



Present [:선물]

생명과학 II

교재 내 내용에 대한 소통을 위한 링크, 추가 정보를 담은 QR 코드입니다.

[정오표 & 추가 자료 링크]

<https://cafe.naver.com/present100>

[영상 해설 (댓글)]

<https://youtu.be/RJnTzfyYXhc>

[인강 문의]

02-522-0207

[메일 주소]

ywb0206@naver.com

[QR Code]

- DNA 복제 과정 000
- DNA 복제 세부 000

Chapter 2 염기 추론형

- 출제 경향 & 키포 000
- 출제 유형 000
- 수능 유사 문항 000

Theme 4 염기 조성 추론

- 단위 목표 & 출제 유형 000
- 유형 분류 000
- 개수 추론
 - Schema 1 비율 관점 000
 - Schema 2 절반 000
 - Schema 3 가닥 간 관계 000
 - Schema 4 비율 vs 개수 000
 - Schema 5 번역 000
 - Schema 6 조성 판단 000
 - Schema 요약 000
- 거시 추론
 - Schema 1 수소 결합 000
 - Schema 2 GC 우선 000
 - Schema 3 구간 분류 000
 - Schema 4 가닥 설정 000
 - Schema 5 $\frac{A+T}{G+C} = k$ 000
 - Schema 6 이중 가닥 정보 000
 - Schema 7 염기의 분류 000
 - Schema 8 염기 종류 000
 - Schema 9 단일 가닥 염기 조성 000
 - Schema 10 정체성 파악 000
 - Schema 요약 000
- 미시 추론
 - Schema 1 수소 결합 000
 - Schema 2 염기의 종류 000
 - Schema 3 프라이머 000
 - Schema 4 번역 000
 - Schema 요약 000

2

Chapter

염기 추론형

염기 추론형

Chapter 2 염기 추론형

[출제 유형]

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 2배이다.
- Z에서 유라실(U)의 개수는 120 개이고, 퓨린 계열 염기의 개수는 피리미딘 계열 염기의 개수보다 120 개 많다.

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

- <보 기>
- ㄱ. Y에서 사이토신(C)의 개수는 240 개이다.
 - ㄴ. Z가 만들어질 때 주형으로 사용된 DNA 가닥은 X₁이다.
 - ㄷ. 염기 간 수소 결합의 총개수는 X에서 Y에서보다 30 개 적다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄱ, ㄷ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

21학년도 수능

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㉡CTGCGCAATTAGGTCGTTTC-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, 틀린변이는 고려하지 않는다.) [3점]

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

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄱ, ㄷ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

22학년도 수능

[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 ㉑가 합성되었고, 나머지 한 가닥을 주형 가닥으로 사용하여 2개의 가닥 ㉒와 ㉓가 합성되었다.
- I의 염기 서열은 다음과 같다. ㉔~㉗은 A, C, G, T를 순서 없이 나타낸 것이고, ㉘은 피리미딘 계열 염기이다.
 $5' - \text{㉔} \text{㉕} \text{㉖} \text{㉗} \text{㉘} \text{㉙} \text{㉚} \text{㉛} \text{㉜} \text{㉝} \text{㉞} \text{㉟} \text{㊱} \text{㊲} \text{㊳} \text{㊴} \text{㊵} \text{㊶} \text{㊷} \text{㊸} \text{㊹} \text{㊺} - 3'$
- I에서 $\frac{G+C}{A+T} = 1$ 이다.
- ㉒는 20개의 염기로, ㉓와 ㉔는 각각 10개의 염기로 구성되고, ㉕는 프라이머 X를, ㉖는 프라이머 Y를, ㉗는 프라이머 Z를 가진다.
- X~Z는 각각 4개의 염기로 구성되고, X는 3종류의 염기로, Y와 Z는 각각 2종류의 염기로 구성된다.
- ㉘에서 $\frac{C}{G} = 1$ 이고, ㉙에서 $\frac{G}{C} = 1$ 이다. ㉚에서 $\frac{T}{C} = \frac{1}{2}$ 이다.

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

- <보 기>
- ㄱ. ㉒가 ㉓보다 먼저 합성되었다.
 ㄴ. 피리미딘 계열 염기의 개수는 ㉓에서가 ㉔에서보다 많다.
 ㄷ. 프라이머에 있는 구아닌(G)의 개수는 $Z > X > Y$ 이다.

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, 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. ㉑+㉕=16이다.
 ㄴ. ㉓은 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 구성되며, 염기 서열은 다음과 같다. ㉑은 아데닌(A), 사이토신(C), 구아닌(G), 타이민(T) 중 하나이다.
 $5\text{-CAA}\text{㉑}\text{TTCGAG}\text{㉒}\text{CTGCGCAATTAGGTCGTTC}\text{-3}$
- I을 주형으로 하여 지연 가닥이 합성되는 과정에서 가닥 ㉓와 ㉔가 합성된다. ㉓와 ㉔의 염기 개수의 합은 30이다.
- ㉓는 프라이머 X를, ㉔는 프라이머 Y를 가지고, X와 Y는 각각 4개의 염기로 구성되며, X에서 $\frac{C}{A} = 1$ 이다.
- ㉓에서 X를 제외한 나머지 부분에서 풀린 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. ㉑은 아데닌(A)이다.
 ㄴ. ㉓가 ㉔보다 먼저 합성되었다.
 ㄷ. ㉓에서 풀린 계열 염기의 개수는 7개이다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄱ, ㄷ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

22학년도 수능 11번

염기 추론형

[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 5개의 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

$(II + III = 37, \textcircled{A} + \textcircled{D} = 30)$

- 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)

킬포 모의고사

22학년도 수능 대비로 시행된 인강 모의고사

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

○ 이중 가닥 DNA를 구성하는 단일 가닥 I은 30개의 염기로 구성되며, 염기 서열은 다음과 같다. ㉠은 아데닌(A), 사이토신(C), 구아닌(G), 타이민(T) 중 하나이다.

5'-CAA㉠TTCGAG㉡CTGCGCAATTAGGTCGTTC-3'

○ I을 주형으로 하여 지연 가닥이 합성되는 과정에서 가닥 ㉢과 ㉣가 합성된다. ㉢과 ㉣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 감했다는 점에서 킬포가 있다고 할 수 있다.

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

염기 추론형

[22학년도 염기 추론형 : 유사 문항 (수능 15번)]

11. 다음은 이중 가닥 DNA x를 이용한 실험이다.

○ x는 ⑦개의 염기쌍으로 이루어져 있고, 그림은 제한 효소 ㉠~㉢이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.

$$\begin{array}{c} 5'-\text{G}\overline{\text{C}}\text{TAGC}-3' \\ 3'-\text{CGATC}\overline{\text{G}}-5' \end{array}$$

㉠

$$\begin{array}{c} 5'-\text{GGGC}\overline{\text{C}}-3' \\ 3'-\text{CCGGG}\overline{\text{C}}-5' \end{array}$$

㉡

$$\begin{array}{c} 5'-\text{A}\overline{\text{C}}\text{TAGT}-3' \\ 3'-\text{TGATC}\overline{\text{A}}-5' \end{array}$$

㉢

⋮	절단 위치
---	-------

○ x에 있는 제한 효소 ㉠~㉢이 인식하는 염기 서열 개수는 표와 같다.

제한 효소	인식 서열 개수
㉠	?
㉡	?
㉢	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	㉠	㉡	㉠, ㉡	㉠, ㉢	㉡, ㉢	㉠, ㉡, ㉢
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? [3 점]

— < 보 기 > —

ㄱ. ㉡는 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

킬포 모의고사 9회 18번

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

당해 시행된 22 수능 문항 IDEA에 매운맛 + 매운맛인 문항....

- 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.

15. 다음은 이중 가닥 DNA x 와 제한 효소에 대한 자료이다.

○ x 는 40개의 염기쌍으로 이루어져 있고, x 중 한 가닥 x_1 의 염기 서열은 다음과 같다.

5-ATATC ? ATAAT-3'

○ 그림은 제한 효소 EcoR I, Pvu I, Rsa I, Xho I 이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.

5-GAATTC-3' 5-CGATCG-3' 5-GTAC-3' 5-CTCGAG-3'
 3-CTTAAG-5' 3-GCTAGC-5' 3-CA[|]TG-5' 3-GAGCTC-5'

EcoR I Pvu I Rsa I Xho I

[: 절단 위치]

○ x 를 시험관 I~VI에 넣고 제한 효소를 첨가하여 완전히 자른 결과 생성된 DNA 조각 수와 각 DNA 조각의 염기 수는 표와 같다.

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소	EcoR I	Pvu I	Rsa I	Xho I	Pvu I, Xho I	EcoR I, Rsa I
생성된 DNA 조각 수	3	3	2	2	4	4
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	16, 26, 38	14, 26, 40	34, 46	36, 44	14, 18, 22, 26	?

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

—<보 기>—

ㄱ. x_1 에는 염기 서열이 5'-GTACG-3'인 부위가 있다.
 ㄴ. II에서 생성된 DNA 조각 중 염기 개수가 26개인 조각에서 아데닌(A)의 개수는 10개이다.
 ㄷ. VI에서 염기 개수가 20개인 DNA 조각이 생성된다.

- ① ㄱ ② ㄷ ③ ㄱ, ㄴ ④ ㄴ, ㄷ ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

22학년도 수능 15번

- 왼쪽 문항은 염기쌍 개수 또한 감췄으나
22학년도 수능 문항의 경우 염기쌍 수는 제시했다
- 왼쪽 문항은 생성된 DNA 조각 수를 감췄으나
22학년도 수능 문항의 경우 생성된 DNA 조각 수를 제시하였다.
- 킬포 8회 11번 문항은 거시적인 염기 개수 파악을 요구했으나 (상대적 위치 파악)
22학년도 수능 15번 문항은 염기 서열의 미시적인 추론을 요구하였다.



염기 조성 추론

염기 조성 추론

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 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 $\frac{\text{퓨린 계열 염기의 개수}}{\text{피리미딘 계열 염기의 개수}} = \frac{2}{3}$ 이고, 사이토신(C)의 개수는 150개이다.
- Y_1 에서 구아닌(G)의 개수는 90개이다.
- Y_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.
- 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.)

<보기>

- ㄱ. Y에서 사이토신(C)의 개수는 240개이다.
- ㄴ. Z가 만들어질 때 주형으로 사용된 DNA 가닥은 X_1 이다.
- ㄷ. 염기 간 수소 결합의 총개수는 X에서가 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, ㉠~㉤은 A, C, G, T, U를 순서 없이 나타낼 것이다.

구분	염기 수				
	㉠	㉡	㉢	㉣	㉤
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.)

<보기>

- 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

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 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 210 개이다.
- X_2 에서 퓨린 계열 염기의 개수 = $\frac{2}{3}$ 이고, 사이토신(C)의 개수는 150 개이다.
- Y_1 에서 구아닌(G)의 개수는 90 개이다.
- 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 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 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 , 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

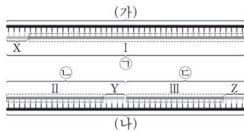
22학년도 수능

㉡ 거시 추론

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

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

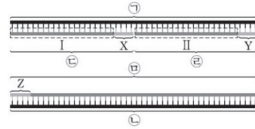
- (가)와 (나)는 복제 주형 가닥이고, 서로 상보적이며, ㉠, ㉡, ㉢은 새로 합성된 가닥이다.
- (가), (나), ㉠은 각각 44 개의 염기로 구성되고, ㉡과 ㉢은 각각 22 개의 염기로 구성된다.
- 프라이머 X, Y, Z는 각각 4 개의 염기로 구성된다. X는 피리미딘 계열에 속하는 2 종류의 염기로 구성되고, X와 Y는 서로 상보적이다.
- I에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{2}{3}$ 이고, II에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{1}{2}$ 이다.
- (가)와 ㉠ 사이의 염기 간 수소 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, ㉢과 ㉤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 $\frac{A}{G} = \frac{9}{7}$, $\frac{㉣}{㉤} = \frac{3}{5}$ 이다. ㉣과 ㉤은 사이토신(C)과 티민(T)을 순서 없이 나타낸 것이다.



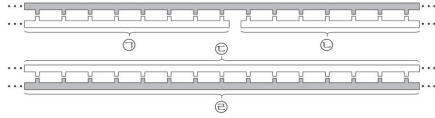
20학년도 수능

염기 조성 추론

㉔ 미시 추론

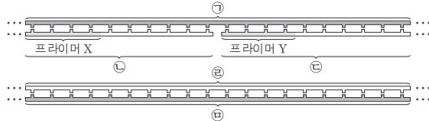
염기의 개수가 대체로 적은 단일 가닥의 세세한 염기 조성 추론을 요구한다.
수소 결합과 염기의 종류 조건이 해제의 중추로 작용한다.

- ㉑~㉓은 새로 합성된 가닥이며, ㉔은 ㉑의 주형 가닥이다.
- ㉑~㉓의 말단에는 3개의 뉴클레오타이드로 이루어진 프라이머가 있다.
- ㉑~㉓에 있는 프라이머의 염기 서열은 모두 같으며 한 종류의 염기로만 구성된다.
- ㉑과 ㉒은 각각 두 종류의, ㉓은 네 종류의 염기를 포함한다.
- ㉑과 주형 가닥 사이의 수소 결합 수보다 ㉒과 주형 가닥 사이의 수소 결합 수가 크다.
- ㉓에서 피리미딘 계열 염기의 수보다 퓨린 계열 염기의 수가 크다.



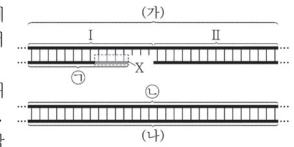
16학년도 9평

- ㉑과 ㉓은 서로 상보적이며 각각 20개의 염기로 구성된 복제 주형 가닥이고, ㉒~㉓은 새로 합성된 가닥이다.
- ㉑에서 $\frac{\text{피리미딘 계열 염기 수}}{\text{퓨린 계열 염기 수}} = \frac{2}{3}$ 이다.
- ㉑과 ㉒ 사이의 염기 간 수소 결합 수는 ㉑과 ㉓ 사이의 염기 간 수소 결합 수와 같다.
- ㉓과 ㉓ 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 ㉓에는 있지만 ㉒에는 없다.



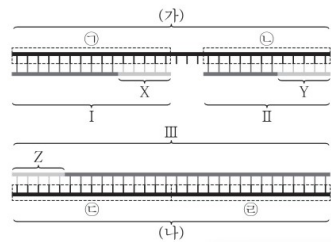
18학년도 6평

- (가)와 (나)는 복제 주형 가닥이며, 서로 상보적이다.
- I과 II는 각각 15개의 염기로 구성된다.
- ㉑과 ㉒은 새로 합성된 가닥이며, ㉑은 12개의 염기로, ㉒은 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, ㉒, ㉓은 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 ㉓의 개수 = $\frac{3}{2}$ 이다. ㉓와 ㉓은 각각 A, G, C, T 중 하나이다.
- ㉓과 II 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수 = $\frac{4}{5}$ 이다.
- ㉓과 III 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수 = $\frac{4}{5}$ 이다.
- ㉓에서 $\frac{C \text{의 개수}}{G \text{의 개수}} = 1$ 이다.



20학년도 10교

염기 조성 추론 - 개수
Schema 1

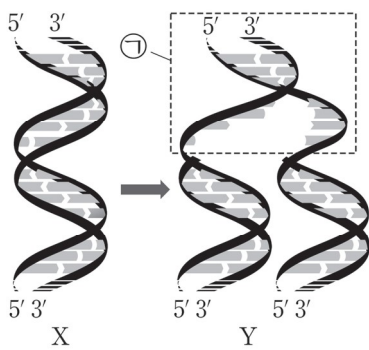
비율 관점

정량값으로 주어진 상황을 판단해야 할 수도 있으나
비율 관점에서 끝냈을 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 ⊕의 G+C 함량은 45%이다.

[15 수능]

다음 선지의 정오를 판정하시오.

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

염기 조성 추론

염기 조성 추론 - 개수

Schema 1

비율 관점

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

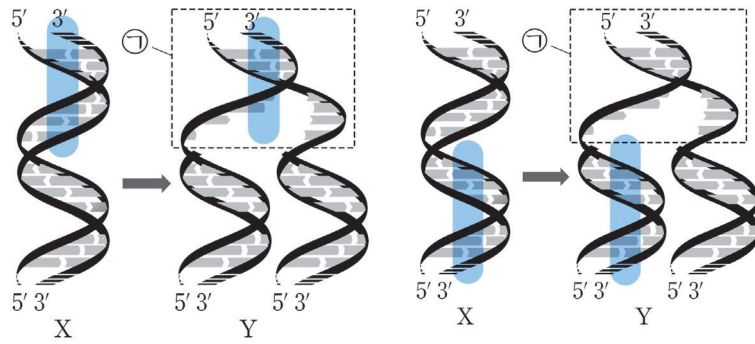


그림 1

그림 2

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.

염기 조성 추론 - 개수
Schema 1

비율 관점

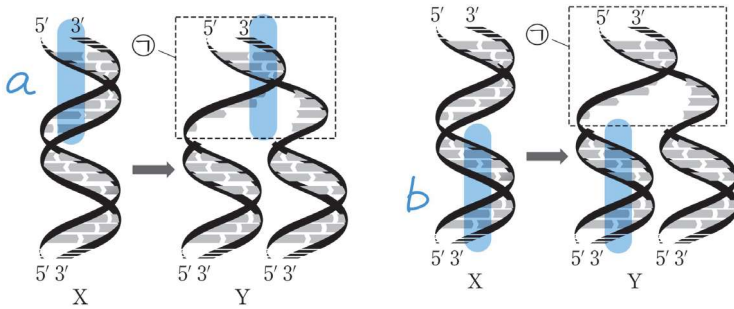


그림 1

그림 2

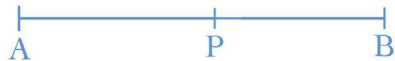
⊙에 상응하는 DNA 가닥의 염기 개수 : 새로 합성된 DNA 가닥의 염기 개수 = $a : b$
 ⊙에 상응하는 DNA 가닥의 G+C 함량 : 새로 합성된 DNA 가닥의 G+C 함량 = $m : n$
 라 하자. (단, $m + n = 100$ 이다.)

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)

염기 조성 추론

염기 조성 추론 - 개수 Schema 2

절반

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

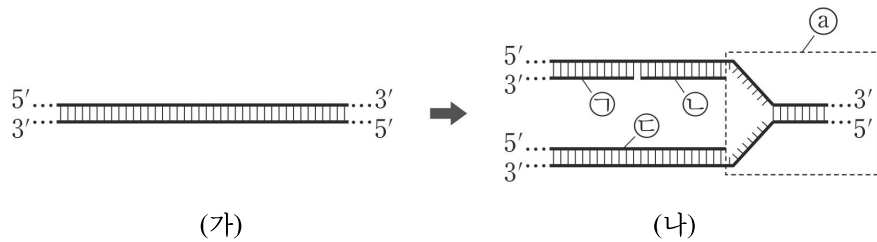
즉, 이중 가닥에서 ATU 염기 중 아데닌(A)이 절반이며
 GC 염기 중 구아닌(G)과 사이토신(C)의 개수는 각각 절반이라는 것을 의미한다.

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 1600개이고, 그중 유라실(U)의 개수는 5개이다. ㉠~㉣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.



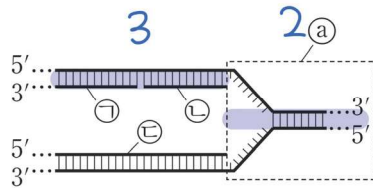
다음 정오를 판단하시오
 (단, 돌연변이는 고려하지 않는다.)

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

염기 조성 추론 - 개수
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.

\therefore (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]

$\Rightarrow n\%$ 와 $m\%$ 를 $a : b$ 로 내분하는 지점

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

염기 조성 추론

전제

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

염기 조성 추론 - 개수
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

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.

염기 조성 추론 - 개수
Schema 4

곱상수

염기의 개수가 **비율**로 주어진 경우 비율로 우선 상황을 파악한 후, 자료 해석에 필요한 경우 정량 값을 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.

정량값으로 주어진 경우

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

염기 조성 추론

염기 조성 추론 - 개수
Schema 4

곱상수

주어진 상황을 ㉠ **비율**로 정리하면 다음과 같다.

%	A	T	G	C	계
X_1	32	28	16	24	100

주어진 상황을 ㉡ **정량값**으로 정리하면 다음과 같다.

개수	A	T	G	C	계
X_1	96	84	48	72	300

곱상수

비율 \times 곱상수 = 개수

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

$\times 3$ (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

염기 조성 추론 - 개수
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 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 구성된

다. 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?

번역

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

염기 조성 추론

염기 조성 추론 - 개수
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.

염기 조성 추론 - 개수
Schema 5

번역

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

X 에서 사이토신(C)의 개수는 240개이고, X_1 에서 구아닌(G)의 개수는 90개이다. X_2 에

서 $\frac{\text{퓨린 계열 염기의 개수}}{\text{피리미딘 계열 염기의 개수}} = \frac{9}{11}$ 이고, 타이민(T)의 개수는 아데닌(A)의 개수의 2

배이다.

X_1 의 전체 염기 중 아데닌(A)의 비율은?

염기 조성 추론

염기 조성 추론 - 개수
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.

염기 조성 추론 - 계수
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.

[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		
	240	120
	90	150

Y ₁		
	100	200
	120	180

Z		
	240	120
	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.

전제

DNA X, DNA Y, mRNA Z

Trend

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

염기 조성 추론

염기 조성 추론 - 개수
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

염기 조성 추론 - 개수
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

염기 조성 추론

염기 조성 추론 - 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 여사건**으로 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 절반**이며
GC 염기 중 **구아닌(G)과 사이토신(C)의 개수는 각각 절반**이라는 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, 동일을 판단할 때 관계 표나 조성 표를 활용할 수 있다.

염기 조성 추론

염기 조성 추론 - 거시 Schema 7

염기의 분류

① 수소 결합 개수

$$(ATU / GC) = (2개의 수소 결합 / 3개의 수소 결합)$$

[20 수능] I 에서 $\frac{A+T}{G+C} = 3$ 이고, ㉔에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{2}$ 이다.

㉑과 ㉔ 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 56개이다.

② 고리의 개수

$$(AG / CTU) = (大 / 小) = (고리 2개 / 고리 1개)$$

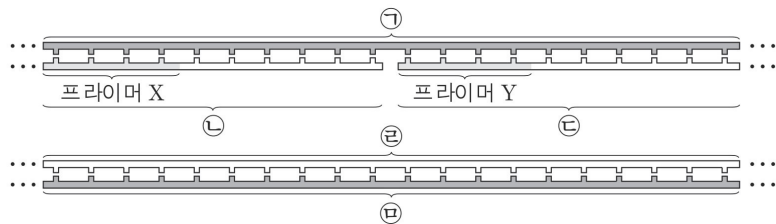
[18 6평] ㉑에서 $\frac{\text{피리미딘 계열 염기의 개수}}{\text{퓨린 계열 염기의 개수}} = \frac{2}{3}$ 이다.

[21 6평] X와 Z에서 각각 $\frac{\text{피리미딘 계열 염기의 개수}}{\text{퓨린 계열 염기의 개수}} = 2$ 이다.

고리의 개수 조건은 $\frac{A+T}{G+C} = k$ 와 달리 A와 A^c 관계로 분류되어 번역하기에 용이하다.

[번역]

문제에서 “정보의 위상이 높은 가닥으로 조건을 몰아서 생각하는 것”으로 정의하자.



예를 들어 ㉑에서 $\frac{\text{피리미딘 계열 염기의 개수}}{\text{퓨린 계열 염기의 개수}} = \frac{2}{3}$ 이다”라고 조건이 제시되었다고 ㉑의 염기

조성을 파악하는 것 보다는 정보의 위상이 높은 가닥인 “㉑+㉒에서 $\frac{\text{피리미딘 계열 염기의 개수}}{\text{퓨린 계열 염기의 개수}} = \frac{3}{2}$ 이다” 조건으로 몰아 생각하는 게 유리하다

더 나아가 ㉑이 20개의 염기로 구성된다고 주어져 있다면, 모든 염기는 퓨린 계열 또는 피리미딘 계열 중 하나에 속하므로, “㉑+㉒의 퓨린 계열 염기가 8개이다”로 바꿔 생각할 수 있다.

염기의 분류

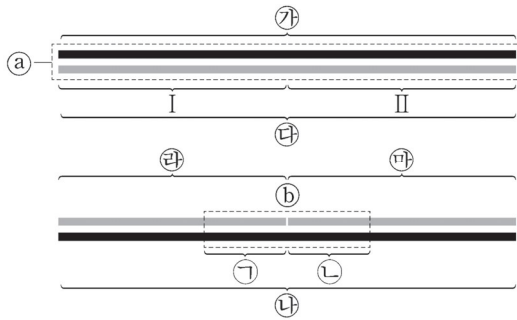
③ 유라실(U) 유무

[U가 있다.]

“U가 있다”는 자체로 프라이머가 있다는 것을 알 수 있고, 가닥의 방향성을 파악할 수 있다.
U가 있다 ⇒ 프라이머의 위치 ⇒ 단일 가닥의 방향성

[U가 없다.]

순수한 DNA 가닥 ⇒ U가 없다 ⇒ $\frac{A+T}{G+C} = k$ 조건에서 (AT / GC)의 정량값.



[순수한 DNA 가닥]

㉑와 ㉒는 추가 조건이 주어지지 않아도 반드시 순수한 DNA 가닥(=U가 없다)이지만
㉓, ㉔, ㉕, ㉖, ㉗, ㉘, ㉙, ㉚, ㉛, ㉜, ㉝, ㉞, ㉟, ㊱, ㊲, ㊳, ㊴, ㊵, ㊶, ㊷, ㊸, ㊹, ㊺, ㊻, ㊼, ㊽, ㊾, ㊿의 경우 프라이머의 위치를 판명해야 한다. 즉, U가 있을 수 있다.

조건을 통해 어떤 가닥에 U가 있음이 판명된다면 프라이머가 있음을 알 수 있다.

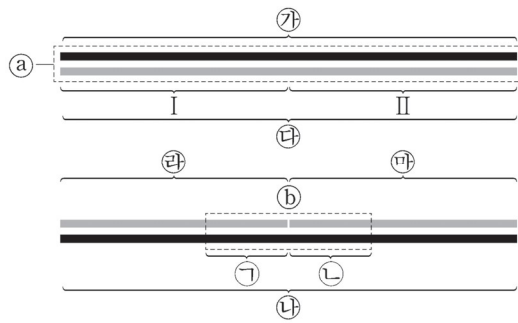
- ㉑와 ㉒는 각각 44개의 염기로 구성되고, ㉓, ㉔, ㉕, ㉖, ㉗, ㉘, ㉙, ㉚, ㉛, ㉜, ㉝, ㉞, ㉟, ㊱, ㊲, ㊳, ㊴, ㊵, ㊶, ㊷, ㊸, ㊹, ㊺, ㊻, ㊼, ㊽, ㊾, ㊿는 각각 22개의 염기로 구성된다.
- ㉓는 16개의 염기쌍으로 구성되고, ㉔과 ㉕은 각각 8개의 염기로 구성된다.
- ㉖에서 $\frac{A+T}{G+C} = 1$ 이고, ㉗에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{25}{18}$ 이며, ㉘에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{4}{11}$ 이다.
- ㉑와 ㉒ 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 55개이다.

이때 가닥 ㉓, ㉔, ㉕의 U의 조성을 파악해보자.

염기 조성 추론

염기 조성 추론 - 거시
Schema 7

염기의 분류



1st 수소 결합 조건

짧은 가닥 II의 염기 개수는 22개이다.

따라서 $2 \times 22 + (\text{II의 } G+C \text{ 개수}) = 55$ 이므로 II의 $G+C$ 개수=11이다.

이때 II에서 $\frac{A+T}{G+C} = 1$ 조건에 의해 II의 $A+T$ 개수=11이고 II는 22개의 염기로 구성되므로

U가 없음을 파악할 수 있다.

$$2^{\text{nd}} \frac{A+T}{G+C} = k \text{ 조건}$$

- ㉓에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{25}{18}$ 이며, ㉔에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{4}{11}$ 이다.

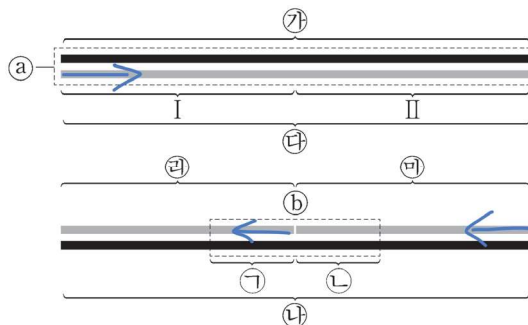
㉓의 염기는 44×2 개이므로

$\frac{A+T}{G+C} = \frac{25}{18}$ 의 곱상수는 $\times 2$, ㉓에 있는 유라실(U)은 2개로 결정된다.

이때 II에는 유라실(U)이 없으므로 I에 유라실(U)이 2개 존재한다.

RNA 프라이머는 복제 중인 DNA 단일 가닥 말단에 존재하므로

프라이머의 위치가 다음과 같이 결정된다.



염기 조성 추론 - 거시
Schema 7

염기의 분류

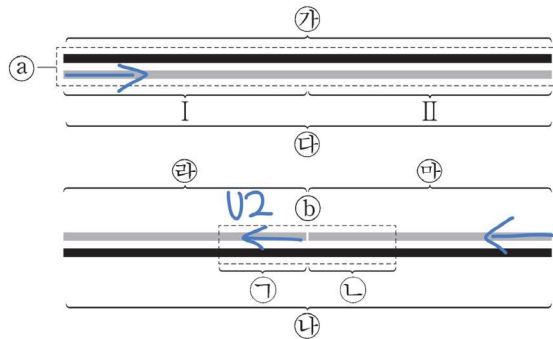
2nd $\frac{A+T}{G+C} = k$ 조건

- ㉔에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{4}{11}$ 이다.

㉔의 염기는 16×2개이므로

$\frac{A+T}{G+C} = \frac{4}{11}$ 의 곱상수는 ×2, ㉔에 있는 유라실(U)은 2개로 결정된다.

따라서 ㉔에 있는 프라이머에는 유라실(U)이 2개 있다.



[Schema 7 요약]

염기의 분류 기준에는 수소 결합 개수, 고리의 개수, 유라실(U) 조성이 있다.

수소 결합 개수 조건을 우선으로 유라실(U) 조성을 파악한 후

고리의 개수 조건으로 남은 염기 조성을 판단하는 클리셰로 흘러갈 가능성이 높다.

개 vs 쌍
염기 16쌍은 염기 32개이다.

위치 추론형

지금까지 출제된 염기 위치 추론 문항은 두 유형으로 나뉜다.

㉠ 염기 서열 (프라이머)

프라이머의 염기 서열이나 주형 DNA 가닥의 염기 수열이 주어지며 일부 서열을 감추거나 원 문자로 제시하기도 한다.

자연 가닥의 위치, 프라이머의 위치, 특정 유전자의 위치를 질문할 수 있으며 세부 염기 조성 질문이 가능한 유형이다.

22학년도 6월 평가원, 9월 평가원, 수능 모두 프라이머 위치 추론이 출제되어 당해 경향성이 지속되었다.

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. ①~④은 A, C, G, T를 순서 없이 나타낸 것이고, ⑤는 피리미딘 계열 염기이다.
5'-①②③④⑤⑥⑦⑧⑨⑩⑪⑫⑬⑭⑮⑯⑰⑱⑲⑳㉑㉒㉓㉔㉕㉖㉗㉘㉙㉚㉛㉜㉝㉞㉟㊱㊲㊳㊴㊵㊶㊷㊸㊹㊺-3'
- 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 $\frac{G}{C} = 1$ 이고, $\frac{A}{T} = 1$ 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 $Z > X > Y$ 이다.

22학년도 9평

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

- 이중 가닥 DNA를 구성하는 단일 가닥 I은 30개의 염기로 구성되며, 염기 서열은 다음과 같다. ㉠은 아데닌(A), 사이토신(C), 구아닌(G), 타이민(T) 중 하나이다.
5'-CAA㉠TTTCGAG㉡CTGGCGAATTAGGTCGTTTC-3'
- I을 주형으로 하여 자연 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

[Killing Point]

- 상보성 or 주형성 숨김
- 염기 서열 일부 제시
- 염기 서열 원 문자 제시
- 염기의 분류 기준 활용
- 구체적인 번역
- 염기 종류 조건 활용

염기 위치 추론

㉔ 제한 효소

제한 효소의 인식 서열이나 주형 DNA 가닥의 염기 수열이 주어지며 둘 다 주어지기도, 하나만 주어지기도 한다.

제한 효소의 특징을 이용하여 **생성된 가닥의 염기 개수**를 추론하는 형태로 출제되며

이전 교육과정에서 PCR 결과 생성된 이중 가닥이나 유전자 재조합에 대해 질문한 바 있으므로 **재조합 DNA 생성이나 유전자 재조합**에 대한 대비도 해둘 필요가 있다.

11. 다음은 이중 가닥 DNA x를 이용한 실험이다.

○ x는 31개의 염기쌍으로 이루어져 있고, x 중 한 가닥의 염기 서열은 다음과 같다. ①~④은 A, C, G, T를 순서 없이 나타낸 것이다.
 5'-CCGCGCCGCTG①②③④⑤⑥⑦⑧⑨⑩⑪⑫⑬⑭⑮⑯⑰⑱⑲⑳㉑㉒㉓㉔㉕㉖㉗㉘㉙㉚㉛㉜㉝㉞㉟㊱㊲㊳㊴㊵-3'
 ○ 그림은 제한 효소 BamHI, BglII, EcoRI, SmaI이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.
 5'-GGATCC-3' 5'-AGATCT-3' 5'-GAATTC-3' 5'-CCCGGG-3'
 3'-CCTAGG-5' 3'-TCTAGA-5' 3'-CTTAAG-5' 3'-GGCCC-5'
 BamHI BglII EcoRI SmaI
 :: 절단 위치

(실험 과정 및 결과)
 (가) 제한 효소 반응에 필요한 물질과 x가 들어 있는 시험관 I~V를 준비한다.
 (나) (가)의 I~V에 표와 같이 제한 효소를 첨가하여 반응시킨다. V에 첨가한 제한 효소는 BamHI, BglII, EcoRI, SmaI 중 2가지이다.
 (다) (나)의 결과 생성된 DNA 조각 수와 각 DNA 조각의 염기 수를 확인한 결과는 표와 같다.

시험관	I	II	III	IV	V
첨가한 제한 효소	BamHI	BglII	EcoRI	SmaI	?
생성된 DNA 조각 수	2	2	2	3	3
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	?	?	?	20, 20, 22	8, 24, 30

21학년도 수능

[Killing Point]

- 제한 효소의 성질 활용
- 염기 서열 일부 제시
- 염기 서열 원 문자 제시
- 제한 효소의 성질
- 주형 가닥 염기 수
- 직접 vs 나머지

15. 다음은 이중 가닥 DNA x와 제한 효소에 대한 자료이다.

○ x는 40개의 염기쌍으로 이루어져 있고, x 중 한 가닥 x₁의 염기 서열은 다음과 같다.
 5'-ATATC[]? []ATAAT-3'
 ○ 그림은 제한 효소 EcoRI, PvuI, RsaI, XhoI이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.
 5'-GAATTC-3' 5'-CGATCG-3' 5'-GTAC-3' 5'-CTCGAG-3'
 3'-CTTAAG-5' 3'-GCTAGC-5' 3'-CATG-5' 3'-GAGCTC-5'
 EcoRI PvuI RsaI XhoI
 :: 절단 위치

○ x를 시험관 I~VI에 넣고 제한 효소를 첨가하여 완전히 자른 결과 생성된 DNA 조각 수와 각 DNA 조각의 염기 수는 표와 같다.

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소	EcoRI	PvuI	RsaI	XhoI	PvuI, EcoRI, XhoI	EcoRI, RsaI
생성된 DNA 조각 수	3	3	2	2	4	4
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	16, 26, 38	14, 26, 40	34, 46	36, 44	14, 18, 22, 26	?

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

<보 기>
 가. x₁에는 염기 서열이 5'-GTACG-3'인 부위가 있다.
 나. II에서 생성된 DNA 조각 중 염기 개수가 26개인 조각에서 아데닌(A)의 개수는 10개이다.
 다. VI에서 염기 개수가 20개인 DNA 조각이 생성된다.

- ① 가 ② 다 ③ 가, 나 ④ 나, 다 ⑤ 가, 나, 다

22학년도 수능

위치 추론 - 염기 서열
Schema 1

염기 수

주어진 DNA 가닥의 염기 수는 주어져 있다면 끊어두고
주어져 있지 않다면 끊어가며 구해두자.

또한 지연 가닥이나 선도 가닥 간 개수로 관계성을 알 수 있는지 파악해두자.

- 이중 가닥을 구성하는 DNA 가닥 I 과 II는 서로 상보적이며, I 과 II 중 한 가닥을 주형 가닥으로 사용하여 ㉔가 합성되었고, 나머지 한 가닥을 주형 가닥으로 사용하여 2개의 가닥 ㉕와 ㉖가 합성되었다.
- I의 염기 서열은 다음과 같다. ㉑~㉓은 A, C, G, T를 순서 없이 나타낸 것이고, ㉔는 페리미딘 계열 염기이다.
5'-㉑㉒㉓㉔㉕㉖㉗㉘㉙㉚㉛㉜㉝㉞㉟㊀㊁㊂-3'
- I에서 $\frac{G+C}{A+T} = 1$ 이다.
- ㉑는 20개의 염기로, ㉒와 ㉓는 각각 10개의 염기로 구성되고, ㉔는 프라이머 X를, ㉕는 프라이머 Y를, ㉖는 프라이머 Z를 가진다.
- 이중 가닥 DNA를 구성하는 단일 가닥 I은 30개의 염기로 구성되며, 염기 서열은 다음과 같다. ㉑은 아데닌(A), 사이토신(C), 구아닌(G), 타이민(T) 중 하나이다.
5'-CAA㉑TTCGAG㉒CTGCGCAATTAGGTCGTTTC-3'
- I을 주형으로 하여 지연 가닥이 합성되는 과정에서 가닥 ㉕와 ㉖가 합성된다. ㉕와 ㉖의 염기 개수의 합은 30이다.

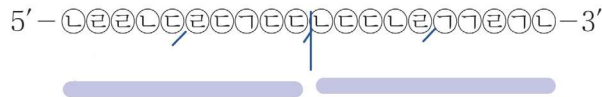
22학년도 9평

22학년도 수능

지연 가닥의 염기 수가 직접 제시되기도 하지만
지연 가닥의 염기 개수 합으로 제시되기도 하며

지연 가닥의 염기 개수가 직접 제시되는 경우 위치하는 범위를 제한할 수 있다.

[Counting & 범위 압축]



22학년도 9평

I의 염기 개수를 Counting하면 20개의 염기로 구성되고
2개의 지연 가닥 ㉕와 ㉖는 모두 10개의 염기로 구성되므로

지연 가닥이 위치하는 영역은 왼쪽 10개 또는 오른쪽 10개이다.

(∵ 20=10+10)

이때 주어진 가닥의 염기 서열이 유사한지, 상보적인지
관계성은 추가 조건을 통해 파악해야 한다.

[Schema 1 정리]

염기 수는 수소 결합 조건, 프라이머의 위치 등 여러 조건으로 연계되어
문제 풀이의 시발점으로 작용하니 결정되어 있다면 활용하고 결정되어 있지 않다면 구해두자.

가닥의 염기 수 파악

- I : 20
- ㉑ : 20
- ㉕ : 10
- ㉖ : 10

⇒ ㉑의 프라이머는 ㄴㄹㄴ 또는 ㄱㄹㄴ과 유사하거나 상보적인 염기 서열을 가진다.