

[Knowledge type]

정답 수정 31번 ②→③

01. ①은 Avery의 실험을 통해, ②는 Griffith의 실험을 통해, ③은 Hershey-Chase의 실험을 통해, ⑤는 Watson-Crick의 연구를 통해 밝혀졌다.
02. 사가프는 DNA에서 아데닌과 티민의 수가 같고, 구아닌과 시토신의 수가 같다는 것을 통해 DNA의 이중나선 구조를 밝히는데 결정적 정보를 제공했다.
03. DNA의 염기 간의 상호작용은 수소결합이다.
04. 아데닌과 구아닌은 퓨린 계열의 염기로서, 시토신과 티민과 같은 피리미딘 계열의 염기보다 크기가 크다. 만약 DNA 이중나선에서 이러한 염기쌍이 형성된다면 DNA의 이중가닥의 폭은 일정하지 않게 되며, 아데닌의 수와 구아닌의 수가 같고, 시토신의 수와 티민의 수가 같게 될 것이므로 $\frac{G+C}{A+T}=1$ 이 될 것이다.
05. 원핵생물의 DNA 중합효소 I은 5'→3' DNA 중합, 3'→5' DNA 제거(교정), 5'→3' 핵산 제거 기능을 갖고 있다. mRNA는 단일가닥이므로 사가프의 법칙(아데닌의 수와 티민(또는 유라실)의 수가 같고, 구아닌과 시토신의 수가 같다)이 성립하지 않는다. 모든 핵산 중합효소는 핵산을 5'에서 3' 방향으로 중합한다.
06. 진핵세포에서 DNA 복제와 전사, 전사 후 pre-mRNA 가공과정은 핵에서 일어나고 번역은 세포질에서 일어난다.
07. DNA 중합효소는 프라이머의 3'말단에서부터 dNTP를 5'→3' 방향으로 주형가닥에 상보적인 염기서열을 갖도록 중합한다. 중합 과정에서 실수가 생기면 3'→5' 방향으로 DNA를 제거(교정)한다. DNA 복제 및 복구 과정에 참여하는 DNA 중합효소는 모든 생물이 지니고 있다.
08. 선도가닥과 지연가닥 합성에 모두 프라이머가 필요하며, 지연가닥 합성 시에 RNA 프라이머가 동일한 염기서열을 지닌 DNA로 교체되는데, 이 때 DNA 연결효소(DNA ligase)에 의해 각 절편(오카자키 절편)을 연결하는 데 에너지(세균은 NAD⁺, 진핵생물은 ATP)가 소모된다.
09. 오카자키 절편은 지연가닥 합성 시에 형성된다.
10. primase는 프라이머 합성을 담당하고, SSBP는 DNA helicase에 의해 단일가닥으로 풀린 부분이 DNA 복제의 주형으로 작용할 때까지 단일가닥 상태를 안정화시켜 주며, DNA polymerase는 주형가닥의 염기서열에 상보적으로 DNA를 중합한다. 제한효소(restriction enzyme)는 회문구조(palindrome)를 지닌 특정한 염기서열(제한효소자리)을 절단하는 효소로서 DNA 복제과정에는 참여하지 않는다.
11. primase 활성이 결핍된다면 프라이머 합성이 이루어지지 않으므로, DNA 복제 개시 자체가 이루어지지 않는다.
12. 프로모터는 전사개시 지점의 상류에 위치하므로 전사되는 부위라고 보기 어렵다.
13. DNA에 염기서열 변화가 일어나야 돌연변이가 된다.
14. 리보솜과 tRNA는 mRNA 정보를 기초로 하여 단백질을 합성(번역)할 때 이용된다.
15. 진핵생물의 RNA 중합효소 I은 45S rRNA를 합성하는데, 45S rRNA는 가공되어서 28S rRNA, 18S rRNA, 5.8S rRNA가 된다. RNA 중합효소 II는 mRNA, 스플라이싱 과정에 참여하는 snRNA 등을 합성하며, RNA 중합효소 III는 5S rRNA, tRNA, 스플라이싱 과정에 참여하지 않는 snRNA를 합성한다.
16. 박테리오파지(세균 바이러스)의 DNA가 세균 세포 내로 도입된 후 숙주세포의 RNA 중합효소에 의해 전사되고 전사된 mRNA는 숙주의 번역 시스템(리보솜, tRNA 등)에 의해 번역되어 단백질로 합성된다.

17. RNA 중합효소 II가 프로모터(TATA box)에 결합하여 pre-mRNA가 합성되고 5'-(G) capping, splicing, poly(A) tailing이 순차적으로 일어나 성숙한 mRNA가 된 후 세포질로 이동한다.
18. pre-mRNA에 있는 엑손의 수는 인트론의 수보다 1개 더 많다.
19. pre-mRNA의 5'말단에는 인산이 3개 있고 나머지 99개의 뉴클레오타이드에는 각각 1개의 인산이 있으므로 총 인산의 개수는 3+99=102개가 된다.
20. 진핵세포에는 RNA 중합효소가 3종류(I, II, III)가 있다. poly(A) tailing 전사 주형 없이 poly(A) 중합효소에 의해 이루어지며, pre-mRNA의 모든 가공과정(capping, splicing, poly(A) tailing)은 모두 핵 내에서 진행되고, snRNP를 함유하는 스플라이싱 복합체(spliceosome)은 인트론을 제거한다. 그렇게 해서 형성된 성숙한 mRNA에는 5'-UTR, 단백질 암호화부위(ORF), 3'-UTR이 포함되어 있다.
21. 64가지 코돈 중 종결코돈(UAA, UAG, UGA)을 제외한 61가지 코돈은 아미노산을 지정한다.
22. 1개의 코돈은 1개의 아미노산을 지정하므로 120개의 아미노산을 지정하는 데 필요한 코돈의 수는 120개이다.
- 23-25. RNA 중합효소는 RNA를 합성한다. 펩티드기 전이효소는 리보솜 대단위체에 있는 rRNA로서, 펩티드 결합 형성을 촉매하며, tRNA는 아미노산과 연결된 상태로 리보솜의 A자리에 위치하여 단백질 합성에 필요한 아미노산을 제공한다. 아미노산과 연결된 tRNA의 안티코돈은 mRNA의 코돈과 쌍을 형성함으로써 코돈이 지정하는 바에 따라 아미노산이 순차적으로 연결된다. 특정한 안티코돈을 지니는 tRNA가 2가지 이상의 아미노산과 결합할 수 없으므로(1가지 아미노산과만 결합할 수 있으므로), 따라서 서로 다른 아미노산과 연결된 tRNA는 서로 다른 안티코돈을 지니게 된다. tRNA는 단일가닥 RNA이며, tRNA에 속한 염기 간의 수소결합 등을 통해 클로버 잎 모양의 2차 구조를 갖게 된다.
26. tRNA의 안티코돈이 5'-AGU-3'라면, mRNA의 코돈은 5'-ACU-3'가 되고, 따라서 전사주형에는 5'-AGT-3'가 된다.
27. RNA 중합효소에 tRNA, mRNA, rRNA 등이 합성된다. 아미노아실-tRNA 합성효소는 아미노산과 tRNA를 연결하는 효소이며, 펩티드기 전이효소는 리보솜 대단위체의 rRNA로서 아미노산 간의 펩타이드 결합 형성을 촉매한다.
28. 번역은 리보솜 소단위체가 mRNA의 리보솜 결합자리(ribosome binding site)에 결합함으로써 시작한다. 리보솜 결합자리는 원핵생물의 경우 mRNA의 내부에 위치한 Shine-Dalgarno 서열이고, 진핵생물의 경우 mRNA의 5'-cap 부근의 번역개시인자가 밀집된 지역이다. 리보솜 소단위체는 개시코돈까지 이동하고, 개시 tRNA는 리보솜의 P자리에 위치하게 되며, 그리고나서 리보솜 대단위체가 위치하게 되어 번역개시복합체를 형성하게 된다. 이후 리보솜의 A자리에 아미노아실-tRNA가 위치하게 되고, 펩티드기전이효소(peptidyltransferase)에 P자리에 위치한 아미노아실-tRNA의 에스터 결합이 끊어지고 P자리의 아미노산의 카복실기와 A자리에 위한 아미노산의 아미노기 간에 펩타이드 결합이 형성된다. 그리고나서 리보솜은 코돈 1개(염기 3개)를 이동한다. 순서는 ③, ①, ④, ②, ① 순이다.
29. P자리의 tRNA에 펩타이드가 연결되어 있고, A자리에 아미노아실 tRNA가 있다면, P자리의 tRNA와 펩타이드 간의 에스터 결합이 끊어져 P자리의 펩타이드 카복실기와 A자리의 아미노산의 아미노기 간에 펩타이드 결합이 형성된다. 즉 P자리의 펩타이드 C말단에 A자리의 아미노산이 중합되는 셈이다.

30. P자리에 위치한 tRNA의 아미노산이나 펩타이드는 A자리에 위치한 아미노산과 연결되는데, 이 때 P자리의 tRNA와 연결된 아미노산이나 펩타이드 간의 결합(에스터 결합)은 끊어지고, A자리의 아미노산과 연결되기 때문에 이렇게 해서 연결된 펩타이드는 A자리의 tRNA에 연결되어 있는 셈이 된다. 따라서 리보솜이 이동할 때 A자리에 위치한 tRNA는 아미노산 1개와 연결되어 있는 상태가 아니라 펩타이드와 연결된 상태인 것이다.
31. mRNA가 세포질로 빠져나오자마자 CBC(Cap binding complex)는 mRNA의 cap으로부터 분리되고 대신 번역개시인자가 cap에 결합하여 번역개시복합체를 이루게 된다.
32. DNA 복제는 반보존적으로 이루어지며, 세균의 mRNA 반감기는 진핵세포의 mRNA 반감기보다 짧다. 세균의 RNA 중합효소는 1종류이고, 세균의 경우 모든 RNA의 전사종결은 poly(U)가 달린 머리핀 구조를 형성함으로써 이루어지므로 전사 직후 mRNA의 3'말단에는 poly(U) 서열이 있다. 다만 poly(U) 서열은 오랫동안 유지되지 않고, 특히 tRNA나 rRNA는 전구체 상태로 형성된 뒤에 전사 후 가공과정을 거치므로 보통 3' 말단에서 poly(U)를 볼 수 있는 것은 mRNA 정도이다. poly(A)꼬리가 첨가되는 것은 진핵생물의 mRNA 형성과정이다. 세균은 전사와 번역이 모두 세포질에서 일어나므로 전사와 번역이 동시에 진행된다.
33. 단백질 암호화부위에서 뉴클레오타이드 1개가 치환이 되면 지정하는 아미노산의 변화가 없거나(침묵 돌연변이), 아미노산 1개가 바뀌거나(미스센스 돌연변이), 종결코돈이 형성된다(넌센스 돌연변이).
34. 잿당이 부족할수록 억제자가 작동부위에 결합하여 RNA 중합효소가 프로모터에 결합하는 것이 어려워지므로 잿당을 흡수하고(잿당운반체) 이용하는(잿당분해효소) 과정에 필요한 유전자의 전사가 억제될 것이다.
35. 잿당 오페론에서 잿당(실제로는 잿당이성질체 = allolactose)은 억제자를 불활성화시키는 유도자(inducer)로 작용하지만, 트립토판 오페론에서 트립토판은 억제자를 활성화시키는 보조억제자(co-repressor)로 작용한다.
36. DNA와 히스톤 단백질의 결합, 감수분열 중 재조합, RNA 가공과정 등은 진핵생물에서는 나타나지만 원핵생물에서는 보기 어려운 특징이다. DNA에 결합하여 전사를 조절하는 단백질은 원핵생물이나 진핵생물에서 모두 볼 수 있다. 원핵생물은 억제자를 중심으로 하여 전사개시를 조절하고(음성적 조절), 진핵생물은 활성자를 중심으로 하여 전사개시를 조절한다(양성적 조절). 또한 진핵생물은 원핵생물보다 전사개시를 조절하는 인자가 훨씬 더 다양하고 복잡하다.
37. 세균의 플라스미드는 염색체 DNA와는 별도로 존재하는 원형 DNA이고, 복제원점이 자체적으로 존재하기 때문에 염색체 DNA의 복제와는 독립적으로 복제가 진행된다. 다만 플라스미드에는 세균에게 필수적인 유전정보(house keeping gene)가 없으며, 대신 항생제 내성 유전자나 성선모 형성 유전자처럼 특수한 상황에서 필요한 유전자가 있을 뿐이다.
38. 염색질의 변형(히스톤의 아세틸화, 탈아세틸화, DNA의 메틸화, 탈메틸화)은 복원될 수 있다. 히스톤의 아세틸화나 탈아세틸화가 일어나는 부위는 히스톤 N-말단 꼬리에 위치한 Lys이다. DNA의 메틸화는 전사를 억제하며, 뉴클레오솜의 직경은 약 10nm(또는 11nm) 정도이다. 히스톤 단백질은 표면에 염기성 아미노산인 Lys, Arg이 풍부하므로 양전하를 띠고 DNA는 인산으로 인해 음전하를 띠므로 히스톤 단백질과 DNA 간의 주요 상호작용은 이온결합이 된다.
39. 진핵생물의 전사개시복합체의 구성요소에는 프로모터, 인핸서, RNA 중합효소, 전사인자(공통전사인자, 특수전사인자)가 있다. 공통전사인자는 RNA 중합효소와 함께 프로모터에 결합하고, 특수전사인자 중 특히 활성자는 인핸서에 결합하여 RNA 중합효소의 프로모터 결합 및 전사 개시를 촉진한다. tRNA는 단백질 합성(번역)에 이용된다.
40. 테스토스테론과 같은 소수성 호르몬은 세포 내의 수용체와 결합하여 핵 내에서 전사조절인자(전사 활성자나 전사 억제자)로 작용하게 된다.
41. pre-mRNA의 전사 이후에 선택적 스플라이싱(전사후 가공)이 일어날 수 있고, 번역 개시 조절이나 mRNA 분해속도 조절이 일어나게 되며, 합성된 단백질은 인산화나 당화 등의 가공을 거치게 된다. rRNA의 합성은 전사과정 자체에 속한다.
42. 염색질이 응축될수록 유전자 발현은 억제되며, 인핸서는 유전자의 상류나 하류, 심지어 유전자 내부에 존재할 수 있다. DNA 메틸화는 유전자 발현을 억제하며, miRNA가 표적 mRNA와 혼성화가 잘 이루어지면 mRNA는 RNase에 의해 분해될 것이다.
43. ①, ②, ④, ⑤ 단계는 진핵세포에서만 발견된다. mRNA 전사는 모든 생물에서 일어나는 단계이다.
44. 진핵세포 유전자를 원핵세포에서 발현하기 위해서는 세균 벡터에 연결되는 목적유전자에 인트론이 존재하면 안된다. 클로닝 복제원점이 있어야 하고, 목적유전자가 삽입될 자리인 클로닝 자리(벡터에 존재하는 제한효소자리)가 있어야 하며, 목적유전자와 재조합된 벡터로 형질전환된 세균을 선별하기 위한 선택표지자(selectable marker)가 있어야 한다.
45. 전기영동을 통해 DNA는 음극에서 양극으로 이동하며, 크기가 큰 절편은 그렇지 않은 절편에 비해 이동시 저항이 크므로 이동속도가 상대적으로 느리다. 겔 상의 밴드 두께는 DNA의 양에 대한 정보를 제공해준다.
- 46-47. 중합효소연쇄반응(PCR)에 투입되는 효소는 오직 열에 내성이 있는 DNA 중합효소(*Taq*) 뿐이다. DNA 변성(이중가닥이 단일가닥으로 분리된 것), 프라이머 결합(annealing)은 모두 온도 전환을 통해 이루어지며, 다만 DNA 중합(신장)과정에만 효소가 이용된다. 변성은 95℃, 프라이머 결합은 50~60℃, DNA 신장은 72℃에서 이루어진다.
48. 마이크로레이는 여러 가지 유전자의 발현 정도를 동시에 확인하기 위해서 고안된 유전공학 기법이다. DNA chip에 여러 가지 유전자 cDNA를 단일가닥 상태로 부착시켜 놓고, 세포에서 발현되는 RNA를 RT-PCR을 통해 형광표지된 cDNA 탐침을 만들어 DNA chip에 가하여 각 유전자의 발현 정도를 확인한다. 다양한 유전자의 발현 정도를 확인하는 이러한 기법을 통해 여러 가지 미생물을 동정(종의 분류)하기도 한다.