

염기 조성 추론

염기 조성 추론 - 개수
Schema 1

비율 관점

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

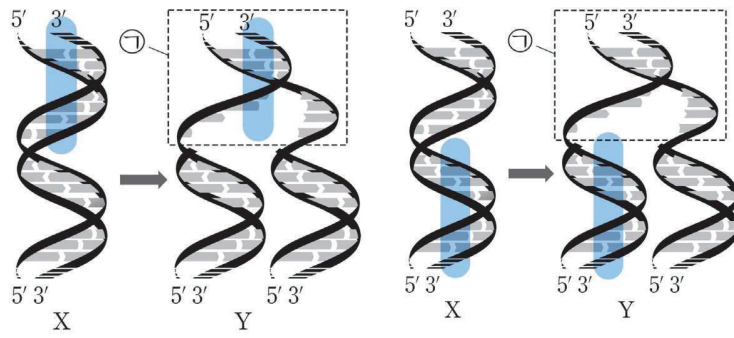


그림 1

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

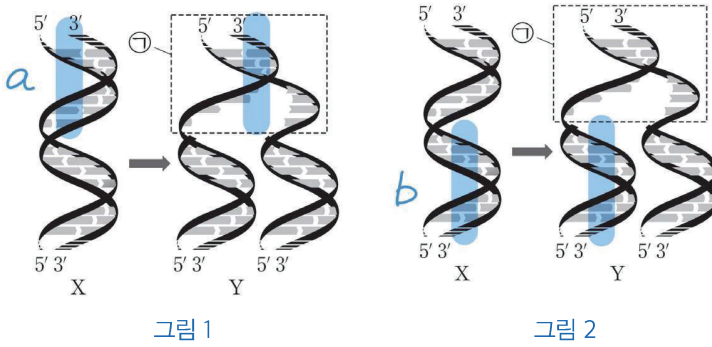
따라서 X의 GC 함량은 $35\% \times \frac{1}{2} + 45\% \times \frac{1}{2} = 40\%$ 이다.

순수한 DNA 2종 가닥인 X에는 유라실(U)이 없다.

∴ X의 AT 함량은 60%이고, 주어진 선지는 타당하다.

이를 일반화해보자.

비율 관점



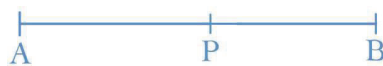
①에 상응하는 DNA 가닥의 염기 개수 : 새로 합성된 DNA 가닥의 염기 개수 = $a : b$
 ①에 상응하는 DNA 가닥의 G+C 함량 : 새로 합성된 DNA 가닥의 G+C 함량 = $m : n$
 라 하자. (단, $m + n = 100$ 이다.)

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 있다는 생각

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

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, X₁과 X₂의 염기 개수 동일)

비율의 총합은 100%이므로

X₂의 타이민(T) 개수는 32×2=64개이다.

염기 조성 추론

문항 출처

22학년도 킬포 모의고사
9회 간소화

가능성은 낮으나

거시적 관점보다는 위치
추론에서 주로 활용되는 킬
포이다.

염기 조성 추론 - 거시
Schema 1

수소 결합

ATCCGACTTGACCTAATGGCATCGAGGAGCCAAGACT

- (나)는 37개의 염기로 구성되고 염기 서열은 다음과 같다.
- II와 (나) 사이의 염기쌍 수와 III과 (나) 사이의 염기쌍 수의 합은 370이다.
- II와 (나) 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 62이다.

가능성이 낮으나 거시적 관점 문항에서 짧은 단일 가닥의 염기 개수가 제시되어 있지 않을 수 있다. 염기 간 수소 결합 총개수 조건을 활용하여 염기 개수 범위를 역추론할 수 있다.

[개수 범위]

$$\frac{\text{염기 간 수소 결합의 총개수}}{3} \leq \text{짧은 단일 가닥의 염기 개수} \leq \frac{\text{염기 간 수소 결합의 총개수}}{2}$$

[논증]

수소 결합 총개수 = 2×(짧은 가닥 염기 수) + (짧은 가닥 G+C 개수) 이다.

짧은 가닥 G+C 개수가 0일 경우, 수소 결합 총개수 = 2×(짧은 가닥 염기 수) 이므로

$$\frac{\text{염기 간 수소 결합의 총개수}}{3} \leq \text{짧은 단일 가닥의 염기 개수} \text{ 이고}$$

짧은 가닥 G+C 개수가 짧은 가닥 염기 수일 경우, 수소 결합 총개수 = 3×(짧은 가닥 염기 수) 이므로 짧은 단일 가닥의 염기 개수 ≤ $\frac{\text{염기 간 수소 결합의 총개수}}{2}$ 이다.

$$\therefore \frac{\text{염기 간 수소 결합의 총개수}}{3} \leq \text{짧은 단일 가닥의 염기 개수} \leq \frac{\text{염기 간 수소 결합의 총개수}}{2}$$

[Schema 1 요약]

지금까지 출제된 모든 거시적 관점의 평가원 문항에는 짧은 가닥의 염기 개수와 수소 결합 조건이 존재한다. 수소 결합 총개수 조건이 등장한다면 먼저 짧은 가닥 G+C 개수를 표기한 후 해제하자.

만약 짧은 단일 가닥의 염기 개수가 제시되어 있지 않다면 염기 간 수소 결합 총개수 조건을 활용하여 염기 개수 범위를 역추론할 수 있다.

GC 조성

염기쌍은 수소 결합 개수에 따라 두 종류로 분류할 수 있다.

㉠ 수소 결합 2개

AT 염기쌍, AU 염기쌍

㉡ 수소 결합 3개

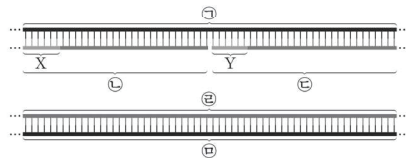
GC 염기쌍

수소 결합이 2개인 염기쌍들은 AT 염기쌍인지 AU 염기쌍인지 추론해야 하는 반면
수소 결합이 3개인 염기쌍은 단정적으로 GC 염기쌍이다.

따라서 $\frac{A+T}{G+C} = k$ 와 같이 AT 염기와 GC 염기를 분류하는 조건을 해석할 때

GC 염기의 조성을 우선으로 생각하자.

- ㉠, ㉡, ㉢은 각각 60개의 염기로 구성되고, ㉣과 ㉤은 각각 30개의 염기로 구성되며, 프라이머 X와 Y는 각각 6개의 염기로 구성된다.
- ㉣과 ㉤ 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 ㉣과 ㉤ 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수와 같다.
- ㉣에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{2}$ 이고, ㉤에서 $\frac{A+T}{G+C} = 1$ 이다.
- ㉢에서 $\frac{T}{A} = 1$ 이고, $\frac{C}{G} = \frac{7}{5}$ 이다.



[18학년도 수능]

㉣과 ㉤ 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수와

㉣과 ㉢ 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수가 같다는 조건이 제시되어 있다.

수소 결합 조건이 제시되어 있으므로 짧은 가닥의 염기 개수와 GC 계열 염기가 핵심이며

㉣과 ㉤의 염기 개수가 모두 30개이므로

해당 조건은 '㉣과 ㉤의 G+C 개수가 동일하다'와 같이 해석할 수 있다.

[Mind - 3 中 2]

① 짧은 단일 가닥의 염기 개수 : 동일

② 짧은 단일 가닥과 상보적인 가닥 간 수소 결합 총개수 : 동일

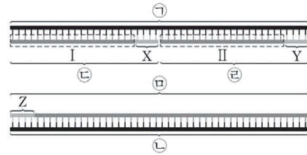
∴ 짧은 단일 가닥 G+C 개수 같다.

3개 中 2개가 문항에 제시되어 있으면 나머지 1개를 알 수 있다.

염기 조성 추론 - 거시
Schema 6

이중 가닥 정보

- 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 4개의 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 $\frac{A+\textcircled{a}}{G+\textcircled{b}} = 2$ 이고, ㉡에서 $\frac{\textcircled{a}}{A} = \frac{9}{7}$, $\frac{\textcircled{b}}{G} = \frac{3}{5}$ 이다.
- ㉠과 ㉤는 사이토신(C)과 티민(T)을 순서 없이 나타낸 것이다.



[20학년도 수능]

단일 가닥과 이중 가닥의 염기 정보가 동시에 주어진다면

이중 가닥의 염기 정보의 정보 위상이 더 높다.

이는 이중 가닥 부분에서는 **사가프 법칙이 성립하여 $A=T+U / G=C$** 가 성립하여 염기 조성을 파악하기 좀 더 용이하기 때문이다.

① RNA 프라이머가 없는 순수한 2중 가닥에서 $\frac{A+G}{C+T} = 10$ 이 성립

② 프라이머 유무와 관계없이 2중 가닥에서 $\frac{\text{퓨린 계열 염기의 개수}}{\text{피리미딘 계열 염기의 개수}} = 10$ 이 성립

∴ 제시된 자료에서 $\frac{A+\textcircled{a}}{C+\textcircled{b}} = 2$ 이므로 ㉠은 타이민(T), ㉡은 구아닌(G)이다.

단일 가닥에서는 **다른 가닥과의 관계성**과 같은 추가 조건이나 계산을 통해 추론해야 하는데 이때 **이중 가닥의 조건이 추론의 선행 조건**으로 사용되기도 한다.

예를 들어, (가)의 $\frac{A+T}{G+C} = 2$ 이므로 ㉠의 $\frac{A+T}{G+C}$ 또한 2이다 알 수 있다.

∴ 한 구간 내 염기 조성 유사

∴ U가 없는 가닥 간 비교면 염기 조성 동일

[Schema 6 요약]

단일 가닥과 이중 가닥의 염기 정보가 동시에 주어진다면

이중 가닥의 염기 정보의 정보 위상이 더 높다.

$\frac{\textcircled{a}+\textcircled{b}}{\textcircled{c}+\textcircled{d}} = k (k \neq 1)$ 이면 (㉠㉡ / ㉢㉣)는 (AT / GC) 또는 (GC / AT)이다.

타이민(T)

타이민(T)은 개정 전 티민(T)에서 명칭이 변경되었다.

$$\frac{\textcircled{a}+\textcircled{b}}{\textcircled{c}+\textcircled{d}} = k \text{ 전체}$$

$k \neq 1$, ㉠, ㉡, ㉢, ㉣는 아데닌(A), 타이민(T), 구아닌(G), 사이토신(C)을 순서 없이 나타낸 것이다.