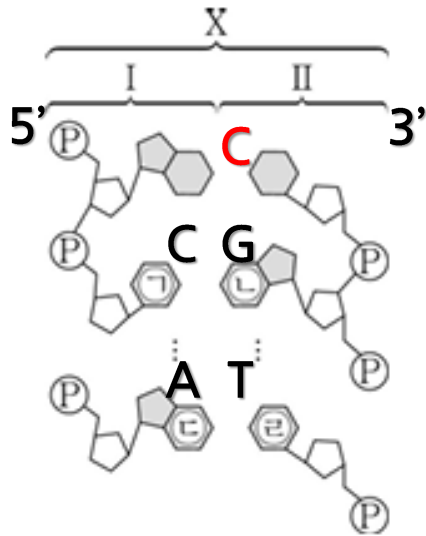
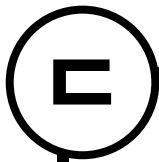
- 그림은 서로 상보적인 단일 가닥 I과 II로 구성된 X를 나타낸 것이다. X는 6개의 염기쌍으로 구성되고 ㉠~㉢은 아데닌(A), 사이토신(C), 구아닌(G), 타이민(T)을 순서 없이 나타낸 것이다. 염기 사이의 수소 결합은 표시하지 않았다.
- X에서 염기 간 수소 결합의 총개수는 14개이다.
- I에서 $\frac{\text{㉡}}{\text{㉠}} = 3$ 이다.

○ I과 II 중 하나로부터 Y가 전사되었고, 염기 개수는 X가 Y의 2배이다. Y의 3' 말단 염기는 C이다.

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

- < 보 기 >
- ㄱ. ㉠은 사이토신(C)이다.
 - ㄴ. X에서 ㉡의 개수는 2개이다.
 - ㄷ. Y는 I로부터 전사되었다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄱ, ㄷ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ



I, II C가 1개 있는데
I에서는 3' 말단이 아닌 곳에 C가 있기 때문에
II에서 3' 말단인 곳에 C가 있다고 할 수밖에...
II 3' 말단에 C가 있으므로
Y에 대해 II는 비주형가닥

DNA 복잡한 복제추론

16. 다음은 어떤 세포에서 복제 중인 이중 가닥 DNA에 대한 자료이다.

- 이중 가닥 DNA를 구성하는 단일 가닥 I과 II는 각각 30개의 염기로 구성되며, 서로 상보적이다. I을 주형으로 하여 선도 가닥 ㉔가 합성되었고, II를 주형으로 하여 지연 가닥이 합성되는 과정에서 가닥 ㉕~㉗가 합성되었다.
- ㉔는 30개의 염기로 구성되며, ㉕~㉗의 염기 개수의 합은 30이다. ㉕~㉗ 중 ㉖가 가장 적은 수의 염기로 구성되며, ㉕는 ㉖보다 먼저 합성되었다.
- ㉔는 프라이머 X를, ㉕~㉗는 모두 프라이머 Y를 가지며, X와 Y는 각각 4개의 염기로 구성된다.
- II와 Y 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 9개이다.
- I과 II 중 한 가닥의 염기 서열은 다음과 같다. ㉑~㉓은 아데닌(A), 사이토신(C), 구아닌(G), 타이민(T)을 순서 없이 나타낸 것이다.

3'-㉑㉒㉓㉔ACACCCTGTATAACTGTGGTAT㉕㉖㉗-5'

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

- < 보 기 >
- ㄱ. X의 염기 서열은 5'-CCUC-3'이다.
 - ㄴ. ㉕가 ㉖보다 먼저 합성되었다.
 - ㄷ. 풀린 계열 염기 개수는 ㉕가 ㉖보다 적다.

① ㄱ ② ㄴ ③ ㄱ, ㄷ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

주형가닥, 비주형가닥 쓰기

3' - ^ v n v ACACCCTGTATAACTGTGGTATU v UU - 5'
 5' - 0000TGTGGGACATATTGACACCATA0000 - 3'

이 문제의 특이한 점 →

주형가닥의 프라이머 X
 지연가닥의 프라이머 Y
지연가닥 절편이 3개
지연가닥 프라이머가 모두 동일

지연가닥의 프라이머
 염기 수 4개, 수소 결합 수 9개

$$A+T/G+C = 3/1$$

DNA 복잡한 복제추론

16. 다음은 어떤 세포에서 복제 중인 이중 가닥 DNA에 대한 자료이다.

- 이중 가닥 DNA를 구성하는 단일 가닥 I과 II는 각각 30개의 염기로 구성되며, 서로 상보적이다. I을 주형으로 하여 선도 가닥 ㉔가 합성되었고, II를 주형으로 하여 지연 가닥이 합성되는 과정에서 가닥 ㉓~㉕가 합성되었다.
- ㉔는 30개의 염기로 구성되며, ㉓~㉕의 염기 개수의 합은 30이다. ㉓~㉕ 중 ㉔가 가장 적은 수의 염기로 구성되며, ㉓는 ㉔보다 먼저 합성되었다.
- ㉔는 프라이머 X를, ㉓~㉕는 모두 프라이머 Y를 가지며, X와 Y는 각각 4개의 염기로 구성된다.
- II와 Y 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 9개이다.
- I과 II 중 한 가닥의 염기 서열은 다음과 같다. ㉑~㉒은 아데닌(A), 사이토신(C), 구아닌(G), 타이민(T)을 순서 없이 나타낸 것이다.
3'-㉑㉒㉓㉔㉕ACACCCTGTATAACTGTGGTAT㉖㉗㉘㉙-5'

㉑

프라이머 X 5'-CCUC-3'
프라이머 Y 5'-CAUA-3'

이에 대한 옳은 설명만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, 둘연변이는 고려하지 않는다.) [3점]

- < 보기 >
- ㄱ. X의 염기 서열은 5'-CCUC-3'이다.
 - ㄴ. ㉔가 ㉕보다 먼저 합성되었다.
 - ㄷ. 퓨린 계열 염기 개수는 ㉔가 ㉕보다 적다.

① ㄱ ② ㄴ ③ ㄱ, ㄷ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

프라이머 X

3' - GTATACACCCTGTATAACTGTGGTATCUCC - 5'

5' - CAUATGTGGGACAUATTGACACCAUAGAGG - 3'

프라이머 Y 프라이머 Y 프라이머 Y

㉔
㉓
㉒

㉑

㉔에서 퓨린 계열 A+G는 5개
 ㉓에서 퓨린 계열 A+G는 7개
 ㉔에서가 ㉓에서보다 더 많다

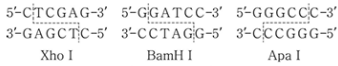
제한효소로 DNA 자르기

II. 다음은 이중 가닥 DNA X와 제한 효소에 대한 자료이다.

- X는 27개의 염기쌍으로 이루어져 있고, X 중 한 가닥의 염기 서열은 다음과 같다. ㉠은 8개의 염기로, ㉡은 10개의 염기로 구성되어 있다.



- 그림은 제한 효소 Xho I, BamH I, Apa I 이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.



[: 절단 위치]

- X를 시험관 I ~ IV에 넣고 제한 효소를 첨가하여 완전히 자른 결과 생성된 DNA 조각 수와 각 DNA 조각의 염기 수는 표와 같으며, IV에 첨가한 제한 효소는 Xho I, BamH I, Apa I 중 2가지이다.

시험관	I	II	III	IV
첨가한 제한 효소	Xho I	BamH I	Apa I	?
생성된 DNA 조각 수	3	2	2	3
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	12, 20, 22	12, 42	22, 32	?

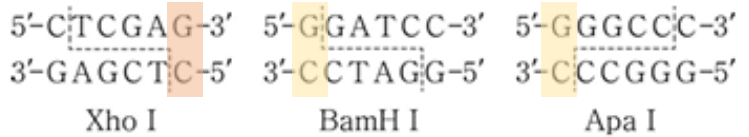
이에 대한 옳은 설명만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? [3점]

< 보 기 >

- ㄱ. ㉠의 3' 말단 염기는 사이토신(C)이다.
- ㄴ. ㉡에는 Apa I 이 인식하는 염기 서열이 포함된다.
- ㄷ. IV에서 염기 개수가 20개인 DNA 조각이 생성된다.

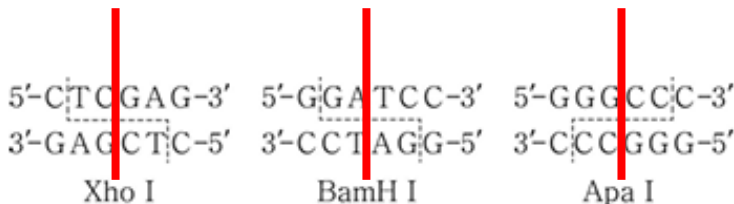
① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄴ ⑤ ㄴ, ㄷ

DNA에서 미지의 부분 바로 앞뒤 절단 제시 부분 앞뒤 말단 잘 맞춰 주목하기



[: 절단 위치]

같은 색 칠한 부분이 맞닿는 후보



[: 절단 위치]

숫자 세기 편하게 이렇게 자르는 것으로 생각!

제한효소로 DNA 자르기

노란색 부분

5'-TCTG Ⓜ A Ⓜ GTCT-3'

5'-C|TCGAG-3' 5'-G|GATCC-3' 5'-G|GGCC|C-3'
 3'-GAGCT|C-5' 3'-C|CTAG|G-5' 3'-C|CCGGG-5'

Xho I

BamH I

Apa I

⋮ 절단 위치

II
BamH I
2
12, 42

BamH I

5' - TCTG(GATCC
 3' - ...

BamH I 절편 12개 생성
 12개, 42개 존재하므로 만족

III
Apa I
2
22, 32

Apa I

5' - TCTG(GGCC|C
 3' - ...

Apa I 절편 12개 생성
 22개, 32개 존재하므로 모순

제한효소로 DNA 자르기

BamH I 뒤에 Xho I이 와야

마침 BamH I 끝부분과 Xho I 앞부분이 C로 같네?

5'-TCTG [Ⓣ] A [Ⓛ] GTCT-3'

5'-C|TCGAG-3' 5'-G|GATCC-3' 5'-GGGCC|C-3'
 3'-GAGCT|C-5' 3'-CCTAG|G-5' 3'-C|CCGGG-5'

Xho I BamH I Apa I

[∴ 절단 위치]

5' - TCTG(GATCCTCG)A(G
 3' - ... | |

BamH I 절편 12개 생성
 Xho I 절편 22개 생성

붉은색 부분

I
Xho I
3
12, 20, 22

5'-TCTG [Ⓣ] A [Ⓛ] **G**GTCT-3'

5'-C|TCGAG**G**-3' 5'-G|GATCC-3' 5'-GGGCC|C-3'
 3'-GAGCT|C**C**-5' 3'-CCTAG|G-5' 3'-C|CCGGG-5'

Xho I BamH I Apa I

[∴ 절단 위치]

Xho I

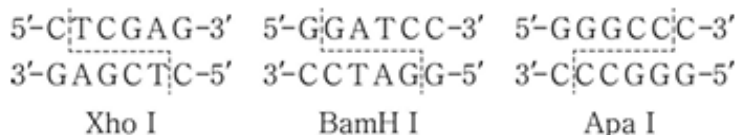
5' - TCTG(GATCCTCG)A(G...CTCGA)GTCT - 3'
 3' - ... | | - 5'

Xho I 절편 22개, 20개, 12개 생성
 22개, 20개, 12개 존재하므로 만족

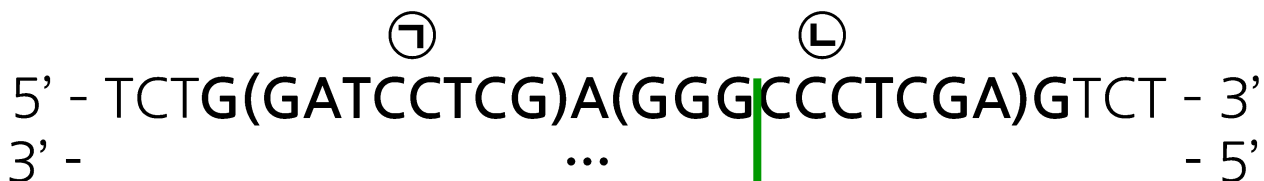
제한효소로 DNA 자르기

중간부분은 Apa I로 잇자

남은 것이 그거 하나뿐이니



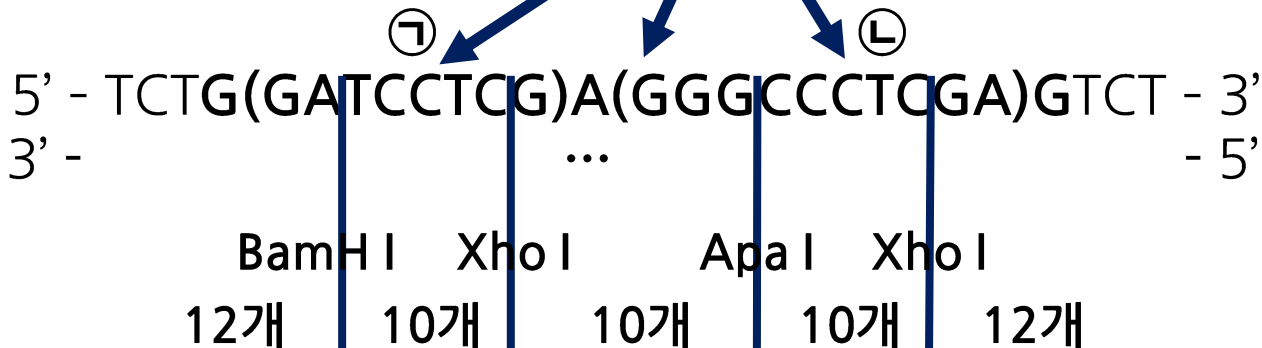
⋮ 절단 위치



Apa I 절편 32개, 22개 생성
32개, 22개 존재하므로 만족

전체 모습

사실상 모든 제한효소 관련 문제는
서로 다른 제한효소 제시 부분끼리 겹치는 부분 존재



전사인자에 의한 전사 조절

15. 다음은 어떤 동물에서 세포 P의 분화와 관련된 유전자 (가)~(다)의 전사 조절에 대한 자료이다.

- P는 (가)~(다) 중 (가)와 (나)만 발현되면 세포 I로, (나)와 (다)만 발현되면 세포 II로, (가)~(다)가 모두 발현되면 세포 III으로 분화한다.
- (가)~(다)의 프로모터와 전사 인자 결합 부위 A ~ D는 그림과 같다.

A	C	프로모터	유전자 (가)	
A		D	프로모터	유전자 (나)
	B	D	프로모터	유전자 (다)
- 유전자 w, x, y, z는 각각 전사 인자 W, X, Y, Z를 암호화하며, W ~ Z는 (가)~(다)의 전사 촉진에 관여한다. W ~ Z는 각각 A ~ D 중 서로 다른 한 부위에만 결합한다.
- (가)~(다) 각각의 전사는 각 유전자의 전사 인자 결합 부위 모두에 전사 인자가 결합했을 때 촉진된다.
- P는 w만 제거할 경우 II로, x만 제거할 경우 I로 분화한다. 제거되지 않은 w ~ z는 모두 발현된다.

W X Y Z

↓

A B C D

대응시키는 전형적 스타일의 문제
(가) (나) (다)가 다른 것의 전사인자가 되지 않음

이에 대한 옳은 설명만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, 제시된 조건 이외는 고려하지 않는다.) [3점]

- < 보 기 >
- ㄱ. W는 C에 결합한다.
 - ㄴ. y만 제거할 경우, (나)의 전사가 촉진된다.
 - ㄷ. w ~ z가 모두 발현되면, P는 III으로 분화한다.
- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄷ ⑤ ㄴ, ㄷ

ㄷ 선지를 보면 사실상 3지선다

제거의 관점에서 자료가 주어졌으니 미발현 조건을 찾아보자

I로 분화하면 (다)가 미발현
II로 분화하면 (가)가 미발현

w를 제거 → II로 분화 → (가)에만 있는 C에 결합 불가능
(가)가 미발현

x를 제거 → I로 분화 → (다)에만 있는 B에 결합 불가능
(다)가 미발현

전사인자에 의한 전사 조절

15. 다음은 어떤 동물에서 세포 P의 분화와 관련된 유전자 (가)~(다)의 전사 조절에 대한 자료이다.

- P는 (가)~(다) 중 (가)와 (나)만 발현되면 세포 I로, (나)와 (다)만 발현되면 세포 II로, (가)~(다)가 모두 발현되면 세포 III으로 분화한다.
- (가)~(다)의 프로모터와 전사 인자 결합 부위 A ~ D는 그림과 같다.
- 유전자 w, x, y, z는 각각 전사 인자 W, X, Y, Z를 암호화하며, W ~ Z는 (가)~(다)의 전사 촉진에 관여한다. W ~ Z는 각각 A ~ D 중 서로 다른 한 부위에만 결합한다.
- (가)~(다) 각각의 전사는 각 유전자의 전사 인자 결합 부위 모두에 전사 인자가 결합했을 때 촉진된다.
- P는 w만 제거할 경우 II로, x만 제거할 경우 I로 분화한다. 제거되지 않은 w ~ z는 모두 발현된다.

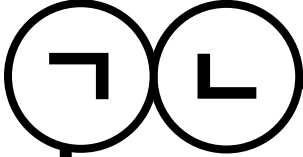
이에 대한 옳은 설명만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, 제시된 조건 이외는 고려하지 않는다.) [3점]

- < 보 기 >
- ㄱ. W는 C에 결합한다.
 - ㄴ. y만 제거할 경우, (나)의 전사가 촉진된다.
 - ㄷ. w ~ z가 모두 발현되면, P는 III으로 분화한다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄷ ⑤ ㄴ, ㄷ

ㄱ이 맞다는 것을 안 이후이므로
ㄴ을 검증할 필요가 없다

실전에서는 넘기자



Z X W Y
Y X W Z

A		C		프로모터	유전자 (가)
A			D	프로모터	유전자 (나)
	B		D	프로모터	유전자 (다)

W는 C에 대응, X는 B에 대응
(나)는 A, D에 전사 인자가 결합하여야 하고
나머지 Y, Z 중 하나가 결합

y를 제거하면 A, D 중 **하나에 결합하지 못하여 (나)가 미발현**