

한의대 편입 생물의 중심 CORE-BIO

CORE-BIO 심화과정 Weekly Test 5회

분자생물학 (1)



아래 설명에 대해서 옳은 것은 O, 옳지 않은 것은 X로 표시하십시오.

01. 핵형 분석을 통해 페닐케톤뇨증인지의 여부를 확인할 수 있다.
02. 진핵생물의 염색체 한 개당 복제원점 수는 방추사부착점(kinetochore)의 수보다 많다.
03. 원핵생물의 DNA 중합효소III는 5'에서 3'방향으로 뉴클레오티드를 제거하는 활성을 가지고 있다.
04. 클레나우 절편(Klenow fragment)은 DNA 중합효소 I 과 동일하게 5'에서 3'방향으로 뉴클레오티드를 제거하면서 핵산을 중합할 수 있다. (단, 클레나우 절편은 Nick translation 기능 수행이 불가능하다.)
05. 헬리케이스(helicase)는 ATP 가수분해 활성을 가지며, DNA 복제시 진핵생물의 헬리케이스는 선도가닥의 주형가닥에 결합하여 작용한다.
06. 진핵생물의 DNA 복제과정 시 작용하는 연결효소(ligase)의 작용에는 ATP가 소모된다.
07. 원핵생물의 DNA 복제과정에 참여하는 자이레이스(gyrase)는 DNA 이중가닥의 한 가닥만을 끊어서 작용하는 위상이성질화효소(topoisomerase)이다.
08. 진핵생물의 경우, DNA 복제 시마다 텔로미어가 짧아지는 이유는 DNA 복제시에 합성된 지연가닥(lagging strand)의 5' 말단의 RNA 프라이머가 DNA로 교체되지 않기 때문이다.
09. 말단소체복원효소(telomerase)의 DNA가 DNA 중합작용의 주형으로 작용한다.
10. 모든 종류의 플라스미드 DNA의 복제 방식은 회전환 복제(rolling circle replication)이다.
11. RNA 중합효소와 DNA 중합효소는 모두 핵산 중합 개시에 프라이머(primer)를 필요로 한다.
12. RNA 중합효소는 DNA 중합효소와 마찬가지로 교정(proofreading) 능력이 있다.
13. 원핵생물 RNA 중합효소의 구성인자 중, 전사개시 후 DNA로부터 더욱 빨리 분리되는 인자는 프로모터를 인식하는 단백질(σ factor)이다.
14. 원핵세포의 시그마 인자(σ factor)는 진핵세포의 전사인자 TFIID와 기능적으로 유사하다.
15. 원핵생물의 경우, mRNA의 3' 말단에는 폴리(A)꼬리가 있다.
16. 진핵생물의 RNA 중합효소II는 프로모터를 직접 인식한다.
17. 진핵생물의 경우, 5S rRNA는 핵질(nucleoplasm)에서 합성된다.
18. 안티코돈의 종류가 코돈의 종류보다 적음에도 불구하고 61종류의 코돈이 20가지 아미노산을 모두 지정할 수 있는 이유는 코돈의 세 번째 염기가 안티코돈의 첫 번째 염기와 비표준적인 염기쌍을 이룰 수 있기 때문이다.
19. mRNA의 5'말단에 개시코돈(AUG)이 있다.
20. 진핵세포의 경우, 1차 전사체(primary transcript)는 핵공 복합체(nuclear pore)를 통해 세포질로 나온다.
21. 원핵생물의 리보솜은 80S이다.
22. 리보솜의 대단위체(large subunit)와 소단위체(small subunit) 모두 mRNA 결합자리를 지닌다.
23. 아미노아실-tRNA의 아미노산과 tRNA 간의 결합은 수소결합(hydrogen bond)이다.
24. 단백질 합성시 mRNA에 30S 단위체보다 50S 단위체가 먼저 결합하며, 번역 개시 단계에서 개시 tRNA는 P부위에 결합한다.
25. 원핵생물의 펩티드기 전이효소(peptidyl transferase)는 리보솜 대단위체(50S)를 구성하는 단백질이다.
26. 번역 신장 단계에서 리보솜이 이동하는 데 GTP가 필요하며, 번역 종결시 방출인자(release factor)는 E 자리에 결합한다.
27. 원핵생물의 경우, 하나의 mRNA에는 여러 개의 시스트론(cistron)이 존재하는데, 여러 개의 시스트론은 한 번에 연결되어 번역된 후 절단되어 작용하게 된다.

28. 진핵생물의 경우, 전사 진행 중인 mRNA에는 리보솜이 결합할 수 없다.
29. 진핵생물 리보솜의 소단위체(small subunit)는 mRNA 내부에 존재하는 리보솜 결합자리 서열(ribosome binding sequence)을 인식하여 결합한다.
30. 페니실린 저항성 균주는 페니실린 처리에 의해 페니실린 감수성 균주가 생리적으로 유도되어 형질전환(transformation)된 것이다.
31. 단백질 암호화 부위에 넨센스 돌연변이가 일어난 유전자로부터 번역된 단백질의 분자량은 정상 유전자로부터 번역된 단백질의 분자량보다 작다.
32. 단백질 암호화부위에 넨센스 돌연변이가 일어난 유전자로부터 전사된 mRNA 길이는 정상 유전자로부터 전사된 mRNA 길이보다 짧다.
33. 단백질 암호화 부위에 1개의 뉴클레오타이드가 삽입 또는 결실이 발생하면, 단백질의 크기는 변화한다.
34. 화합물의 돌연변이 유발능력을 시험하기 위한 Ames test 수행 시에, DNA 수선(repair) 기능이 정상인 균주를 사용하면 그렇지 않은 균주를 사용할 때보다 콜로니 수가 더 많을 것이다.
35. 어떤 돌연변이 유발물질 X를 처리하여 돌연변이를 유발한 뒤에 BrdU를 처리하였더니 복귀돌연변이체가 형성되었다. 돌연변이 유발물질 X는 염기전이(transition)를 유발하는 물질이다.
36. 메틸화된 시토신(cytosine)에 아질산염이 작용하면, 염기전이(transition)가 유발된다.
37. 디메틸황산염과 같은 알킬화제(alkylating agent)를 처리하면, 구아닌(G)이 크산틴(xanthine)이 되어 염기쌍 형성이 불가능해진다.
38. Acridine Orange와 같은 DNA 삽입 물질(intercalating agent)을 처리하게 되면, 복제 과정 중에 뉴클레오타이드의 삽입이나 결실이 유발될 수 있다.
39. Ethidium Bromide(EtBr)는 DNA의 뉴클레오타이드 염기전환(transversion)을 유발한다.
40. DNA 복제 과정 중의 실수를 교정하지 못한 경우, 차후에 일어나게 되는 DNA 복구기작은 일반적으로 뉴클레오타이드 제거 복구(nucleotide excision repair)이다.

[정답 및 해설]

01. X 염색체의 수와 모양을 확인하는 핵형 분석을 통해서 염색체 돌연변이 유무만 판별 가능하다. 페닐케톤뇨증은 유전자 돌연변이로서 핵형 분석을 통해서 판별할 수 없다.
02. O
03. X 원핵생물의 경우, 5'에서 3' 방향으로 뉴클레오티드를 제거하는 기능은 DNA 중합효소 I 뿐이다.
04. X DNA 중합효소 I 중 5'→3' exonuclease 활성인자를 분리한 클레나우절편(klenow fragment)은 5'에서 3' 방향으로 DNA를 중합하는 기능과 3'에서 5' 방향으로 DNA를 제거하는 교정(proofreading) 기능만 지닌다.
05. X 진핵생물의 헬리카스(helicase)는 DNA 복제 시 지연가닥의 주형가닥에 결합하여 작용한다.
06. O
07. X 자이레이스(gyrase)는 DNA 이중가닥의 두 가닥을 모두 끊어서 작용하며, 이 과정에서 ATP를 소모한다.
08. O
09. X 말단소체복원효소(telomerase)는 자신의 RNA를 주형으로 하여 역전사를 통해 DNA를 합성한다.
10. X 일부 플라스미드의 복제는 단방향성 복제인 회전환 복제 방식을 통해 진행되고, 또 다른 일부 플라스미드의 복제는 양방향성 복제인 θ 복제 방식을 통해 진행된다.
11. X 핵산 중합을 위해 프라이머를 필요로 하는 것은 DNA 중합효소 뿐이다.
12. X RNA 중합효소는 DNA 중합효소와는 달리 교정 능력이 없다.
13. O
14. O 원핵생물의 시그마 인자와 진핵생물의 TFIID는 모두 프로모터를 인식하는 단백질이다.
15. X mRNA의 3' 말단에 폴리(A)꼬리가 있는 것은 진핵생물의 mRNA이다. 원핵생물의 전사종결은 대부분 poly-(U)가 있는 머핀 구조가 형성되는 로(p)-의존성 전사종결을 통해 이루어진다.
16. X 진핵생물의 프로모터를 직접 인식하는 것은 전사인자인 TFIID이고, RNA 중합효소 II는 TFIID를 인식하여 프로모터에 결합한다.
17. O
18. O
19. X mRNA의 5' 말단부위는 비번역부위(untranslated region)이다. 개시코돈인 AUG는 5'-UTR 하류에서 단백질 암호화부위에서 가장 상류에 위치하는 염기서열일 뿐이다.
20. X 진핵세포의 경우, 단백질을 유전암호는 1차 전사체로 전사된 뒤, 가공과정을 모두 거친 후 여타의 단백질과 결합하여 세포질로 나오게 된다.
21. X 원핵생물의 리보솜은 70S이다.
22. X mRNA 결합자리를 지니는 것은 리보솜의 소단위체 뿐이다.
23. X 아미노아실-tRNA의 아미노산과 tRNA 간의 결합은 에스터(ester) 결합이다.
24. X 단백질 합성시, mRNA 결합자리를 지니는 30S 단위체가 먼저 결합하고, 50S 단위체는 mRNA에 결합한 30S 단위체에 결합한다.
25. X 원핵생물의 펩티드기 전이효소는 리보솜 대단위체를 구성하는 rRNA이다.
26. X 번역 종결 시, 방출인자(releasing factor)는 A자리에 결합하여 작용한다.
27. X 원핵생물의 mRNA는 여러 개의 시스트론을 포함하는데, 각각의 시스트론이 별도의 리보솜 결합자리(Shine-Dalgarno 서열)를 지니므로 독립적으로 번역된다.
28. O
29. X 진핵생물의 리보솜의 소단위체는 5'-모자(cap)에 결합한 번역 개시인자 + poly (A) 결합 단백질을 인식하여 mRNA의 말단에 결합한다.
30. X 페니실린 저항성 균주는 임의적으로 발생한 돌연변이에 의해 우연히 페니실린 저항성을 획득하게 된 것이다. 돌연변이는 생리적으로 유도되지 않는다.
31. O
32. X 기존의 종결코돈보다 상류에 위치하는 단백질 암호화부위에 새로운 종결코돈이 형성된다고 하더라도 역시 그것은 번역의 종결이지 전사의 종결은 아니기 때문에 일차 전사체의 길이는 변화가 없다.
33. O
34. X DNA 수선(repair) 기능이 정상인 균주를 사용하면 his-의 his+로의 복귀가 잘 이루어지지 않으므로 오히려 히스티딘이 결핍된 배지에서 콜로니 형성이 더욱 어려워질 것이다.
35. O 원돌연변이(original mutation)과 복귀(back mutation) 기작은 동일한 방식이며, BrdU는 염기전이(transition)를 유발한다.
36. O
37. O
38. O
39. X EtBr은 DNA 염기쌍 사이로 삽입되어 뉴클레오티드의 삽입이나 결실을 유발한다.
40. X DNA 복제 과정 중에 일어난 실수를 교정하지 못한 경우에는 잘못 짝지은 복구를 통해 DNA를 수선(repair)한다.