Present [:선물]

생명과학 Ⅱ

Present 교재는 다음과 같은 책입니다.

1. 과학"탐구" 과목의 출제 경향이 반영되었습니다.

최근 트렌드의 생명과학 시험에서 변별력을 가지는 문항은 순수 교과 지식만으로 해결하기 어렵습니다. 이는 교과 지식뿐만 아니라 논리를 바탕으로 한 자료 해석과 수리 추론을 요구하기 때문입니다. 따라서 본 교재는 수능 과학탐구 영역의 추론형 문항을 체계적으로 정복할 수 있도록 도움을 주는 것을 목표로 집필되었습니다.

[Mind]와 [Bridge]는 각각 [수리 추론형]과 [자료 해석형] 문항의 사고체계와 해석 도구이고, [Schema]는 특정 유형의 발전 양상부터 지금까지 출제된 배경 지식과 실전 개념까지 모든 것을 정리한 집합입니다. 본 교재에서 제시하는 이러한 내용들을 충분히 반복, 체화하신다면 수능에서 훌륭한 결과를 거두실 수 있을 거라 자부합니다.

2. 기본 개념과 실전 개념을 모두 제시합니다.

본 교재는 PSAT의 자료 해석 영역의 IDEA를 기반으로 출제되는 문제를 쉽고 빠르게 해제하도록 돕습니다. 그러나 결국 추론과 해석은 교과 지식이 바탕이 되어야 합니다. 따라서 교과 개념도 실전 개념과 시너지를 이룰 수 있도록 충분히 수록하였습니다.

3. 필요하다면 충분히 Deep하게

교과서 상 할당된 분량이 적을지라도 이해에 도움이 된다고 판단된다면 충분히 자세히 서술하였습니다. 세포생물학, 유전학, 동물생리학, 분자생물학 등 전공 지식이 개념의 심층적 이해나 새로운 관점, Shortcut에 도움이 된다고 판단되면 수록하였으며 교과 외 내용인 것을 인지할 수 있도록 교육과정 외 내용은 Common Sense로 표시하였습니다.

4. 개념과 문항의 연결, 그리고 일관성

특정 개념과 문제 풀이 방법을 연결시킬 수 있도록 바로 뒤에 관련 문항을 수록했으며, 해설 또한 일관된 방식으로 서술하여 교재 내용의 체화를 도왔습니다.

다른 과학탐구 과목들도 쉽지 않지만,
생명과학 2는 자료 해석을 극한으로 요구하는 문항들이 출제됩니다.

그럼에도 불구하고 생명과학 2와 본 교재를 선택한 여러분께
선물과 같은 교재이길 기원합니다.

Contents

Theme 0 Mind setting

개념과 문항의 간극을 잇는 Bridge와 Mind 수록

- 문항 분류 008
- 수리 추론형 Bridge 1 정량값과 상댓값 012
  Bridge 2 비율과 분할 013
  Bridge 3 변화율 018
  Bridge 4 조건부확률 019
  Bridge 5 내분 023

- 수리 추론형 Mind 1 비율 → 정량값 028
  Mind 2 자연수의 활용 030
  Mind 3 직접 vs 여사건 (U, A, A^C) 032

- 자료 해석형 Bridge 1 표 036
  Bridge 2 그래프 038
  Bridge 3 약어 041

- 자료 해석형 Mind 1 결정된 것(Fixed) 우선 043
  Mind 2 실험군과 대조군의 비교-대조 046
  Mind 3 직접 vs 여사건 (U, A, A^C) 050

Theme 1 유전 물질

- 출제 경향 & 출제 유형 054

Theme 1
① 유전 물질 실험

- 단원 목표 & 출제 유형 055
- 그리피스의 실험 056
- 에이버리의 실험 060
- 허시와 체이스의 실험 076
- DNA 추출 실험 084

Theme 1

② 원핵세포와 진핵세포의 유전체

- 단원 목표 & 출제 유형 087
- 유전정보 088
- 유전체 088
- 유전자 비율 089
- 핵산의 특징 089
- DNA 구조 규명 091
- DNA 구조 092
- 단백질 구조 093
- 복제 중인 DNA에서 수소 결합의 해석 097
- 전사와 수소 결합 098

Theme 1

③ DNA 복제

- 단원 목표 & 출제 유형 105
- DNA 복제 가설 106
- 메셀슨과 스탈의 실험 106
- 복제 실험 추론 105
- 복제 실험 추론 Schema 1 DNA 상대량 114
  Schema 2 한 층 115
  Schema 3 두 층 116
  Schema 4 배양액 동일(중층 유지) 117
  Schema 5 배양액 변화(중층 이동) 118
  Schema 6 역추론 119
  Schema 7 샤가프 법칙 122
  Schema 8 자기 방사법 123
  Schema 9 단일 가닥과 이중 가닥의 관계 124
  Schema 요약 125

- DNA 복제 과정 142
- DNA 복제 세부 143

Theme 1

④ 염기 조성 추론

- 단원 목표 & 출제 유형 149
- 유형 분류 150
- 거시적 관점 Schema 1 수소 결합 152
  Schema 2 GC 우선 153
  Schema 3 $\frac{A+T}{G+C}=k\ (k\neq 1)$ 156
  Schema 4 이중 가닥 우선 160
  Schema 5 염기의 분류 기준 161
  Schema 6 단일 가닥 염기 조성 165
  Schema 7 정체성 파악 169
  Schema 요약 170

- 비율 추론 Schema 1 GC 비율 우선 200
  Schema 2 (이중 가닥) 아데닌(A) 절반 203
  Schema 3 비율(상댓값) × 곱상수 = 개수(정량값) 214
  Schema 4 번역 215
  Schema 요약 219

- 미시적 관점 Schema 1 수소 결합 230
  Schema 2 염기의 종류 231
  Schema 3 프라이머 232
  Schema 4 번역 234
  Schema 요약 235

- 위치 추론 Schema 1 염기 수 Counting 254
  Schema 2 특수한 서열 270
  Schema 3 염기의 분류 기준 276
  Schema 4 범위 압축 278
  Schema 5 도약 읽기 279
  Schema 요약 280

해당 Theme 0에는 교과 개념의 해제를 돕는 Mind와 Bridge가 수록되어 있습니다. 교과 개념이 잡혀있지 않다면 다소 어려울 수 있으니 교과 개념을 우선 공부하고 싶으신 분들은 Theme 1의 공부가 끝나신 후 돌아오시는 걸 권장합니다.

[수리 추론형]

Bridge 1 정량값과 상댓값

자료 해석에서 어떤 값을 다룰 때, 수치 자료는 정량값과 상댓값으로 나뉜다.

정량값 : 수치 자체가 절대적인 양을 의미

⇒ 수치를 "직접" 이용하여 연산할 수 있다.
⇒ 모든 자료를 정량값으로 판단하면 계산량이 불필요하게 많아질 수 있다.

예시) 빈도, 개체수, 염기 개수

상댓값 : 어떤 기준에 대한 상대적 수치

⇒ 기준이 되는 숫자가 다르면 상대적으로 비교할 수 없으나,
기준이 되는 숫자를 통일하면 상대적으로 비교할 수 있다.

⇒ 문제에서 정확한 값은 구할 수 없으나 $\frac{A}{B}$의 "상대적 비율"만을 요구하기도 한다.

예시) 비율, 지수, A당 B

비율

100%나 1을 기준으로 차지하는 비중이나 변화율을 측정

예시) 어떤 형질에 대한 대립유전자 A와 a에 대해 A의 빈도가 $\frac{4}{5}$이면 a의 빈도는 $\frac{1}{5}$이다.

지수 (指數)

$$\frac{\text{비교하는 수치}}{\text{기준이 되는 수치}} \times 100$$

100%나 1이 아닌 다른 기준이 되는 숫자를 기준으로 차지하는 비중이나 변화율을 측정

예시) 코스피 지수

[수리 추론형]

Bridge 2 비율과 분할

비율은 대상 간 상댓값이므로 기준이 되는 숫자를 설정하여 자료를 정리하고 해석할 수 있다.
비율 자체를 정량값으로 질문하기도 하며 상황별로 비율(정량값)과 비율(상댓값)의 유불리가 다소 다르다.

분할되어 있는 자료를 통해 비율을 구해낼 수도 있어야 하고
제시된 비율을 분할하여 대상 간 상댓값을 구할 수도 있어야 한다.

예를 들어보자.

개체수 간 비율

○ Ⅰ에서 $\frac{\text{유전자형이 AA*인 개체수}}{\text{검은색 몸 개체수}}=\frac{5}{7}$이다.

(단, 유전자형이 AA인 개체와 AA*인 개체가 검은색 몸을 나타낸다.)

개체수 간 비율이 직접적인 "값"으로 제시되어 있다.
이때 검은색 몸 개체수 = 유전자형이 AA인 개체수 + 유전자형이 AA*인 개체수이므로

다음과 같이 개체 간 상댓값을 알 수 있도록 분할할 수 있다.

$$\frac{\text{유전자형이 AA*인 개체수}}{\text{검은색 몸 개체수}}=\frac{5}{2+5}$$

이와 같이 분할하면 유전자형이 AA인 개체수 : 유전자형이 AA*인 개체수 = 2 : 5 임을 한 눈에 알 수 있다.

다음과 같이 개체 간 개체수 또는 상댓값이 제시되어 있다고 가정하자

개체수 간 비율

유전자형	AA	AA*	A*A*	개체수 합
	검은색 몸		회색 몸	
집단 Ⅰ	160	400	250	810

유전자형	AA	AA*	A*A*	개체수 합 (상댓값)
	검은색 몸		회색 몸	
집단 Ⅰ	16	40	25	81

○ $\frac{\text{Ⅰ에서 회색 몸 개체의 비율}}{\text{Ⅱ에서 검은색 몸 개체의 비율}}=\frac{25}{72}$이다.

Ⅱ에서 $\frac{\text{회색 몸 개체의 비율}}{\text{검은색 몸 개체의 비율}}$은?

(단, 제시된 동물 집단 Ⅰ과 Ⅱ는 같은 종으로 구성되며 몸 색의 대립 형질은 회색과 검은색 이다.)

비율(정량값)과 비율(상댓값)

p가 $\frac{2}{3}$, q가 $\frac{1}{3}$일 때
빈도(정량값)과 빈도비(상댓값)의 해제 차이는 다음과 같다.
(단, 빈도의 합($p+q$)은 1이다.)

$$\frac{q}{1+q} \text{ vs } \frac{q}{p+2q}$$

$$\frac{\frac{1}{3}}{1+\frac{1}{3}} \text{ vs } \frac{1}{2+2}$$

전자가 유리한 경우도, 후자가 유리한 경우도 있다. 이러한 상황별 차이는 경험적 지식(Schema)를 통해 판단해야 하며 구하는 것 암산에는 후자가 방정식 풀이에는 전자가 유리하다.

비율과 정량값

○ Ⅰ에서 $\frac{\text{유전자형이 AA*인 개체수}}{\text{검은색 몸 개체수}}=\frac{5}{7}$이다.
○ $\frac{\text{Ⅰ에서 회색 몸 개체의 비율}}{\text{Ⅱ에서 검은색 몸 개체의 비율}}=\frac{25}{72}$이다.

개체수는 정량값
회색 몸 개체의 비율은 검은색 몸 개체와 회색 개체 몸 간의 상대적으로 차지하는 비율을 나타내는 정량값이다.

Ⅰ에서 회색 몸 개체의 비율이 $\frac{25}{81}$로 주어진다면 회색 몸 개체의 비율 : 검은색 몸 개체의 비율 = 25 : 56 의 상대적 비율 정보를 알 수 있다.

개체수 간 관계에서 원하는 비율을 끌어낼 수 있어야 한다.

주어진 표를 이용하여 Ⅰ에서 회색 몸 개체의 비율을 구하면 $\frac{250}{810}=\frac{25}{81}$이다.

따라서 Ⅱ에서 검은색 몸 개체의 비율 $=\frac{72}{25}\times$(Ⅰ에서 회색 몸 개체의 비율)

이므로 Ⅱ에서 검은색 몸 개체의 비율은 $\frac{8}{9}$이다.

Ⅱ에서 검은색 몸 개체의 비율은

$$\frac{\text{검은색 몸 개체수}}{\text{전체 몸 개체수}}=\frac{\text{검은색 몸 개체수}}{\text{검은색 몸 개체수 + 회색 몸 개체수}}$$

$$=\frac{\text{검은색 몸 개체의 비율}}{\text{검은색 몸 개체의 비율 + 회색 몸 개체의 비율}}$$

$$=\frac{8}{8+1}$$

이므로 구하는 값은 $\frac{\text{회색 몸 개체의 비율}}{\text{검은색 몸 개체의 비율}}=\frac{1}{8}$이다.

[수리 추론형]

Bridge 3 변화율 (변화량 Δ)

어떤 시점에서 어느 정도로 변화했는지의 비율

○ Ⅰ과 Ⅱ는 모두 하디-바인베르크 평형이 유지되는 집단이다.
○ Ⅰ과 Ⅱ에서 이 동물의 몸 색은 상염색체에 있는 검은색 몸 대립 유전자 A와 회색 몸 대립 유전자 A*에 의해 결정되며, A는 A*에 대해 완전 우성이다.
○ Ⅰ에서 $\frac{\text{유전자형이 AA*인 개체수}}{\text{검은색 몸 개체수}}=\frac{5}{7}$이다.
○ $\frac{\text{Ⅰ에서 회색 몸 개체의 비율}}{\text{Ⅱ에서 검은색 몸 개체의 비율}}=\frac{25}{72}$이다.
○ 유전자형이 AA인 개체수는 Ⅰ에서가 Ⅱ에서보다 400 많다.
○ Ⅰ과 Ⅱ의 개체들을 모두 합쳐서 A의 빈도를 구하면 0.5이다.

위 문항에서 앞서 Bridge 2의 예시를 통해 도출한 지식을 활용하면

유전자형	AA	AA*	A*A*	개체수 합 (상댓값)
	검은색 몸		회색 몸	
멘델 집단 Ⅰ	16	40	25	81
멘델 집단 Ⅱ	8		1	9

이고 다음 사실을 알 수 있다.

유전자형	A의 빈도 (상댓값)	A*의 빈도 (상댓값)	빈도의 합 (상댓값)
집단 Ⅰ	4	5	9
집단 Ⅱ	6	3	9

유전자형	A의 빈도 (정량값)	A*의 빈도 (정량값)	빈도의 합 (정량값)
집단 Ⅰ	4/9	5/9	1
집단 Ⅱ	2/3	1/3	1

(∵ 집단 Ⅱ에서 회색 몸 개체의 빈도가 $\frac{1}{9}$ ⇒ Ⅱ에서 회색 몸 대립유전자 빈도 $\frac{1}{3}$)

이때 집단 Ⅰ과 집단 Ⅱ를 합친 집단에서 A의 빈도가 0.5이므로 다음을 알 수 있다.

유전자형	A의 빈도 (상댓값)	A*의 빈도 (상댓값)	빈도의 합 (상댓값)
집단 Ⅰ	4	5	9
집단 Ⅱ	6	3	9
합친 집단	4.5	4.5	9

빈도의 합을 통일하고 관찰했을 때, 합친 집단의 대립유전자 A의 빈도는
집단 Ⅰ의 대립유전자 A의 빈도에서 0.5만큼 변화했고
집단 Ⅱ의 대립유전자 A의 빈도에서 1.5만큼 변화한 것을 알 수 있다.

그에 따라 집단 Ⅰ과 집단 Ⅱ의 개체수비가 3 : 1임을 알 수 있다.
(가까울수록 가중치가 높다.)

변화율
개체군의 유전(수리 추론)과 그래프 추론(자료 해석)에서 활용된다.

멘델 집단의 비율 관계

	집단 내 유전자형 간 빈도		
	AA	AA*	A*A*
형질	우성 형질		열성 형질
멘델 집단 Ⅰ	p^2	$2pq$	q^2

집단 내 대립유전자 빈도	
A	A*
우성 형질	열성 형질
p	q

(단, 대립유전자 빈도의 합(p+q)은 1이다.)

대립유전자 빈도

$$\frac{\text{특정 대립유전자의 수}}{\text{특정 형질의 대립유전자 총수}}$$

논리 생략
변화율을 배우는 Bridge 부분이므로 자세한 개체수비 논리는 교과 개념과 함께 수록된 Schema 부분에 제시하였다.
Theme 4-⑤ 개체군의 유전을 참고하자.

가중치
Bridge 5 내분(가중평균)에서 다시 상술된다.

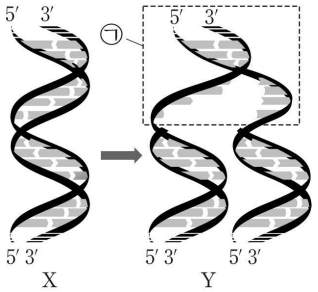
A → B
선후 관계
(선후 관계에서 사용할 것)

A ⇒ B
A이면 B이다.
(명제 관계에서 사용할 것)

[수리 추론형]

Mind 1 비율 → 정량값

비율로 조건을 우선 해석하고 정량값은 필요할 때 활용



- 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

[교과 개념]

1. 뉴클레오타이드 개수 = 염기 개수
2. 염기에는 아데닌(A), 타이민(T), 구아닌(G), 사이토신(C), 유라실(U)이 있다.
3. DNA X에는 유라실(U)이 없다.
4. DNA Y(복제가 일어나고 있는 DNA 가닥)에는 유라실(U)이 존재할 수 있다.
   (∵ 복제가 일어나고 있는 DNA 가닥에는 유라실(U)을 포함하는 RNA 프라이머가 존재할 수 있다.)
5. 복제되지 않은 부분 ㉠의 염기 조성은 기존 DNA와 동일하다.
6. 50% 복제가 일어난 DNA Y는 주형 DNA X보다 염기 개수가 50% 많다.
7. 새로 합성된 DNA 가닥 = 복제가 일어난 DNA 가닥

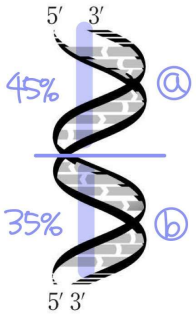
[평가원 선지]

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

(단, Y는 X가 50% 복제되었을 때 DNA이다.)

교과 개념과 주어진 자료를 활용하여
선지의 정오에 대해 충분히 생각해본 후 넘어가자.

[정석 해제]



[정량값 활용]
구해야 하는 것이 DNA X이므로
DNA X의 염기 조성을 파악해보자.

DNA Y의 염기 개수는 2400개이다
DNA Y는 DNA X에 비해 염기 개수가 50% 많으므로
DNA X의 염기 개수는 1600개이다.

염기 조성
염기량의 비율 또는 개수

따라서 ⓐ DNA X에서 복제가 일어나지 않은 부분의 염기 개수는 800개
ⓑ DNA X에서 복제가 일어난 부분의 염기 개수는 800개이므로

ⓐ의 G+C 염기 개수는 800×45%=360개
ⓑ의 G+C 염기 개수는 800×35%=280개이다.

∴ DNA X의 G+C 염기 개수는 640개

DNA X는 A, T, G, C의 염기로 구성되고
DNA X는 1600개의 염기로 구성된다.

∴ DNA X의 A+T 염기 개수는 960개
∴ DNA X에서 $\frac{A+T}{G+C}=\frac{960}{640}=\frac{3}{2}$

[비율 → 값 활용]
본 교재를 공부하면서 논리를 내재화하여 다음과 같이 선지를 판단할 수 있으면 더 좋다.
"X의 GC 함량은 35%와 45%의 1 : 1 내분점인 40%이고 GC 함량이 40%이므로 맞다"
(∵ U(염기 함량)=100%, A(GC 염기 함량)=40%, A^C(AT 염기 함량)=60%)

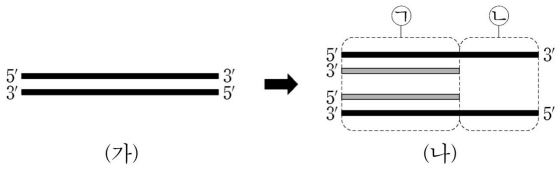
[Comment]
비율 해석 후 필요한 경우에만 정량값
A와 B를 각각 구해야 하는지, A와 A^C가 더 낫지 않을까 하는 내용들을 Schema 부분에서
공부하면서 경험적으로 얻어갈 것

[수리 추론형]

Mind 2 자연수의 활용

자연수를 적절히 활용하여 상황을 유리하게 해제할 수 있다.

○ 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.



21 9평

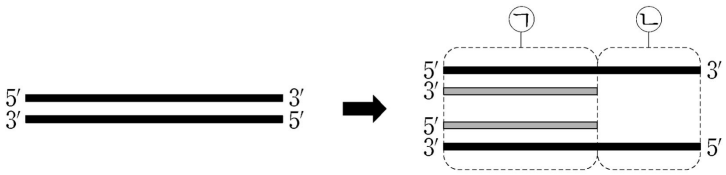
[교과 개념]

1. 염기에는 아데닌(A), 타이민(T), 구아닌(G), 사이토신(C), 유라실(U)이 있다.
2. DNA X와 복제되지 않은 부분 ㉡에는 유라실(U)이 없다.
3. ㉠에는 유라실(U)이 존재할 수 있다.
4. ㉠은 복제가 일어나기 전 DNA 가닥에 비해 염기가 2배 많다.
5. ㉡의 염기 조성은 (가)에서의 동일한 부분과 동일하다.
6. ㉠과 ㉡에서 각각 아데닌(A) 개수 = 타이민(T) 개수, 구아닌(G) 개수 = 사이토신(C) 개수이다.
7. 새로 합성된 DNA 가닥 = 복제가 일어난 DNA 가닥이다.

[평가원 선지]

ㄱ. X에서 G+C 함량은 40%이다.
ㄴ. ㉠의 염기 개수는 2700개이다.
ㄷ. ㉡에서 사이토신(C) 개수+타이민(T) 개수 = 450개이다.

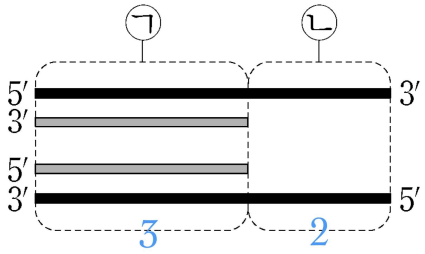
교과 개념과 주어진 자료를 활용하여
선지의 정오에 대해 충분히 생각해본 후 넘어가자.



염기 조성 추론
내용과 풀이는 Theme 1-④ 염기 조성 추론에서 상술된다.

복제가 일어난 ㉠과
복제가 일어나기 전의 G+C 비율은 정확하게 동일하다.

㉡의 염기 개수는 X의 염기 개수의 40%이므로
한 가닥의 염기 개수비를 대응한 후 선지를 해제하자.



[선지 해제]

ㄱ. X에서 G+C 함량은 40%이다.

- ㉠의 한 가닥의 G+C 함량은 40%이고 ㉡의 한 가닥의 G+C 함량도 40%이므로 X의 G+C 함량도 40%이다.

ㄴ. ㉠의 염기 개수는 2700개이다.

- ㉡에서 G+C 함량은 40%이므로 G 함량은 20%이다.
  따라서 ㉡의 G+C 염기 개수는 900개임을 알 수 있다.

  ∴ ㉠의 염기 개수 : ㉡의 염기 개수 = 3×4 : 2×2 = 3 : 1
  ∴ ㉠의 염기 개수 = 2700개

ㄷ. ㉡에서 사이토신(C) 개수+타이민(T) 개수 = 450개이다.

- ㉡에서 아데닌(A) 개수 = 타이민(T) 개수, 구아닌(G) 개수 = 사이토신(C) 개수 이므로 아데닌(A) 개수 + 구아닌(G) 개수 = 타이민(T) 개수 + 사이토신(C) 개수이다.

  ∴ ㉡에서 사이토신(C) 개수+타이민(T) 개수 = 900/2=450개

샤가프 법칙
(이중 가닥)
A+G=C+T, A=T, G=C

Mind vs Schema
기본 생각 vs 활용 도구

[수리 추론형]

Mind 3 직접(A) vs 여사건(A^C) (U, A, A^C 생각)

어떤 값을 도출할 때 직접 구할 수도, 전체-여사건 으로 구하는 것이 유리할 때도 있다.

[예시 ①]

다음은 이중 가닥 DNA X와 X 위에 있는 유전자 x에 대한 자료이다.

○ 가닥 ㉠과 ㉡으로 구성된 X의 염기 서열은 다음과 같다.

5′-CGATCTGACCGATGACCGAACGGTATGGCCAT -3′ …㉠
3′-GCTAGACTGGCTACTGGCTTGCCATACCGGTA -5′ …㉡

○ x에 포함된 염기 중 A의 비율은 0.25이고, x에서 염기 사이의 수소 결합 총개수는 60개이다.

[구하는 것] x에서 ㉠ 기준 3′ 말단으로부터 7번째 뉴클레오타이드의 염기는?

[교과 개념]

1. DNA의 염기에는 아데닌(A), 타이민(T), 구아닌(G), 사이토신(C)이 있다.
2. 뉴클레오타이드는 당, 인산, 염기로 구성된다.
3. 아데닌(A)은 타이민(T)과 2개의 수소 결합을, 구아닌(G)은 사이토신(C)과 3개의 수소 결합을 한다.
4. 유전 정보를 암호화하는 DNA의 특정 염기 서열을 유전자라고 한다.

교과 개념과 주어진 자료를 활용하여 각각의 조각의 염기 개수를 구해본 후
다음 페이지로 넘어가자.

[해제]

2중 가닥 DNA에서 A의 비율이 0.25이므로
모든 염기의 비율이 동일하다.

∴ AT 염기쌍 수 = GC 염기쌍 수

유전자 x 부분에서 염기 사이의 수소 결합 총개수는 60개이므로
2×(AT 염기쌍 수)+3×(GC 염기쌍 수)=60개 이다.

따라서 x 부분의 AT 염기쌍 수와 GC 염기쌍 수는 12쌍이다.

∴ x의 염기쌍 수 = 24쌍

좌위
유전자가 위치하는 자리

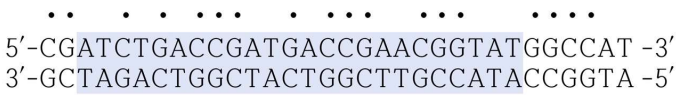
x의 좌위를 알아내기 위해 AT 염기 또는 GC 염기를 Counting해보자.

5쌍씩 끊어세면 DNA X의 총 염기쌍 개수는 32쌍이고
한 가닥의 G+C 염기 개수를 세면 18개인 것을 알 수 있다.

따라서 DNA X는 AT 염기쌍 14쌍, GC 염기쌍 18쌍으로 구성된다.

AT 염기쌍 12쌍, GC 염기쌍 12쌍인 부분이 등장하려면
양쪽 말단에서 AT 염기쌍 2쌍과 GC 염기쌍 6쌍이 빠져야 한다.

따라서 유전자 x의 좌위는 다음과 같다.



∴ x에서 ㉠ 기준 3′ 말단으로부터 7번째 뉴클레오타이드의 염기는 아데닌(A)이다.

AT 염기쌍 12쌍, GC 염기쌍 12쌍을 직접 세는 것보다는
AT 염기쌍 2쌍, GC 염기쌍 6쌍을 파악하여 제외하는 게 더 유리함을 한 눈에 알 수 있다.

염기 조성 추론 – 위치 추론

Schema 1

염기 수 Counting

[출제 문항 예시]

DNA 염기 서열을 제시한 후, 특정 염기 서열의 위치 추론을 요구하였다.

제한 효소

특정 염기 서열을 인식하여 DNA를 선택적으로 절단하는 효소

인식 서열의 특징

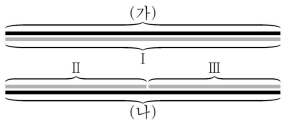
5′-C↓TGCAG-3′
3′-GACGTC↑-5′

제한 효소가 인식하는 염기 서열은 점대칭(회문 구조)이다.

○ (가)와 (나)는 복제 주형 가닥이고, 서로 상보적이다.
○ (나)는 29개의 염기로 구성되고, 염기 서열은 다음과 같다. ㉠과 ㉡은 각각 5′ 말단과 3′ 말단 중 하나이다.

㉠ – CTGACGAACAGACTTGAGGTCGCGACTGA – ㉡

○ 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.

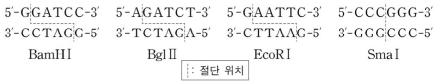


20학년도 6월 평가원

○ x는 31개의 염기쌍으로 이루어져 있고, x 중 한 가닥의 염기 서열은 다음과 같다. ㉠~㉤은 A, C, G, T를 순서 없이 나타낸 것이다.

5′-㉡㉡㉡㉡㉢㉠㉤㉤㉤㉡㉡㉡㉡㉡㉡㉡㉡㉢㉤㉢㉢-3′

○ 그림은 제한 효소 BamHⅠ, BglⅡ, EcoRⅠ, SmaⅠ이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.



〔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

다음에 유의하여 염기 수를 Counting하면 문제 해제에 유리하다.

- 주형 가닥 염기 수
- 직접 vs 나머지
- 5개씩
- 제한 효소는 점대칭

예를 들어보자.

염기 조성 추론 – 위치 추론

Schema 1

염기 수 Counting

31개의 염기쌍으로 구성된 이중 가닥 DNA x를 제한 효소 EcoR I 가 절단하는 상황을 가정하자.

```
5′-GAATTCCCCGGGATCCCGGGAATTCAGATCT -3′        5′-G|AATTC -3′
3′-CTTAAGGGGCCCTAGGGCCCTTAAGTCTAGA -5′       3′-CTTAA|G -5′
            DNA x                                  EcoR I
```

DNA x는 다음과 같이 절단된다.

```
5′-G       -3′  5′-AATTCCCCGGGATCCCGGG       -3′  5′-AATTCAGATCT -3′
3′-CTTAA -5′  3′-      GGGGCCCTAGGGCCCTTAA -5′  3′-      GTCTAGA -5′
  [조각 1]                [조각 2]                  [조각 3]
```

조각 1의 염기 개수는 6개임을 한 눈에 알 수 있다.
조각 3의 염기 개수를 Counting해보자.

```
5′-AATTCAGATCT -3′
3′-     GTCTAGA -5′
```

이중 가닥인 부분부터 염기쌍을 5개씩 끊어세면 염기가 10개 있는 것을 알 수 있다.
(∵ 5개씩 카운팅)

아래 두 조각의 염기 개수는 제한 효소의 성질에 의해 정확하게 동일하다.

```
5′-TTCAGATCT -3′          5′-AATTCAGATCT -3′
3′-AAGTCTAGA -5′          3′-     GTCTAGA -5′
```

따라서 눈으로 개수를 인식할 때 다음과 같이 인식할 수 있다.

```
5′-AATTCA|GATCT -3′
3′-     GT|CTAGA -5′
```

(∵ 점대칭)

∴ 조각 3은 18개의 염기로 구성

마지막 남은 조각 2의 개수를 직접 점대칭과, 5개씩 Counting을 이용하여 개수를 세면 아래와 같다.

```
5′-AATTCCC|CGGGA|TCCCG|GG      -3′
3′-     GGG|GCCCT|AGGGC|CCTTAA -5′
```

∴ 조각 2는 38개의 염기로 구성

(∵ 직접)

점착성 말단

```
5′-G      -3′
3′-CTTAA -5′
```

DNA 조각의 점착성 말단이 서로 상보적이면 DNA 연결 효소에 의해 서로 연결될 수 있다.

이는 제한 효소 ⓐ에 의해 생성된 DNA 조각과 제한 효소 ⓑ에 의해 생성된 DNA 조각도 두 DNA 조각의 점착성 말단이 상보적이면 서로 연결될 수 있다는 것을 포함한다.

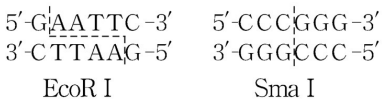
[문제 65 – 19학년도 수능 변형]

다음은 이중 가닥 DNA x에 대한 자료이다.

○ x는 46 개의 염기쌍으로 이루어져 있고, x 중 한 가닥의 염기 서열은 다음과 같다. ⓐ와 ⓑ는 각각 5′ 말단과 3′ 말단 중 하나이다.

ⓐ′-ACTAATCCCGGGTTCAACTTAAGATGGATTAGAAAGAATTCAGCG-ⓑ′

○ 그림은 제한 효소 EcoR I 과 Sma I 이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.



┆: 절단 위치

〔실험 과정 및 결과〕

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

(나) (가)의 Ⅰ~Ⅲ에 표와 같이 제한 효소를 첨가하여 반응시킨다. ㉮와 ㉯는 EcoR I , Sma I 을 순서 없이 나타낸 것이다.

(다) (나)의 결과 생성된 각 DNA 조각의 염기 수를 확인한 결과는 표와 같다.

시험관	Ⅰ	Ⅱ	Ⅲ
첨가한 제한효소	㉮	㉯	㉮, ㉯
생성된 DNA 조각의 수	2	2	3
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	18, 74	?	?

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 모두 고르시오.

< 보 기 >

ㄱ. ⓐ는 3′ 말단이다.

ㄴ. ㉯는 EcoR I 이다.

ㄷ. 시험관 Ⅲ에서 염기 수가 60개인 DNA 조각이 생성된다.

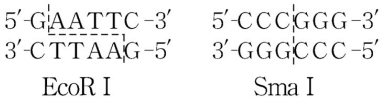
[문제 66 – 21학년도 수능 간소화]

다음은 이중 가닥 DNA x를 이용한 실험이다.

○ *x*는 31 개의 염기쌍으로 구성되고, *x*의 염기 서열은 다음과 같다.

5′-GAATTCCCCGGGATCCCGGGAATTCAGATCT-3′
3′-CTTAAGGGGCCCTAGGGCCCTTAAGTCTAGA-5′

○ 그림은 제한 효소 EcoR I 과 Sma I 이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다..



┆: 절단 위치

〔실험 과정 및 결과〕

(가) 제한 효소 반응에 필요한 물질과 *x*가 들어 있는 시험관 Ⅰ~Ⅲ을 준비한다.

(나) (가)의 Ⅰ~Ⅲ에 표와 같이 제한 효소를 첨가하여 반응시킨다. ⓐ, ⓑ는 EcoR I , Sma I 을 순서 없이 나타낸 것이다.

(다) (나)의 결과 생성된 각 DNA 조각의 염기 수를 확인한 결과는 표와 같다.

시험관	Ⅰ	Ⅱ	Ⅲ
첨가한 제한효소	ⓐ	ⓑ	ⓐ, ⓑ
생성된 DNA 조각의 수	2	2	3
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	?	18, 38	?

이에 대한 설명으로 옳은 것을 <보기>에서 모두 고르시오.

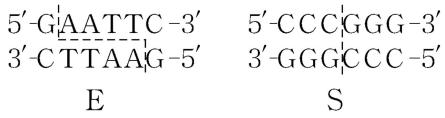
< 보 기 >

ㄱ. ⓑ는 Sma I 이다.
ㄴ. 시험관 Ⅰ에서 염기 수가 28개인 DNA 조각이 생성된다.
ㄷ. 시험관 Ⅲ에서 염기 수가 12개인 DNA 조각이 생성된다.

[문제 65 해설] [답] ㄷ

[해설]

기입의 편의를 위해 다음과 같이 줄여서 부르도록 하자.



S가 절단할 수 있는 부위는 주어진 염기 서열 중 다음뿐이다.

시험관 Ⅰ과 Ⅱ에서 모두 생성된 DNA 조각의 수가 2이므로
두 시험관 모두 제한 효소에 의한 절단이 일어났음을 알 수 있다.

시험관	Ⅰ	Ⅱ	Ⅲ
첨가한 제한효소	㉮	㉯	㉮, ㉯
생성된 DNA 조각의 수	2	2	3
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	18, 74	?	?

제한 효소가 위 서열을 절단하려면 ⓐ는 5′ 말단, ⓑ는 3′ 말단이어야 한다.

시험관	Ⅰ	Ⅱ	Ⅲ
첨가한 제한효소	㉮	㉯	㉮, ㉯
생성된 DNA 조각의 수	2	2	3
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	18, 74	?	?

S에 의해 절단된 왼쪽 절편이 염기 9쌍으로 구성되므로
S에 의해 절단된 오른쪽 절편은 염기 46-9=37쌍으로 구성된다.

따라서 생성된 각 DNA 조각의 염기 수는 각각 18개, 74개이고 ㉮는 Sma Ⅰ이다.

∴ ㉯는 EcoR Ⅰ이다.

E에 의해 주어진 DNA는 다음과 같이 절단된다.

E에 의해 절단된 오른쪽 절편은 염기 14개로 구성되므로

E에 의해 절단된 왼쪽 절편은 염기 92-14=78개로 구성된다.

∴ S와 E를 모두 첨가했을 때 생성되는 각 DNA 조각의 염기 수는 14개, 18개, 60개이다.

[자료 해제]

ACTAATCCCGGGGTTCAACTTAAGATGGATTAGAAAGAATTCAGCG

[선지 해제]

< 보 기 >

ㄱ. ⓐ는 3′ 말단이다. **(X)**

ⓐ는 5′ 말단이다.

ㄴ. ㉯는 EcoR Ⅰ이다. **(O)**

자료 해제 결과 그렇다.

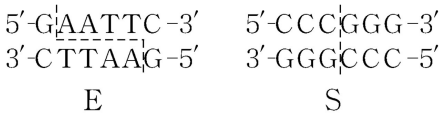
ㄷ. 시험관 Ⅲ에서 염기 수가 60개인 DNA 조각이 생성된다. **(O)**

S와 E를 모두 첨가했을 때 생성되는 각 DNA 조각의 염기 수는 14개, 18개, 60개이다.

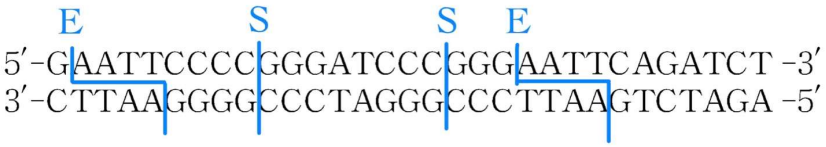
[문제 66 해설] [답] ㄴ, ㄷ

[해설]

기입의 편의를 위해 다음과 같이 줄여서 부르도록 하자.



주어진 가닥에서 제한 효소의 인식 서열을 파악하면 다음과 같다.



염기 개수를 세면 다음과 같다.

첨가한 제한효소	EcoR I	Sma I
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	18, 38, 6	16, 18, 28

따라서 염기 개수가 18개인 DNA 조각과 염기 개수가 38개인 DNA 조각이 나타나는 시험관 Ⅱ에는 EcoR Ⅰ이, 시험관 Ⅰ에는 Sma Ⅰ이 첨가되었다.

[선지 해제]

< 보 기 >

ㄱ. ⓑ는 Sma Ⅰ이다. (X)

ⓑ는 EcoR Ⅰ이다.

ㄴ. 시험관 Ⅰ에서 염기 수가 28개인 DNA 조각이 생성된다. (O)

염기 수가 16, 18, 28개인 DNA 조각이 생성된다.

ㄷ. 시험관 Ⅲ에서 염기 수가 12개인 DNA 조각이 생성된다. (O)

다음과 같이 염기 수가 12개인 DNA 조각이 생성된다.

[문제 67]

다음은 이중 가닥 DNA x를 이용한 실험이다.

○ *x*는 31 개의 염기쌍으로 구성되고, *x*의 염기 서열은 다음과 같다.

5′-GAATTCCCCGGGATCCCGGGAATTCAGATCT -3′
3′-CTTAAGGGGCCCTAGGGCCCTTAAGTCTAGA -5′

○ 그림은 제한 효소 BamH Ⅰ, Bgl Ⅱ, EcoR Ⅰ, Sma Ⅰ이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다..

5′-G¦GATCC-3′	5′-A¦GATCT-3′	5′-G¦AATTC-3′	5′-CCC¦GGG-3′
3′-CCTAG¦G-5′	3′-TCTAG¦A-5′	3′-CTTAA¦G-5′	3′-GGG¦CCC-5′
BamH Ⅰ	Bgl Ⅱ	EcoR Ⅰ	Sma Ⅰ

¦: 절단 위치

〔실험 과정 및 결과〕

(가) 제한 효소 반응에 필요한 물질과 *x*가 들어 있는 시험관 Ⅰ~Ⅳ를 준비한다.

(나) (가)의 Ⅰ~Ⅳ에 표와 같이 제한 효소를 첨가하여 반응시킨다. ⓐ~ⓒ는 BamH Ⅰ, EcoR Ⅰ, Sma Ⅰ을 순서 없이 나타낸 것이다.

(다) (나)의 결과 생성된 각 DNA 조각 중 2가지 조각의 염기 수를 확인한 결과는 표와 같다.

시험관	Ⅰ	Ⅱ	Ⅲ	Ⅳ
첨가한 제한효소	ⓐ	ⓑ	Bgl Ⅱ	ⓒ
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	?	16, 28	?	18, 38

이에 대한 설명으로 옳은 것을 <보기>에서 모두 고르시오.

< 보 기 >

ㄱ. ⓑ는 Sma Ⅰ이다.
ㄴ. 시험관 Ⅰ에서 염기 수가 26개인 DNA 조각이 생성된다.
ㄷ. *x*에 ⓐ와 ⓒ를 함께 처리하면 염기 수가 18개인 DNA 조각이 생성된다.
ㄹ. *x*에 ⓑ와 Bgl Ⅱ를 함께 처리하면 염기 수가 22개인 DNA 조각이 생성된다.
ㅁ. ⓐ에 의해 만들어지는 DNA 조각과 Bgl Ⅱ에 의해 만들어지는 DNA 조각은 DNA 연결 효소에 의해 서로 연결될 수 있다.

[문제 69 – 17학년도 9월 평가원 변형]

다음은 이중 가닥 DNA ㉠과 ㉡에 대한 자료이다.

○ DNA ㉠과 ㉡의 염기 서열은 다음과 같다.

5′-GATCGAAGCTACCTCAGCCGATCACCG-3′ } ㉠
3′-CTAGCTTCGATGGAGTCGGCTAGTGGC-5′ }

5′-GGTACGCTAATGGAGATTTCGATCTGA-3′ } ㉡
3′-CCATGCGATTACCTCTAAAGCTAGACT-5′ }

○ ㉠과 ㉡에 포함되는 염기 서열의 정보는 표와 같다. 염기 서열 ㉮~㉰는 각각 6개의 뉴클레오타이드로 구성되며, ㉮와 ㉯는 각각 ㉠의 한 단일 가닥과 상보적이고, ㉯와 ㉰는 각각 ㉡의 한 단일 가닥과 상보적이다.

염기 서열	염기 서열과 단일 가닥 사이의 수소 결합 총개수	피리미딘 계열 염기 개수	타이민(T) 개수
㉮	?	1	1
㉯	15	2	?
㉰	15	4	2

○ ㉠에는 ⓐ 13개의 염기쌍으로 이루어진 유전자 X가, ㉡에는 22개의 염기쌍으로 이루어진 유전자 Y가 있다. 각각의 유전자에 포함된 염기 서열은 표와 같다.

유전자	X	Y
포함되는 염기 서열	㉮, ㉯	㉯, ㉰

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 모두 고르시오.

< 보 기 >

ㄱ. ㉯의 $\frac{\text{구아닌(G) 개수}}{\text{아데닌(A) 개수}}$=1이다..

ㄴ. ㉰의 3′ 말단 염기는 타이민(T)이다

ㄷ. ⓐ에서 염기 간 수소 결합의 총개수는 32개이다.

[문제 69 해설] [답] ㄴ, ㄷ

[자료 해제]

㉠과 ㉡에 공통으로 존재하는 염기 서열 ㉯의 후보는 다음과 같다.

[후보 1]

5′-GATCGAAGCTACCTCAGCCGATCACCG-3′ } ㉠
3′-CTAGCTTCGATGGAGTCGGCTAGTGGC-5′

5′-GGTACGCTAATGGAGATTTCGATCTGA-3′ } ㉡
3′-CCATGCGATTACCTCTAAAGCTAGACT-5′

[후보 2]

5′-GATCGAAGCTACCTCAGCCGATCACCG-3′ } ㉠
3′-CTAGCTTCGATGGAGTCGGCTAGTGGC-5′

5′-GGTACGCTAATGGAGATTTCGATCTGA-3′ } ㉡
3′-CCATGCGATTACCTCTAAAGCTAGACT-5′

[후보 1]이라면 유전자 X 범위 내에서 주어진 조건을 만족하는 염기 서열 ㉮를 찾을 수 없다.

염기 서열	염기 서열과 단일 가닥 사이의 수소 결합 총개수	피리미딘 계열 염기 개수	타이민(T) 개수
㉮	?	1	1
㉯	15	2	?
㉰	15	4	2

5′-GATCGA|AGCTACC|TCAGCCGATCACCG-3′ } ㉠
3′-CTAGCTTCGATGG|AGTCGGCTAGTGGC-5′

5′-GGTACGCTAATGGAGATTTCGATCTGA-3′ } ㉡
3′-CCATGCGATTACCTCTAAAGCTAGACT-5′

[후보 2]라면 유전자 X 내에서 주어진 조건을 만족하는 염기 서열 ㉮가 결정된다.

염기 서열	염기 서열과 단일 가닥 사이의 수소 결합 총개수	피리미딘 계열 염기 개수	타이민(T) 개수
㉮	?	1	1
㉯	15	2	?
㉰	15	4	2

5′-G|ATCGAAGCTACCT|CAGCCGATCACCG-3′ } ㉠
3′-CTAGCTTC|GATGGA|GTCGGCTAGTGGC-5′

5′-GGTACGCTAATGGAGATTTCGATCTGA-3′ } ㉡
3′-CCATGCGATTACCTCTAAAGCTAGACT-5′

[문제 70 – 18학년도 수능 변형]

다음은 이중 가닥 DNA x와 y에 대한 자료이다.

○ 34 개의 염기쌍으로 구성된 x와 y의 염기 서열은 다음과 같다.

x 5′-CAGCTATGACTATTCCTACCTTCAAGTGCTAAGT-3′
3′-GTCGATACTGATAAGGATGGAAGTTCACGATTCA-5′

y 5′-AAGCTATATCACTTGAAGCTCATAGACTATTCGT-3′
3′-TTCGATATAGTGAACTTCGAGTATCTGATAAGCA-5′

○ x와 y에 포함되는 염기 서열의 정보는 표와 같다. 염기 서열 ㉮~㉱는 각각 6개의 뉴클레오타이드로 구성되며, ㉮와 ㉯는 각각 x의 한 단일 가닥과 상보적이고, ㉯, ㉰, ㉱는 각각 y의 한 단일 가닥과 상보적이다. ㉰와 ㉱의 5′ 말단으로부터 ⓐ4번째 염기는 동일하다.

염기 서열	염기 서열과 단일 가닥 사이의 수소 결합 총개수	퓨린 계열 염기 개수	구아닌(G) 개수
㉮	15	2	1
㉯	14	3	1
㉰	14	5	2
㉱	14	1	0

○ x에는 26개의 염기쌍으로 이루어진 유전자 X가, y에는 ㉠ 24개의 염기쌍으로 이루어진 유전자 Y가 있다. 각각의 유전자에 포함된 염기 서열은 표와 같다.

유전자	X	Y
포함되는 염기 서열	㉮, ㉯	㉯, ㉰, ㉱

이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 모두 고르시오.

< 보 기 >

ㄱ. ㉮의 3′ 말단 염기는 타이민(T)이다.
ㄴ. ⓐ는 구아닌(G)이다.
ㄷ. ㉠에서 염기 간 수소 결합의 총개수는 51개다.

[자료 해제]

[선지 해제]

< 보 기 >

ㄱ. t_2보다 t_1이 앞선 시점이다. (X)

시간의 순서는 $t_3 \rightarrow t_2 \rightarrow t_1$이다.

ㄴ. ㉠은 1이다. (O)

㉮의 퓨린 계열 염기는 아데닌(A) 1개이다.

ㄷ. ⓑ와 x가 이루는 수소 결합의 총개수는 60개이다. (O)

25개의 염기 중 G+C 염기 개수는 10개이다.
따라서 수소 결합의 총개수는 50+10=60개이다

[메일 주소]
ywb0206@naver.com

[부교재 링크]
https://atom.ac/books/7383

쉽지 않은 여정이셨을 거라 생각됩니다.

그럼에도 불구하고 1권을 끝내신 독자분께서는 이미 원하는 목표의 반 이상을 성취하셨다고 감히 말씀드리겠습니다.

너무 수고 많으셨습니다!

혹여 공부하시다가 의문 드시는 점이 있으셨거나
교재 내부적으로 문제가 있다고 생각되는 부분이 있다면 메일 주셔요!

제가 할 수 있는 한 성심성의껏 답신드리겠습니다'-'
가시는 앞날이 찬란하시기를 저와 본 교재가 응원합니다!

2021.02.06.
이샛별 올림