

④ 염기 조성 추론

지금까지 출제된 염기 조성 추론 문항은 네 유형으로 나뉜다.

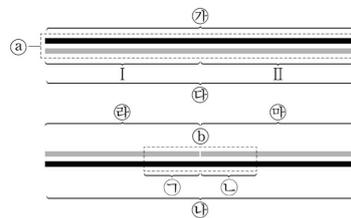
㉠ 거시적 관점

단일 가닥의 염기 개수가 직접 주어지며

자료로 제시된 단일 가닥의 대략적인 염기 조성 추론을 요구한다.

수소 결합과 샤가프 법칙 등 여러 Schema가 해제의 중추로 작용한다.

- ㉡와 ㉢는 복제 주형 가닥이고, 서로 상보적이며, ㉣, ㉤, ㉥는 새로 합성된 가닥이다.
- ㉡와 ㉢는 각각 44개의 염기로 구성되고, I, II, ㉣, ㉤는 각각 22개의 염기로 구성된다.
- ㉥는 16개의 염기쌍으로 구성되고, ㉦와 ㉧은 각각 8개의 염기로 구성된다.
- 프라이머 X는 ㉣~㉥ 중 어느 하나에, 프라이머 Y는 나머지 두 가닥 중 하나에, 프라이머 Z는 그 나머지 하나에 존재한다.
- X~Z는 각각 2종류의 염기 6개로 구성되고, X와 Z에서 각각 $\frac{\text{퓨린 계열 염기의 개수}}{\text{피리미딘 계열 염기의 개수}} = 2$ 이다. X와 Z의 염기 서열은 서로 다르며, X와 Y는 서로 상보적이다.
- II에서 $\frac{A+T}{G+C} = 1$ 이고, ㉣에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{25}{18}$ 이며, ㉥에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{4}{11}$ 이다.
- ㉡와 II 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 55개이다.
- ㉣에서 $\frac{G}{A} = \frac{3}{4}$ 이고, ㉤에서 $\frac{T}{A} = \frac{3}{8}$, $\frac{C}{G} = \frac{7}{4}$ 이다.



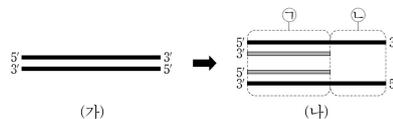
[21학년도 6평]

㉢ 비율 추론

100개 이상의 염기 개수나 염기 함량이 조건으로 제시되며

비율과 정량값에 대해 질문한다.

- 그림 (가)는 이중 가닥 DNA X를, (나)는 X가 복제되는 과정의 일부를 나타낸 것이다.
- (나)는 ㉠복제된 부분과 ㉡복제되지 않은 부분을 나타낸 것이며, ㉢은 새로 합성된 가닥과 그에 대한 상보적인 주형 부분을 포함한다.
- ㉢에서 새로 합성된 가닥의 G+C 함량은 40%이다.
- ㉣의 염기 개수는 X의 염기 개수의 40%이다.
- ㉣에서 A+T 함량은 60%이다.
- ㉣에서 구아닌(G)의 개수는 180개이다.



[21학년도 9평]

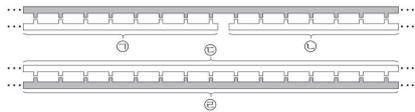
- 2중 가닥 DNA X와 Y는 각각 300개의 염기쌍으로 이루어져 있다.
- X와 Y 중 하나로부터 Z가 전사되었고, Z는 300개의 염기로 이루어져 있다.
- X는 단일 가닥 X₁과 X₂로, Y는 단일 가닥 Y₁과 Y₂로 이루어져 있다.
- X에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{2}$ 이고, Y에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{7}$ 이다.
- X₁에서 구아닌(G)의 비율은 16%이고, 피리미딘 염기의 비율은 52%이다.
- Y₁에서 사이토신(C)의 비율은 30%이다.
- Y₂에서 아데닌(A)의 비율은 12%이다.
- Z에서 G의 비율은 16%이다.

[17학년도 수능]

㉔ 미시적 관점

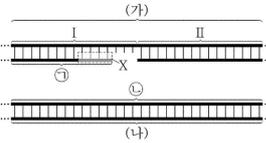
염기의 개수가 대체로 적은 단일 가닥의 세세한 염기 조성 추론을 요구한다.
수소 결합과 염기의 종류 조건이 해제의 중추로 작용한다.

- ㉑~㉔은 새로 합성된 가닥이며, ㉕은 ㉔의 주형 가닥이다.
- ㉑~㉔의 말단에는 3개의 뉴클레오타이드로 이루어진 프라이머가 있다.
- ㉑~㉔에 있는 프라이머의 염기 서열은 모두 같으며 한 종류의 염기로만 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]

- (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.



수소 결합 조건

거시적 관점과 미시적 관점 유형 모두 수소 결합 조건은 단정적인 조건으로 제시된다.

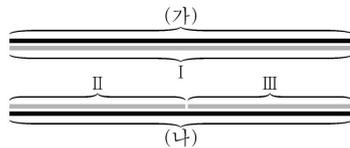
㉕ 프라이머 위치 추론

이전 교육과정 평가원 문항에서 PCR이라는 생명 공학 기술을 활용하여 출제된 소재로 염기 조성 추론 유형에서도 다음과 같이 프라이머의 위치를 추론하도록 출제된 바 있다.

- (가)와 (나)는 복제 주형 가닥이고, 서로 상보적이다.
- (나)는 29개의 염기로 구성되고, 염기 서열은 다음과 같다.
㉑과 ㉔은 각각 5' 말단과 3' 말단 중 하나이다.



- I~III은 새로 합성된 가닥이고, II가 III보다 먼저 합성되었다.
- II와 (나) 사이의 염기쌍의 수와 III과 (나) 사이의 염기쌍의 수의 합은 29이다.
- II는 프라이머 X를, III은 프라이머 Y를 가진다.
- X와 Y는 각각 4개의 염기로 구성되고, X와 Y 중 하나의 염기 서열은 5'-UCAG-3'이다.
- II와 III 각각에서 디옥시리보스를 포함하는 뉴클레오타이드의 피리미딘 계열 염기의 개수는 7개이다.



[20학년도 6평]

유형별로 Schema를 정리하면 다음과 같다.

Schema 1

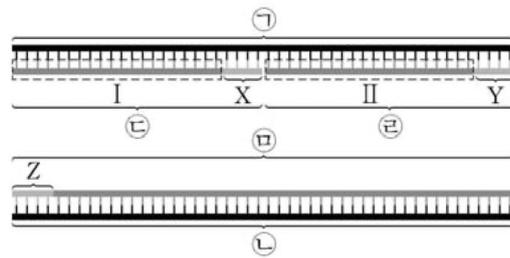
수소 결합

거시적 관점과 마찬가지로

짧은 한 가닥의 GC 조성에 대한 조건으로 해석하면 유리하다.

차이점은 거시적 관점 문항은 염기 개수가 직접 주어지지만

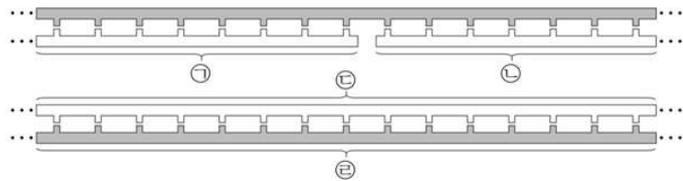
미시적 관점 문항은 직접 염기 개수를 세도록 제시할 수 있다는 점이다.



거시적 관점

- ㉑, ㉒, ㉓은 각각 48개의 염기로 구성되고, ㉒과 ㉓은 각각 24개의 염기로 구성된다.
- ㉑과 ㉒ 사이의 염기 간 수소 결합의 총 개수는 56개이다.

∴ ㉒의 G+C 개수는 8개



미시적 관점

- ㉑과 주형 가닥 사이의 수소 결합 수보다 ㉒과 주형 가닥 사이의 수소 결합 수가 크다

직접 염기 개수를 세면 (㉑ 가닥 염기 수)×2 = 16, (㉒ 가닥 염기 수)×2 = 14임을 알 수 있다.

또한 특정 염기의 개수는 항상 0 이상의 정수이므로 다음과 같이 위 조건을 해석할 수 있다.

∴ ㉒ 가닥 G+C 염기 수 ≥ 2

Schema 2

염기의 종류

상보적인 염기 서열에서

- ① 염기의 종류가 적은 단일 가닥은 반드시 A 염기가 존재한다.
- ② 염기의 종류가 많은 단일 가닥은 반드시 U와 T 염기가 존재한다.
- ③ 순수한 가닥의 T 개수와 복제 중인 DNA 가닥의 A 개수는 같다.

복제 중인 2중 가닥 DNA의 일부에서

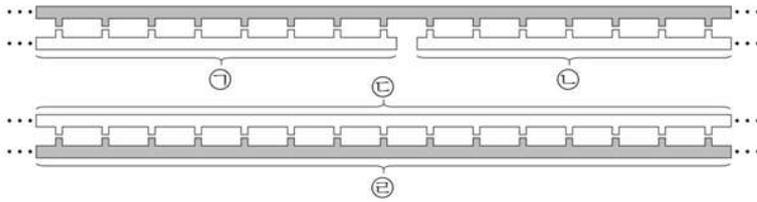
- ㉠ RNA 프라이머에는 타이민(T)이 없고
- ㉡ 순수한 가닥에는 유라실(U)이 없다.

순수한 가닥

프라이머가 없는 가닥

예) ㉡

염기의 종류가 조건에 제시된다면 옆에 기입해두는 게 해제에 유리하다.



- ㉠과 ㉡은 각각 두 종류의, ㉢은 네 종류의 염기로 구성된다.
- ㉠~㉢에 있는 프라이머의 염기 서열은 모두 같으며, 한 종류의 염기로 구성된다.

프라이머가 ㉠과 ㉡에 모두 있으므로

㉠+㉡ 가닥은 2종류의 염기 또는 3종류의 염기를 갖는다.

㉠+㉡ 가닥은 ㉢ 가닥과 상보적이고

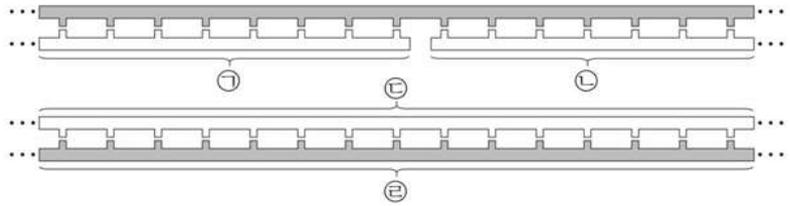
㉢ 가닥은 4종류의 염기로 구성되므로 다음을 알 수 있다.

- ∴ ㉠+㉡ 가닥에는 아데닌(A)이 존재한다.
- ∴ ㉢ 가닥에는 타이민(T)과 유라실(U)이 존재한다.
- ∴ 프라이머의 염기는 유라실(U)로 구성된다.

Schema 3

프라이머

- ① 단일 가닥의 증폭은 3' 말단 방향으로 단정적으로 일어난다.
 ∴ 프라이머는 복제 중인 단일 가닥의 말단에 존재한다.
 ∴ 한 프라이머의 위치가 결정되면, 다른 프라이머의 위치 또한 결정된다.
 ∴ 한 프라이머의 위치가 결정되면, 지연 가닥에서 DNA 절편 간 합성 순서를 알 수 있다.
- ② 복제 중인 DNA의 프라이머는 RNA 프라이머이다.
 ∴ 유라실(U)이 나타난다면 반드시 프라이머의 염기이다.



- ①~③의 말단에는 3개의 뉴클레오타이드로 이루어진 프라이머가 있다.
- ①과 ②은 각각 두 종류의, ③은 네 종류의 염기로 구성된다.
- ①~③에 있는 프라이머의 염기 서열은 모두 같으며, 한 종류의 프라이머로 구성된다.
- ①과 주형 가닥 사이의 수소 결합 수보다 ③과 주형 가닥 사이의 수소 결합 수가 크다.

Schema 1과 Schema 2에서 다음을 파악했다.

- ∴ ① 가닥 G+C 염기 수 ≥ 2
- ∴ ①+② 가닥에는 아데닌(A)이 존재한다.
- ∴ ③ 가닥에는 타이민(T)과 유라실(U)이 존재한다.
- ∴ 프라이머의 염기는 유라실(U)로 구성된다.

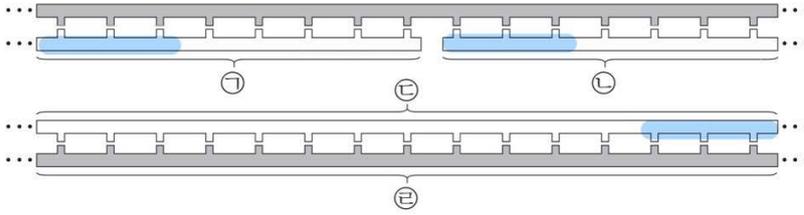
Schema 3에 의해

프라이머의 위치는 다음 두 가지가 가능하다.

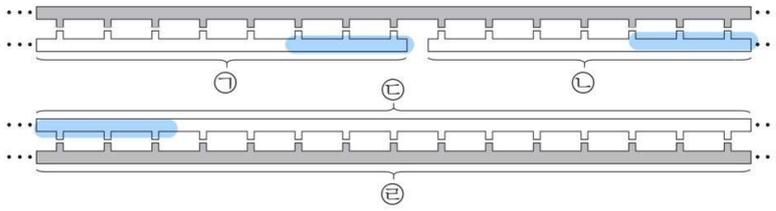
염기 조성 추론 - 미시적 관점

Schema 3

프라이머



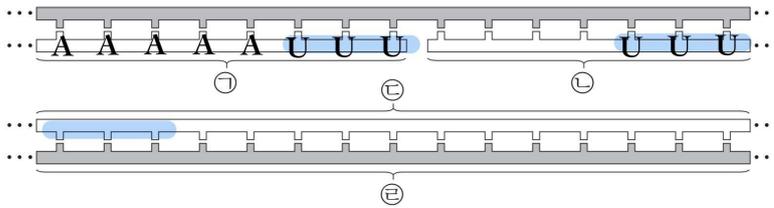
[Case 1]



[Case 2]

프라이머의 염기는 유라실(U)로 구성되므로
만약 [Case 1]이라면 ⊖ 가닥 G+C 염기 수 ≥ 2 조건에 모순이다.

따라서 [Case 2]이고, 다음과 같이 일부 염기 서열을 파악할 수 있다.



Schema 1 수소 결합

짧은 한 가닥의 GC 조성에 대한 조건으로 해석하자.

- ㉠, ㉡, ㉢은 각각 48개의 염기로 구성되고, ㉣과 ㉤은 각각 24개의 염기로 구성된다.
- ㉠과 ㉡ 사이의 염기 간 수소 결합의 총 개수는 56개이다.

∴ ㉢의 G+C 개수는 8개

Schema 2 염기의 종류

상보적인 염기 서열에서

- ① 염기의 종류가 적은 단일 가닥은 반드시 A 염기가 존재한다.
- ② 염기의 종류가 많은 단일 가닥은 반드시 U와 T 염기가 존재한다.
- ③ 순수한 가닥의 T 개수와 복제 중인 DNA 가닥의 A 개수는 같다.

복제 중인 2중 가닥 DNA의 일부에서

- ㉠ RNA 프라이머에는 타이민(T)이 없고
- ㉡ 순수한 가닥에는 유라실(U)이 없다.

Schema 3 프라이머

① 단일 가닥의 증폭은 3' 말단 방향으로 단정적으로 일어난다.

∴ 프라이머는 복제 중인 단일 가닥의 말단에 존재한다.

∴ 한 프라이머의 위치가 결정되면, 다른 프라이머의 위치 또한 결정된다.

∴ 한 프라이머의 위치가 결정되면, 자연 가닥에서 DNA 절편 간 합성 순서를 알 수 있다.

② 복제 중인 DNA의 프라이머는 RNA 프라이머이다.

∴ 유라실(U)이 나타난다면 반드시 프라이머의 염기이다.

Schema 4 번역

염기 계열 방정식을 수립하거나, 고리의 개수 조건을 판정할 때

조건이 많은 단일 가닥으로 조건을 몰아서 생각하자.

단, U의 조성을 판단해야 할 경우 그대로 해제하자.

예)
$$\frac{A+G}{C+T}$$