

1.

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, X의 염기 개수는 100 개이고, Y의 염기 개수는 50 개이다.
- 표는 I 과 II를 구성하는 염기 수를 나타낸 것이고, I 과 II는 각각 X_1 , X_2 중 하나이다. ㉠~㉤은 아데닌(A), 사이토신(C), 구아닌(G), 타이민(T)을 순서 없이 나타낸 것이고, ㉥은 퓨린 계열 염기이다.
- G의 개수는 X_2 에서가 X_1 에서보다 많고, X_2 에서 $\frac{G+T}{A+C}$ 는 1 보다 작다.
- Y에서 ㉡의 개수는 ㉢의 개수보다 많다.

가닥	염기 수			
	㉠	㉡	㉢	㉣
I	10	?	10	?
II	30	10	?	?

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

—<보 기>—

- ㄱ. ㉡은 아데닌(A)이다.
- ㄴ. X에서 염기 간 수소 결합의 총개수는 110 개이다.
- ㄷ. Y는 X_1 로부터 전사되었다.

[Tactic 1] 개수 추론은 4 요소 찾기 Game

개수 추론 유형은 단일 가닥 내 4 개의 정수 요소를 찾는 것으로 귀결된다.

$$\begin{array}{c|c} A & T \\ \hline G & C \end{array} = \begin{array}{c|c} ① & ② \\ \hline ③ & ④ \end{array}$$

이때 두 가닥의 관계에 있어
각각의 영역은 서로 배반 패턴으로 나타나야 한다.

$$\begin{array}{c|c} ① & ② \\ \hline ③ & ④ \end{array} = \begin{array}{c|c} 30 & 10 \\ \hline 10 & 0 \end{array}$$

I

$$\begin{array}{c|c} ① & ② \\ \hline ③ & ④ \end{array} = \begin{array}{c|c} 10 & 30 \\ \hline 0 & 10 \end{array}$$

II

가닥	염기 수			
	A	T	G	C
x_1	10	20	30	40
x_2	20	10	40	30
Y	20	0	40	30

[Tactic 2] 영역 구분

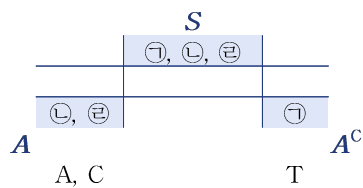
개수 추론은 선 영역 구분, 후 분류 및 매칭이 핵심인 경우가 많다.



예

(G, C)=(㉠, ㉡) or (㉢, ㉣)이고
㉢은 퓨린 계열 염기이므로 ㉢은 구아닌(G)이고, I 은 X₂ 이다.

㉡과 ㉣은 아데닌(A)과 사이토신(C) 중 하나로
순서 없이로 묶이므로 ㉠은 타이민(T)이다.



[Comment 1] 4 요소 해석

I 에는 자연수 요소 '10'이 있고

가닥	염기 수			
	㉠	㉡	㉢	㉣
I	10	?	10	?
II	30	10	?	?

II에는 30 이 있으며 S가 50 이므로 정수 요소는 (30, 10, 10, 0)이다.

$$\frac{\textcircled{1}|\textcircled{2}}{\textcircled{3}|\textcircled{4}} = \frac{30|10}{10|0}$$

[Comment 2] 배반 패턴 해석

I 과 II의 10 은 다음과 같이 배반 패턴으로 존재하므로

$$\frac{\textcircled{1}|\textcircled{2}}{\textcircled{3}|\textcircled{4}} = \frac{30|10}{10|0}$$

I

$$\frac{\textcircled{1}|\textcircled{2}}{\textcircled{3}|\textcircled{4}} = \frac{10|30}{0|10}$$

II

II의 ㉣의 개수는 10 이고, II의 ㉢의 개수는 0 이다.

가닥	염기 수			
	㉠	㉡	㉢	㉣
I	10	?	10	?
II	30	10	0	10

[Comment 3] 추가 조건 해석

X₂에서 $\frac{G+T}{A+C}$ 는 1 보다 작다고 했으므로 A or C 요소에 30 이 있고

G의 개수는 X₂에서가 X₁에서 많다고 제시되어 있으므로

(X₂에서 G, X₁에서 G)=(10, 0)이다.

∴ X₂에서 아데닌(A)의 수는 30 개이다.

[Comment 4] 제한 조건 해석

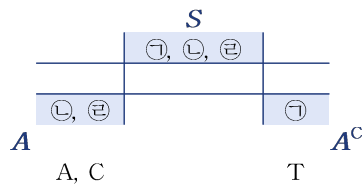
(X_2 에서 G, X_2 에서 C)=(10, 0)이므로

가닥	염기 수			
	㉠	㉡	㉢	㉣
I	10	?	10	?
II	30	10	0	10

(G, C)=(㉢, ㉡) or (㉢, ㉣)이고

㉡은 퓨린 계열 염기이므로 ㉢은 구아닌(G)이고, I은 X_2 이다.

㉡과 ㉣은 아데닌(A)과 사이토신(C) 중 하나로
순서 없이로 묶이므로 ㉠은 타이민(T)이다.



[Comment 5] 상보 조건 해석

Y에서 ㉡의 개수는 ㉣의 개수보다 많으므로

가닥	염기 수			
	㉠ (T)	㉡	㉢ (G)	㉣
I (X_2)	10	?	10	?
II (X_1)	30	10	0	10

Y는 I과 유사 가닥 관계에 있고

㉡의 ? 요소는 30, ㉣의 ? 요소는 0이다.

∴ ㉡은 아데닌(A), ㉣은 사이토신(C)이다.

[Comment 6] 선지 판단

ㄱ. ㉡은 아데닌(A)이다. (○)

ㄴ. X에서 염기 간 수소 결합의 총개수는 110개이다. (○)

ㄷ. Y는 X_1 로부터 전사되었다. (○)

답은 ㄱ, ㄴ, ㄷ이다.