

Chapter 2 염기 추론형

[출제 경향]

15 개정교육 과정 문항 중 두 번째로 어려운 문항이 출제되는 Chapter 21학년도 수능에서는 2문항, 22학년도 수능에서 3문항 출제되었다.

09 교육과정 수능에서는 PCR이라는 생명 공학 기술을 활용한 프라이머 위치 추론 문항, 복제 추론 문항으로 꾸준히 출제되어왔고

15 개정 교육과정 수능에서 PCR은 축소되었지만 제한 효소라는 생명 공학 기술을 활용한 PCR과 유사한 염기 수 추론 문항이 2년 연속 출제되었고, 복제 추론은 이전과 유사한 경향으로 출제되고 있다.

21학년도 평가원		22학년도 평가원	
6평 20번	거시적 관점	6평 16번	위치 추론 - 프라이머
9평 13번	개수 추론	9평 8번	개수 추론
수능 11번	위치 추론 - 제한 효소	9평 20번	위치 추론 - 프라이머
수능 16번	개수 추론	수능 11번	위치 추론 - 프라이머
		수능 15번	위치 추론 - 제한 효소
		수능 16번	개수 추론

[Killing Point]

- 염기의 분류 기준
- 구체적인 번역
- 염기 수 그리고 염기 종류 논리
- 제한 효소의 성질
- 프라이머의 성질
- 상세한 염기 조성 파악

[출제 유형 예시]

8. 표는 이중 가닥 DNA의 모형을 만들기 위해 준비한 디옥시리보스, 인산, 염기, 수소 결합 막대 부품 각각의 개수를, 그림은 완성된 이중 가닥 DNA 모형 X를 나타낸 것이다. X는 표의 부품으로 만들 수 있는 정상적인 이중 가닥 DNA 모형 중 염기쌍의 수가 가장 많은 모형이다.

부품	개수	
디옥시리보스	70	
인산	70	
염기	아데닌(A)	18
	사이토신(C)	15
	구아닌(G)	12
	타이민(T)	20
수소 결합 막대	100	

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은?

- <보 기>
- ㄱ. X는 뉴클레오타이드 54개로 구성된다.
 - ㄴ. X를 구성하는 수소 결합 막대 부품의 총개수는 72개이다.
 - ㄷ. X를 만드는 데 인산 부품이 모두 사용되었다.

① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄴ ⑤ ㄴ, ㄷ

22학년도 9평 8번

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

- 이중 가닥을 구성하는 DNA 가닥 I과 II는 서로 상보적이며, I과 II 중 한 가닥을 주형 가닥으로 사용하여 ㉠가 합성되었고, 나머지 한 가닥을 주형 가닥으로 사용하여 2개의 가닥 ㉡와 ㉢가 합성되었다.
- I의 염기 서열은 다음과 같다. ①~⑥은 A, C, G, T를 순서 없이 나타낸 것이고, ⑦은 피리미딘 계열 염기이다.
5'-①②③④⑤⑥⑦⑧⑨⑩⑪⑫⑬⑭⑮⑯⑰⑱⑲⑳-3'
- I에서 $\frac{G+C}{A+T} = 1$ 이다.
- ㉡는 20개의 염기로, ㉢와 ㉣는 각각 10개의 염기로 구성되고, ㉡는 프라이머 X를, ㉢는 프라이머 Y를, ㉣는 프라이머 Z를 가진다.
- X-Z는 각각 4개의 염기로 구성되고, X는 3종류의 염기로, Y와 Z는 각각 2종류의 염기로 구성된다.
- ㉡에서 $\frac{C}{G} = 1$ 이고, ㉢에서 $\frac{G}{C} = 1$ 이다. ㉣에서 $\frac{T}{C} = \frac{1}{2}$ 이다.

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

- <보 기>
- ㄱ. ㉡가 ㉢보다 먼저 합성되었다.
 - ㄴ. 피리미딘 계열 염기의 개수는 ㉢에서가 ㉡에서보다 많다.
 - ㄷ. 프라이머에 있는 구아닌(G)의 개수는 Z > X > Y이다.

22학년도 9평 20번

16. 다음은 이중 가닥 DNA x와 mRNA y에 대한 자료이다.

- x는 서로 상보적인 단일 가닥 x_1 과 x_2 로 구성되어 있다.
 - x_1 과 x_2 중 하나로부터 y가 전사되었고, 염기 개수는 x가 y의 2배이다.
 - x에서 $\frac{G+C}{A+T} = \frac{3}{2}$ 이고, y에서 사이토신(C)의 개수는 구아닌(G)의 개수보다 많다.
 - 표는 x_1, x_2, y 를 구성하는 염기 수를 나타낸 것이고, ㉠~㉥은 A, C, G, T, U를 순서 없이 나타낸 것이다.
- | | | 염기 수 | | | | |
|-------|---|------|----|----|----|---|
| 구분 | | ㉠ | ㉡ | ㉢ | ㉣ | ㉤ |
| x_1 | ? | 24 | ? | 0 | ? | |
| x_2 | ? | ㉥ | 37 | 0 | ? | |
| y | ㉠ | ? | ? | 16 | 37 | |

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

- <보 기>
- ㄱ. ㉠+㉤=16이다.
 - ㄴ. ㉢은 구아닌(G)이다.
 - ㄷ. x를 구성하는 염기쌍의 개수는 120개이다.

① ㄱ ② ㄷ ③ ㄱ, ㄴ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

22학년도 수능 16번

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

- 이중 가닥 DNA를 구성하는 단일 가닥 I은 30개의 염기로 구성되어, 염기 서열은 다음과 같다. ㉠은 아데닌(A), 사이토신(C), 구아닌(G), 타이민(T) 중 하나이다.
5-CAA㉠TTCGAG㉡CTGCGCAATTAGGTCTTC-3'
- I을 주형으로 하여 지연 가닥이 합성되는 과정에서 가닥 ㉢와 ㉣가 합성된다. ㉡와 ㉢의 염기 개수의 합은 30이다.
- ㉡는 프라이머 X를, ㉢는 프라이머 Y를 가지고, X와 Y는 각각 4개의 염기로 구성되며, X에서 $\frac{C}{A} = 1$ 이다.
- ㉣에서 X를 제외한 나머지 부분에서 퓨린 계열 염기의 개수와 피리미딘 계열 염기의 개수는 서로 같다.

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

- <보 기>
- ㄱ. ㉠은 아데닌(A)이다.
 - ㄴ. ㉡가 ㉢보다 먼저 합성되었다.
 - ㄷ. ㉣에서 퓨린 계열 염기의 개수는 7개이다.

① ㄱ ② ㄴ ③ ㄱ, ㄷ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

22학년도 수능 11번

[22학년도 염기 추론형 : 유사 문항 (수능 11번)]

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

○ (가)와 (나)는 복제 주형 가닥이고, 서로 상보적이다.
 ○ (나)는 37 개의 염기로 구성되고, 염기 서열은 다음과 같다.

ATCCGACTTGACCTAATGGCATCGAGGAGCCAAGACT

○ I ~Ⅲ은 새로 합성된 가닥이고, Ⅱ와 (나) 사이의 염기쌍 수와 Ⅲ과 (나) 사이의 염기쌍의 수의 합은 37 이다.
 ○ 프라이머 X, Y, Z는 각각 5 개의 염기로 구성된다. I 은 프라이머 X, Ⅱ는 프라이머 Y를, Ⅲ은 프라이머 Z를 가진다.
 ○ $\frac{\text{퓨린 계열 염기의 개수}}{\text{피리미딘 계열 염기의 개수}}$ 는 Y가 Z보다 크다.
 ○ $\frac{\text{Ⅱ와 (나) 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수}}{\text{Ⅲ과 (나) 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수}} = 2$ 이다.

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

— < 보 기 > —

ㄱ. X와 (가) 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 12개이다.
 ㄴ. Ⅱ가 Ⅲ보다 먼저 합성되었다.
 ㄷ. Ⅲ에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{4}{7}$ 이다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄱ, ㄷ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

22학년도 킬포 모의고사 9회 11번

- 주어진 가닥에 상보적인 두 지연 가닥의 위치를 추론해야 하며 두 지연 가닥의 염기 개수 합이 주어진 가닥의 염기 개수와 동일하다는 논리가 동일

(Ⅱ+Ⅲ=37, ㉠+㉡=30)

킬포 모의고사

22학년도 수능 대비로 시행된
인강 모의고사

- 주어진 가닥으로 정보를 번역해서 풀어야하는 점이 유사하며 킬포 9회 11번 조건 해석이 수능 11번 해석에 비해 난해하다는 차이가 있음

(킬포 9회에서는 지연 가닥 개수를 고리의 개수와 수소 결합 조건을 모두 활용해서 압축하고 있음)

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

- 이중 가닥 DNA를 구성하는 단일 가닥 I 은 30 개의 염기로 구성되며, 염기 서열은 다음과 같다. ㉠은 아데닌(A), 사이토신(C), 구아닌(G), 타이민(T) 중 하나이다.
5'-CAA㉠TTCGAG㉡CTGCGCAATTAGGTCGTTC-3'
- I 을 주형으로 하여 지연 가닥이 합성되는 과정에서 가닥 ㉢와 ㉣가 합성된다. ㉢와 ㉣의 염기 개수의 합은 30이다.
- ㉢는 프라이머 X를, ㉣는 프라이머 Y를 가지고, X와 Y는 각각 4개의 염기로 구성되며, X에서 $\frac{C}{A} = 1$ 이다.
- ㉢에서 X를 제외한 나머지 부분에서 퓨린 계열 염기의 개수와 피리미딘 계열 염기의 개수는 서로 같다.

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

- <보 기>
- ㄱ. ㉠은 아데닌(A)이다.
 - ㄴ. ㉢가 ㉣보다 먼저 합성되었다.
 - ㄷ. ㉣에서 퓨린 계열 염기의 개수는 7개이다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄱ, ㄷ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

22학년도 수능 11번

- 22 6평, 9평 연계 문항

- 두 문항에 비해 난이도가 상대적으로 낮으나

22 6평, 22 9평과 차별화되는 점은 ㉢+㉣=30으로 두 지연 가닥의 염기 수를 감췄다는 점에서 키포가 있다고 할 수 있다.

(수능 문항에서는 AC 염기를 번역하여 생각하는 조건과 고리의 개수 조건을 통해 지연 가닥의 염기 수를 압축하고 있음)

[22학년도 염기 추론형 : 유사 문항 (수능 15번)]

11. 다음은 이중 가닥 DNA x를 이용한 실험이다.

○ x는 ②개의 염기쌍으로 이루어져 있고, 그림은 제한 효소 ①~③이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.

5'-GCTAGC-3' 5'-GGGCC-3' 5'-ACTAGT-3'
 3'-CGATCG-5' 3'-CCGGG-5' 3'-TGATCA-5'

① ③

②

∴ 절단 위치

○ x에 있는 제한 효소 ①~③이 인식하는 염기 서열 개수는 표와 같다.

제한 효소	인식 서열 개수
①	?
②	?
③	2

[실험 과정 및 결과]

(가) 제한 효소 반응에 필요한 물질과 x가 들어 있는 시험관 I~VI를 준비한다.

(나) (가)의 I~VI에 표와 같이 제한 효소를 첨가하여 반응시킨다.

(다) (나)의 결과 생성된 DNA 조각의 염기쌍 수를 확인한 결과는 표와 같다. 생성된 DNA 조각의 염기쌍 수가 같은 경우 한 번만 나타내었다.

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소의 종류	1	1	2	2	2	3
첨가한 제한 효소	①	②	①, ②	①, ③	②, ③	①, ②, ③
생성된 DNA 조각의 염기쌍 수	600	1200	130, 470, 600	280, 320, 600	410, 790	?

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

< 보 기 >

ㄱ. ②는 2400이다.
 ㄴ. X는 선형 DNA이다.
 ㄷ. VI에서 생성된 DNA 조각 수는 7개이다.

- ① ㄱ ② ㄷ ③ ㄱ, ㄴ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

22학년도 킬포 모의고사 8회 11번

- DNA 염기 서열을 제시하지 않고 제한 효소 절단 위치를 추론해야하는 양상이 동일하다.
- 문제의 양상이 유사하여 낯설음은 줄일 수 있으나 핵심적으로 질문하고자 하는 킬포는 다소 다르며, 22 수능 문항은 22학년도에 시행된 10월 교육청, 더 나아가 킬포 9회 18번과 더 유사한 양상을 나타낸다.

킬포 모의고사 9회 18번

개념을 다루는 교재에 수록되기에는 논리 Volume이 너무 커 드림 N제에 수록하였다.

당해 시행된 22 수능 문항 IDE A에 매운맛 + 매운맛인 문항....





Theme 4

염기 조성 추론

[출제 유형]

16. 다음은 DNA X, DNA Y, mRNA Z에 대한 자료이다.

- 이중 가닥 DNA X는 서로 상보적인 단일 가닥 X_1 과 X_2 로, 이중 가닥 DNA Y는 서로 상보적인 단일 가닥 Y_1 과 Y_2 로 구성되어 있다. X와 Y의 염기 개수는 같다.
- X와 Y 중 하나로부터 Z가 전사되었고, 염기 개수는 X가 Z의 2배이다.
- X_1 에서 아데닌(A)의 개수는 210개이다.
- X_2 에서 퓨린 계열 염기의 개수 = $\frac{2}{3}$ 이고, 사이토신(C)의 개수는 150개이다.
- Y_1 에서 구아닌(G)의 개수는 90개이다.
- Y_2 에서 퓨린 계열 염기의 개수 = $\frac{9}{11}$ 이고, 타이민(T)의 개수는 아데닌(A)의 개수의 2배이다.
- Z에서 유라실(U)의 개수는 120개이고, 퓨린 계열 염기의 개수는 피리미딘 계열 염기의 개수보다 120개 많다.

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

<보 기>

- ㄱ. Y에서 사이토신(C)의 개수는 240개이다.
- ㄴ. Z가 만들어질 때 주형으로 사용된 DNA 가닥은 X_1 이다.
- ㄷ. 염기 간 수소 결합의 총개수는 X에서 Y에서보다 30개 적다.

① ㄱ ② ㄴ ③ ㄱ, ㄷ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

21학년도 수능

16. 다음은 이중 가닥 DNA x와 mRNA y에 대한 자료이다.

- x는 서로 상보적인 단일 가닥 x_1 과 x_2 로 구성되어 있다.
- x_1 과 x_2 중 하나로부터 y가 전사되었고, 염기 개수는 x가 y의 2배이다.
- x에서 $\frac{G+C}{A+T} = \frac{3}{2}$ 이고, y에서 사이토신(C)의 개수는 구아닌(G)의 개수보다 많다.
- 표는 x_1, x_2, y 를 구성하는 염기 수를 나타낸 것이고, ㉑~㉕은 A, C, G, T, U를 순서 없이 나타낸 것이다.

구분	염기 수				
	㉑	㉒	㉓	㉔	㉕
x_1	?	24	?	0	?
x_2	?	㉖	37	0	?
y	㉗	?	?	16	37

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

<보 기>

- ㄱ. ㉗+㉕=16이다.
- ㄴ. ㉔은 구아닌(G)이다.
- ㄷ. x를 구성하는 염기쌍의 개수는 120개이다.

① ㄱ ② ㄷ ③ ㄱ, ㄴ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

22학년도 수능

염기 조성 추론

지금까지 출제된 염기 조성 추론 문항은 세 유형으로 나뉜다.

㉠ 개수 추론

100개 이상의 염기 개수나 염기 함량이 조건으로 제시되며 비율과 정량값에 대해 질문한다.

16. 다음은 DNA X, DNA Y, mRNA Z에 대한 자료이다.

- 이중 가닥 DNA X는 서로 상보적인 단일 가닥 X₁과 X₂로, 이중 가닥 DNA Y는 서로 상보적인 단일 가닥 Y₁과 Y₂로 구성되어 있다. X와 Y의 염기 개수는 같다.
- X와 Y 중 하나로부터 Z가 전사되었고, 염기 개수는 X가 Z의 2배이다.
- X₁에서 아데닌(A)의 개수는 210 개이다.
- X₂에서 퓨린 계열 염기의 개수 = $\frac{2}{3}$ 이고, 사이토신(C)의 개수는 150 개이다.
- Y₁에서 구아닌(G)의 개수는 90 개이다.
- Y₂에서 퓨린 계열 염기의 개수 = $\frac{9}{11}$ 이고, 타이민(T)의 개수는 아데닌(A)의 개수의 2 배이다.
- Z에서 유라실(U)의 개수는 120 개이고, 퓨린 계열 염기의 개수는 피리미딘 계열 염기의 개수보다 120 개 많다.

21학년도 수능

16. 다음은 이중 가닥 DNA x와 mRNA y에 대한 자료이다.

- x는 서로 상보적인 단일 가닥 x₁과 x₂로 구성되어 있다.
- x₁과 x₂ 중 하나로부터 y가 전사되었고, 염기 개수는 x가 y의 2배이다.
- x에서 $\frac{G+C}{A+T} = \frac{3}{2}$ 이고, y에서 사이토신(C)의 개수는 구아닌(G)의 개수보다 많다.
- 표는 x₁, x₂, y를 구성하는 염기 수를 나타낸 것이고, ㉠-㉤은 A, C, G, T, U를 순서 없이 나타낸 것이다.

구분	염기 수				
	㉠	㉡	㉢	㉣	㉤
x ₁	?	24	?	0	?
x ₂	?	㉢	37	0	?
y	㉠	?	?	16	37

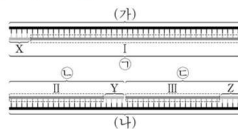
22학년도 수능

㉡ 거시 추론

단일 가닥의 염기 개수가 직접 주어지며 자료로 제시된 단일 가닥의 대략적인 염기 조성 추론을 요구한다. 수소 결합과 사가프 법칙 등 여러 Schema가 해제의 증추로 작용한다.

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

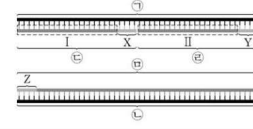
- (가)와 (나)는 복제 주형 가닥이고, 서로 상보적이며, ㉠, ㉡, ㉢은 새로 합성된 가닥이다.
- (가), (나), ㉠은 각각 44 개의 염기로 구성되고, ㉡와 ㉢은 각각 22 개의 염기로 구성된다.
- 프라이머 X, Y, Z는 각각 4 개의 염기로 구성된다. X는 피리미딘 계열에 속하는 2 종류의 염기로 구성되고, X와 Y는 서로 상보적이다.
- I에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{2}{3}$ 이고, II에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{1}{2}$ 이다.
- (가)와 ㉠ 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 115 개이다. II와 (나) 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수와 III과 (나) 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 같다.
- ㉢에서 $\frac{A}{G} = \frac{2}{3}$ 이고, $\frac{T}{C} = 1$ 이다.



19학년도 수능

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

- 2중 가닥 DNA (가)는 서로 상보적인 복제 주형 가닥 ㉠과 ㉡으로 구성되어 있으며, ㉢, ㉣, ㉤은 새로 합성된 가닥이다.
- ㉠, ㉡, ㉢은 각각 48 개의 염기로 구성되고, ㉣와 ㉤은 각각 24 개의 염기로 구성된다.
- 프라이머 X, Y, Z는 각각 4 개의 염기로 구성된다. Z는 피리미딘 계열에 속하는 2 종류의 염기로 구성되고, X와 Y 중 하나와 서로 상보적이다.
- ㉠과 ㉡ 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 56 개이다.
- I에서 $\frac{A+T}{G+C} = 3$ 이고, ㉢에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{2}$ 이다.
- (가)에서 $\frac{A+㉠}{G+㉡} = 2$ 이고, ㉣에서 $\frac{㉠}{A} = \frac{9}{7}$, $\frac{㉡}{G} = \frac{3}{5}$ 이다. ㉠와 ㉡는 사이토신(C)과 티민(T)을 순서 없이 나타낸 것이다.

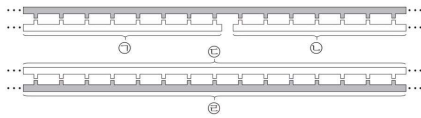


20학년도 수능

㉔ 미시 추론

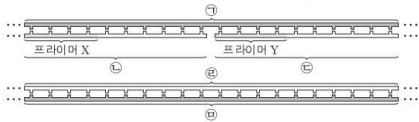
염기의 개수가 대체로 적은 단일 가닥의 세세한 염기 조성 추론을 요구한다.
수소 결합과 염기의 종류 조건이 해제의 중추로 작용한다.

- ㉑~㉔은 새로 합성된 가닥이며, ㉕은 ㉔의 주형 가닥이다.
- ㉑~㉔의 말단에는 3개의 뉴클레오타이드로 이루어진 프라이머가 있다.
- ㉑~㉔에 있는 프라이머의 염기 서열은 모두 같은 한 종류의 염기만으로 구성된다.
- ㉑과 ㉔은 각각 두 종류의, ㉕은 네 종류의 염기를 포함한다.
- ㉑과 주형 가닥 사이의 수소 결합 수보다 ㉔과 주형 가닥 사이의 수소 결합 수가 크다.
- ㉕에서 피리미딘 계열 염기의 수보다 퓨린 계열 염기의 수가 크다.



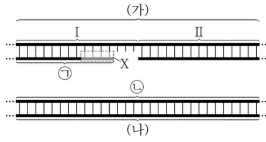
16학년도 9평

- ㉑과 ㉕은 서로 상보적이며 각각 20개의 염기로 구성된 복제 주형 가닥이고, ㉒~㉔은 새로 합성된 가닥이다.
- ㉑에서 피리미딘 계열 염기 수 = $\frac{2}{3}$ 이다.
퓨린 계열 염기 수
- ㉑과 ㉔ 사이의 염기 간 수소 결합 수는 ㉑과 ㉕ 사이의 염기 간 수소 결합 수와 같다.
- ㉕과 ㉔ 사이의 염기 간 수소 결합 수는 50이다.
- 프라이머 X는 퓨린 계열에 속하는 1종류의 염기로 구성된다.
- 프라이머 Y는 피리미딘 계열에 속하는 1종류의 염기로 구성되며, 이 염기는 ㉕에는 있지만 ㉔에는 없다.



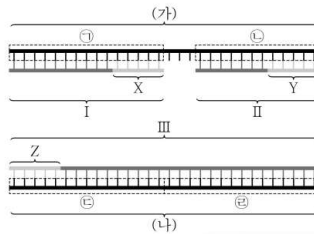
18학년도 6평

- (가)와 (나)는 복제 주형 가닥이며, 서로 상보적이다.
- I과 II는 각각 15개의 염기로 구성된다.
- ㉑과 ㉔은 새로 합성된 가닥이며, ㉑은 12개의 염기로, ㉔은 30개의 염기로 구성된다.
- ㉑에는 4개의 염기로 구성된 프라이머 X가 있다.
- I과 ㉑에서 각각 $\frac{T}{A} = \frac{2}{3}$ 이고, I은 2종류의 염기로 구성된다.
- II에서 $\frac{G+C}{A+T} = 2$ 이다.



21학년도 10교

- (가)와 (나)는 복제 주형 가닥이고, I, II, III은 새로 합성된 가닥이다. (가)와 (나)는 서로 상보적이다.
- (가), (나), III은 각각 30개, I, ㉑, ㉔, ㉕은 각각 15개, II, ㉓은 각각 12개의 염기로 구성된다.
- 프라이머 X, Y, Z는 각각 5개의 염기로 구성된다. X와 Y는 서로 상보적이고, X와 Z의 염기 서열은 서로 같다.
- I은 3종류의 염기로 구성되고, ㉑과 I에서 각각 ㉑의 개수 = $\frac{3}{2}$ 이다. ㉑과 ㉕은 각각 A, G, C, T 중 하나이다.
- ㉑과 II 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수 = $\frac{4}{5}$ 이다.
㉔과 III 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수
- ㉕에서 $\frac{C의 개수}{G의 개수} = 1$ 이다.



20학년도 10교

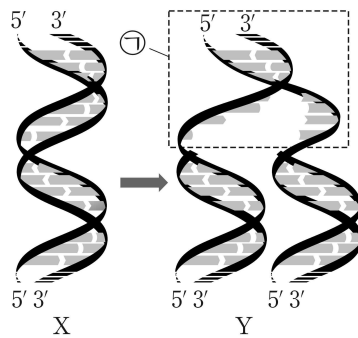
Schema 1
비율 관점

정량값으로 주어진 상황을 판단해야 할 수도 있으나
비율 관점에서 끝났을 때 간결할 수 있다.

이때 염기 중에서도 ATU 계열 염기보다는 GC 계열 염기 비율을 우선으로 생각하고
ATU 계열 염기 비율은 전체 염기 비율의 여사건으로 생각하는 게 유리하다.

이는 GC 계열 염기의 비율은 이중 가닥, 이중 가닥에 포함되는 단일 가닥, 복제 주형
가닥에서 모두 동일하기 때문이다.

예를 들어보자.



- Y는 X가 50% 복제되었을 때의 DNA이다.
- Y를 구성하는 뉴클레오타이드는 모두 2400개이다.
- Y에서 새로 합성된 DNA 가닥의 G+C 함량은 35%이고, Y에서 복제되지 않은 부분 ①의 G+C 함량은 45%이다.

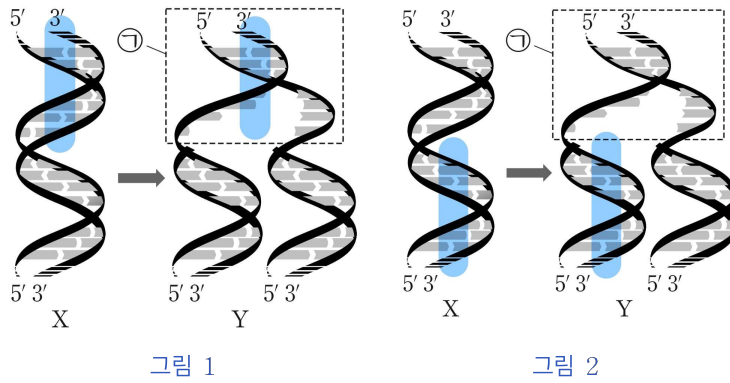
[15 수능]

다음 선지의 정오를 판정하시오.

- X에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{2}$ 이다.

Schema 1
비율 관점

GC 함량은 같은 구간 내 복제 주형 가닥, 이중 가닥, 이중 가닥에 포함되는 단일 가닥에서 변하지 않는다. 따라서 그림 1과 그림 2의 DNA 가닥의 GC 함량은 각각 동일하다.



Y는 X가 50% 복제된 DNA이므로
그림 1에서 표시된 X의 염기 개수와 그림 2에서 표시된 X의 염기 개수는 동일하다.

이는 DNA X의 전체 염기 중 절반의 GC 함량은 35%, 나머지 절반의 GC 함량은 45%라는 것을 의미하고

따라서 X의 GC 함량은 $35\% \times \frac{1}{2} + 45\% \times \frac{1}{2} = 40\%$ 이다.

순수한 DNA 2중 가닥인 X에는 유라실(U)이 없다.

∴ X의 AT 함량은 60%이고, 주어진 선지는 타당하다.

이를 일반화해보자.

Schema 1

비율 관점

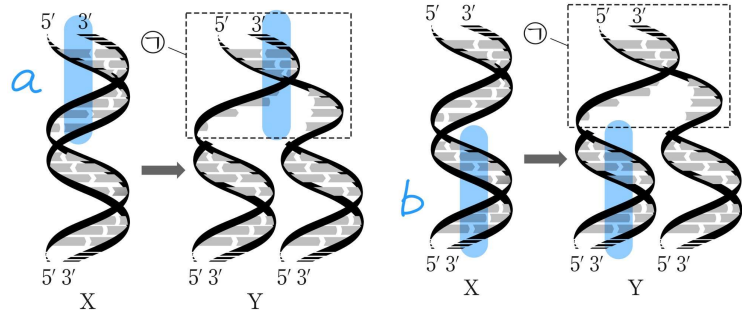


그림 1

그림 2

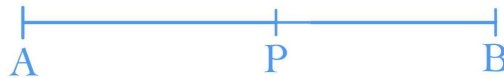
㉠에 상응하는 DNA 가닥의 염기 개수 : 새로 합성된 DNA 가닥의 염기 개수 = $a : b$
 ㉠에 상응하는 DNA 가닥의 G+C 함량 : 새로 합성된 DNA 가닥의 G+C 함량 = $m : n$
 라 하자. (단, $m + n = 100$ 이다.)

이는 DNA X의 전체 염기 중 $\frac{a}{a+b}$ 에 해당하는 가닥의 GC 함량은 $m\%$,

DNA X의 나머지 염기인 $\frac{b}{a+b}$ 에 해당하는 가닥의 GC 함량은 $n\%$ 라는 것을 의미한다.

따라서 X의 GC 함량은 $m\% \times \frac{a}{a+b} + n\% \times \frac{b}{a+b} = \frac{am+bn}{a+b}\%$ 이다.

이때 다음이 성립한다.



$A(x_1), B(x_2)$ 에 대해 선분 AB를 $m : n$ 으로 내분하는 점을 $P(x)$ 라고 하면

$$x - x_1 : x_2 - x = m : n \text{ 이므로 } x = \frac{mx_2 + nx_1}{m+n} \text{ 이다.}$$

이는 A, B, P의 GC 함량과 염기 개수비 중 둘만 주어져도 나머지 값을 내분을 활용해 암산할 수 있다는 것을 의미한다.

[Mind - 3 中 2]

보편적으로 제시되는 3개 중 2개를 알면 나머지 하나도 구해낼 수 있다라는 생각

- ① A의 GC 함량과 염기 개수(상댓값)
- ② B의 GC 함량과 염기 개수(상댓값)
- ∴ P의 GC 함량과 염기 개수(상댓값)

Schema 2

절반

복제 중인 DNA의 이중 가닥에서
 아데닌(A) 개수 = 타이민(T) 개수 + 유라실(U) 개수 이고
 구아닌(G) 개수 = 사이토신(C) 개수이다.

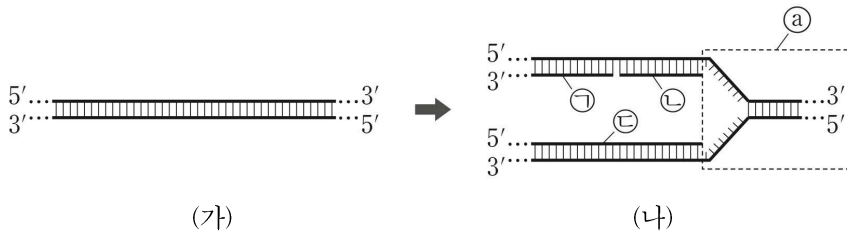
즉, 이중 가닥에서 ATU 염기 중 아데닌(A)이 절반이며
 GC 염기 중 구아닌(G)과 사이토신(C)의 개수는 각각 절반이라는 것을 의미한다.

이는 아데닌 개수를 여사건으로 활용하여
 타이민(T) 개수나 유라실(U) 개수를 추론할 수 있다는 것을 의미한다.

[예제]

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

- 그림 (가)는 DNA X를, (나)는 X가 복제되는 과정의 일부를 나타낸 것이다.
- (나)에서 염기의 개수는 1600 개이고, 그중 유라실(U)의 개수는 5 개이다.
- ㉠~㉢은 새로 합성된 가닥이다.
- ㉠(나)에서 복제되지 않은 부분의 염기 개수는 X의 염기 개수의 40%이다.
- (나)에서 ㉠의 염기 개수와 ㉡의 염기 개수의 합은 ㉢의 염기 개수와 같으며, ㉢의 G+C 함량은 40%이고, ㉠의 G+C 함량은 60%이다.



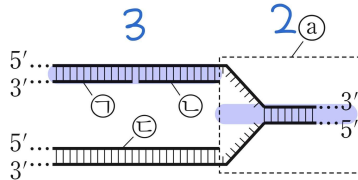
다음 정오를 판단하십시오
 (단, 돌연변이는 고려하지 않는다.)

- ① (가)에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{13}{12}$ 이다.
- ② (나)에서 타이민(T)의 개수 = 435개이다.

Schema 2

절반

(나)에서 복제되지 않은 부분의 염기 개수는 X의 염기 개수의 40%이므로
 (가)의 X 중 복제된 부분의 염기 개수는 X의 염기 개수의 60%이다.



또한 (나)에서 복제되지 않은 부분의 GC 함량은 60%이고
 (가)의 X 중 복제된 부분의 GC 함량은 40%이므로

X의 GC 함량은 40%와 60%를 2:3으로 내분하는 48%이다.

$$\therefore \frac{A+T}{G+C} = \frac{52}{48} = \frac{13}{12} \text{이다.}$$

(나)에서 ①의 염기 개수는 400개이므로 AT 개수는 160개, T 개수는 80개이다.
 (나)에서 ②를 제외한 부분의 염기 개수는 1200개이므로 ATU 개수는 720개
 A 개수는 360개이다. (나)에서 ②를 제외한 부분에 있는 유라실(U)의 개수는 5개이므로
 (나)에서 ②를 제외한 부분의 타이민(T) 개수는 355개이다.

∴ (나)에서 타이민(T) 개수는 435개이다,

[Bridge - 내분]

위 상황을 수식으로 전개하면 다음과 같다.

[수식 관점]

$$m\% \times \frac{a}{a+b} + n\% \times \frac{b}{a+b} = \frac{am+bn}{a+b}\%$$

위 수식을 수평선 상(기하 관점)에서 관찰하면 다음과 같다.

[기하 관점]

⇒ n%와 m%를 a:b로 내분하는 지점

내분의 관점은 3 중 2 가 비율 관계로 얽여있을 때 활용할 수 있다.

Schema 3
가닥 간 관계

mRNA의 전사에서 주형 가닥과 mRNA는 다음 관계를 가진다.

[상보적인 염기]

	mRNA	주형 가닥
	아데닌(A) 개수	= 타이민(T) 개수
	유라실(U) 개수	= 아데닌(A) 개수
	구아닌(G) 개수	= 사이토신(C) 개수
	사이토신(C) 개수	= 구아닌(G) 개수

전제

주형 가닥과 비주형 가닥의 염기는 모두 염기쌍을 이루고, mRNA는 100% 전사되었다.

이때 주형 가닥과 비주형 가닥은 서로 상보적인 염기쌍을 구성하고 주형 가닥과 mRNA는 상보적인 염기로 전사되므로

비주형 가닥과 mRNA의 염기 양상은 유사하다.

[유사한 염기]

	mRNA	비주형 가닥
	아데닌(A) 개수	= 아데닌(A) 개수
	유라실(U) 개수	= 타이민(T) 개수
	구아닌(G) 개수	= 구아닌(G) 개수
	사이토신(C) 개수	= 사이토신(C) 개수

mRNA의 유라실(U) 개수와 비주형 가닥의 타이민(T) 개수를 제외하고 다른 염기의 조성은 정확하게 동일하다.

- ① DNA에서는 유라실(U)의 비율(개수)는 항상 0이다.
- ② mRNA에서 타이민(T)의 비율(개수)는 항상 0이다.
- ③ 비주형 가닥과 mRNA의 유라실(U)과 타이민(T)을 제외한 염기 조성은 동일하다.

를 활용하여 염기 조성을 추론할 수 있다.

Schema 4

곱상수

정량값으로 주어진 경우

비율로 바꿔 해제할 수 있는
지, 개수 그대로가 해제하기
쉬운지 관찰한 후 해석하자.

염기의 개수가 비율로 주어진 경우 비율로 우선 상황을 파악한 후, 자료 해석에 필요한
경우 정량값을 도출하는 것이 효율적이다.

[예제]

- DNA X는 300개의 염기쌍으로 구성된다.

- X에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{2}$ 이다.

- X의 한 단일 가닥 X₁에서 사이토신(C)의 비율은 24%이고, 피리미딘 계열 염기의
비율은 52%이다.

염기 조성 추론 - 개수

Schema 4

곱상수

주어진 상황을 ㉠ 비율로 정리하면 다음과 같다.

%	A	T	G	C	계
X ₁	32	28	16	24	100

주어진 상황을 ㉡ 정량값으로 정리하면 다음과 같다.

개수	A	T	G	C	계
X ₁	96	84	48	72	300

비율로 상황을 인지한 후, 정확한 값이 필요할 때만 정량값으로 끌고가는 게 효율적일 수 있으며 비율과 정량값을 곱상수를 도입하여 매개할 수 있다.

곱상수

$$\text{비율} \times \text{곱상수} = \text{개수}$$

×3 (곱상수)	A	T	G	C	계
X ₁ 염기 비율	32	28	16	24	100
X ₁ 염기 개수	32×3	28×3	16×3	24×3	100×3

Schema 5

번역

번역

폴리펩타이드가 생성되는 과정의 의미가 아닌 “옮겨서 판단한다”라는 의미를 갖는다.

두 가닥 X_1 과 X_2 의 염기 비율이 제시되었을 때
두 가닥의 염기 개수가 동일하다면 상보성에 의해
 X_1 의 아데닌(A) 비율과 X_2 의 타이민(T) 비율은 동일하다.

따라서 상보적인 두 가닥의 비율을 모두 생각하지 않고
주요한 한 가닥으로 다른 가닥의 비율을 옮겨서 생각하면 간결할 수 있다.

활용 1) DNA X는 서로 상보적인 단일 가닥 X_1 과 X_2 로 이루어져 있고, 400개의 염기로

구성된다. X에서 $\frac{\text{아데닌(A) 개수} + \text{타이민(T) 개수}}{\text{구아닌(G) 개수} + \text{사이토신(C) 개수}} = \frac{3}{2}$ 이다. X_1 에서

구아닌(G)의 비율은 16%이고, 피리미딘 계열 염기의 비율은 52%이다.

X_2 에서 타이민(T)의 개수는?

Schema 5

번역

[활용 1 해제]

이중 가닥 DNA에서 아데닌(A)은 타이민(T)과, 구아닌(G)은 사이토신(C)과 상보적이다. 따라서 X₁과 X₂의 G+C 비율이 동일하다.

X에서 $\frac{\text{아데닌(A) 개수} + \text{타이민(T) 개수}}{\text{구아닌(G) 개수} + \text{사이토신(C) 개수}} = \frac{3}{2}$ 이고, 모든 염기 비율의 총합은

100%이므로 X₁과 X₂의 G+C 비율은 모두 40%이다.

X₁에서 구아닌(G)의 비율은 16%이므로 다음과 같이 정리할 수 있다.

	A	T	G	C	비율 합
X ₁			16	24	100%

피리미딘 계열 염기는 사이토신(C)과 타이민(T)이다.

X₁에서 피리미딘 계열 염기의 비율은 52%이므로 타이민(T)의 비율을 알 수 있다.

	A	T	G	C	비율 합
X ₁	32	28	16	24	100%

이중 가닥 DNA에서 아데닌(A)은 타이민(T)과, 구아닌(G)은 사이토신(C)과 상보적이므로 X₂의 타이민(T) 개수는 X₁의 아데닌(A) 개수와 동일하다.

X₂는 200개의 염기로 구성되고

(∵ X는 400개의 염기, X₁와 X₂의 염기 개수 동일)

비율의 총합은 100%이므로

X₂의 타이민(T) 개수는 32×2=64개이다.

Schema 5

번역

활용 2) DNA X는 서로 상보적인 단일 가닥 X_1 과 X_2 로 이루어져 있다.

X에서 사이토신(C)의 개수는 240개이고, X_1 에서 구아닌(G)의 개수는 90개이다.

X_2 에서 $\frac{\text{퓨린 계열 염기의 개수}}{\text{피리미딘 계열 염기의 개수}} = \frac{9}{11}$ 이고, 타이민(T)의 개수는 아데닌(A)의

개수의 2배이다.

X_1 의 전체 염기 중 아데닌(A)의 비율은?

Schema 5

번역

[활용 2 해제]

이중 가닥 DNA에서 아데닌(A)은 타이민(T)과, 구아닌(G)은 사이토신(C)과 상보적이다.

(∵ 교과 개념 3)

따라서 X에서 사이토신(C) 개수와 X₁의 구아닌(G)+사이토신(C) 개수는 동일하다.

∴ X₁의 구아닌(G)+사이토신(C) 개수는 240개이다.

∴ X₁의 사이토신(C) 개수는 150개이다.

구아닌(G)과 사이토신(C)의 개수를 알고 있으므로 다음과 같이 정리할 수 있다.

	A	T	G	C	갯수 합
X ₁			90	150	?

X₂에서 $\frac{\text{아데닌(A) 개수} + \text{구아닌(G) 개수}}{\text{타이민(T) 개수} + \text{사이토신(C) 개수}} = \frac{9}{11}$ 이므로

X₁에서 $\frac{\text{타이민(T) 개수} + \text{사이토신(C) 개수}}{\text{아데닌(A) 개수} + \text{구아닌(G) 개수}} = \frac{9}{11}$ 이다.

X₂에서 타이민(T)의 개수는 아데닌(A)의 개수의 2배이므로

X₁에서 아데닌(A)의 개수는 타이민(T)의 개수의 2배이다.

따라서 X₁에서 아데닌(A)의 개수를 2x, 타이민(T)의 개수를 x라 설정하면 다음이 성립한다.

	A	T	G	C	갯수 합
X ₁	2x	x	90	150	?

$$\frac{x + 150}{2x + 90} = \frac{9}{11}$$

∴ x = 150

	A	T	G	C	갯수 합
X ₁	240	120	90	150	600(개)

X₁의 전체 염기 중 아데닌(A)의 비율은 $\frac{240}{600}$ 이므로 40%이다.

Schema 6
조성 판단

염기 조성을 기입하는 표를 작성할 때 기준을
가닥 간 관계(상보성)로 잡는지,

세부 염기 조성($\frac{\text{아데닌(A) 개수} + \text{타이민(T) 개수}}{\text{구아닌(G) 개수} + \text{사이토신(C) 개수}}$)으로 잡는지에 따라

자료 정리할 수 있다.

전제

DNA X, DNA Y, mRNA Z

Trend

22학년도 수능 16번에서 관계
표의 특징을 직접적으로
질문하는 문항이 출제되었다.

[관계 표]

	A	T	U	G	C	개수 합
X ₁	240	120	0	90	150	600
X ₂	120	240	0	150	90	600
Y ₁	100	200	0	120	180	600
Y ₂	200	100	0	180	120	600
Z	240	0	120	90	150	600

⇒ X₁과 Z의 염기 조성이 유사하므로 Z의 주형 가닥은 X₂이다.

⇒ 핵심은 유사, 상보, 동일한 판단

[조성 표]

X ₁			Y ₁			Z		
	240	120		100	200		240	120
	90	150		120	180		90	150

⇒ X₁의 퓨린 계열 염기는 330개, GC 염기는 240개이다.

⇒ Y₁의 퓨린 계열 염기는 220개, GC 염기는 300개이다.

⇒ X₁과 Z의 염기 조성이 유사하므로 Z의 주형 가닥은 X₂이다.

Schema 6
조성 판단

[관계 표]

	A	T	U	G	C	개수 합
X ₁	240	120	0	90	150	600
X ₂	120	240	0	150	90	600
Y ₁	100	200	0	120	180	600
Y ₂	200	100	0	180	120	600
Z	240	0	120	90	150	600

[동일]

유사 가닥 간 아데닌(A), 구아닌(G), 사이토신(C)의 비율은 모두 동일하다.

	A	T	U	G	C	개수 합
X ₁	240	120	0	90	150	600
X ₂	120	240	0	150	90	600
Y ₁	100	200	0	120	180	600
Y ₂	200	100	0	180	120	600
Z	240	0	120	90	150	600

[상보]

상보 가닥에서 아데닌(A)과 타이민(T) 또는 아데닌(A)과 유라실(U)의 비율이 동일하며 상보 가닥에서 구아닌(G)과 사이토신(C)의 비율이 동일하다.

즉, 주형 가닥과 mRNA는 상보의 관계이므로 유사 가닥 or 상보 가닥을 통해 판단할 수 있다.

	A	T	U	G	C	개수 합
X ₁	240	120	0	90	150	600
X ₂	120	240	0	150	90	600
Y ₁	100	200	0	120	180	600
Y ₂	200	100	0	180	120	600
Z	240	0	120	90	150	600

[유사]

유사 가닥 간 타이민(T)의 비율과 유라실(U)의 비율은 동일하다

Schema 6
조성 판단

[조성 표]

X ₁			Y ₁			Z		
	240	120		100	200		240	120
	90	150		120	180		90	150

[수소 결합 개수]

X의 GC쌍은 240쌍, Y의 GC쌍은 300쌍, Z의 G+C는 240개이다.
따라서 Z는 X의 단일 가닥으로부터 전사되었다.

⇒ 100% 전사되었을 때, 다음은 모두 동일하다.

- ① 이중 가닥의 GC 쌍 개수와
- ② 이중 가닥 내 단일 가닥의 G+C 개수
- ③ 전사된 mRNA의 G+C 개수

X ₁			Y ₁			Z		
	240	120		100	200		240	120
	90	150		120	180		90	150

[퓨린 vs 피리미딘]

X₁의 퓨린 계열 염기는 330개, Y₁의 퓨린 계열 염기 220개, Z의 퓨린 계열 염기는 330개이다.

⇒ 100% 전사되었을 때, 다음은 모두 동일하다.

- ① 이중 가닥 내 mRNA의 유사 가닥에 있는 퓨린 계열 염기 개수
- ② 이중 가닥 내 mRNA의 상보 가닥에 있는 피리미딘 계열 염기 개수
- ③ 전사된 mRNA 내 퓨린 계열 염기 개수

Schema 요약

Schema 1 비율 관점

정량값으로 주어진 상황을 하나하나 계산하는 상황인지 비율로 끝낼 수 있는 문항인지 먼저 확인하자. 후자라면 비율로 끌고간 후 마지막 구하는 값만 끌어내는 것이 빠르고 정확하다.

이때 염기 중에서도 ATU 계열 염기보다는 GC 계열 염기 비율을 우선으로 생각하고 ATU 계열 염기 비율은 전체 염기 비율의 여사건으로 생각하는 게 좋다.

Schema 2 절반

복제 중인 DNA의 이중 가닥에서
아데닌(A) 개수 = 타이민(T) 개수 + 유라실(U) 개수 이고
구아닌(G) 개수 = 사이토신(C) 개수이다.

이는 이중 가닥에서 ATU 염기 중 아데닌(A)이 절반이며
GC 염기 중 구아닌(G)과 사이토신(C)의 개수는 각각 절반이라는 것을 의미한다.

Schema 3 가닥 간 관계

mRNA의 전사에서 DNA 단일 가닥과 mRNA는 유사 or 상보의 관계이다.
이때 다음이 성립한다.

- ① DNA에서는 유라실(U)의 비율(개수)는 항상 0이다.
- ② mRNA에서 타이민(T)의 비율(개수)는 항상 0이다.
- ③ 비주형 가닥과 mRNA의 유라실(U)과 타이민(T)을 제외한 염기 조성은 동일하다.

Schema 4 곱상수

비율을 정량값(개수)로 판단할 때 곱상수를 도입할 수 있다.
이는 단일 가닥의 염기 조성을 파악하는 과정에서 범용적으로 활용할 수 있다/

Schema 5 번역

두 가닥 X_1 과 X_2 의 염기 비율이 제시되었을 때
두 가닥의 염기 개수가 동일하다면 상보성에 의해
 X_1 의 아데닌(A) 비율과 X_2 의 타이민(T) 비율은 동일하다.

따라서 주요한 한 가닥으로 다른 가닥의 비율을 옮겨서 생각할 수 있다.

Schema 6 조성 판단

유사, 상보, 동이를 판단할 때 관계 표나 조성 표를 활용할 수 있다.