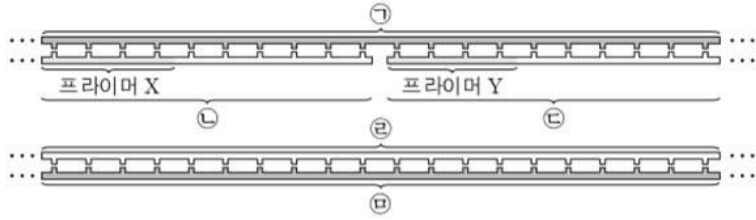


<적용 - 180616 - 조건 6>

- 프라이머 Y는 피리미딘 계열에 속하는 1종류의 염기로 구성되며, 이 염기는 ㉠에는 있지만 ㉡에는 없다.



<적용 - 200616 - 프라이머 위치 / 방향성 결정>

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

- (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.

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

<보 기>

- ㄱ. ㉠은 5' 말단이다.
- ㄴ. X와 (나) 사이의 염기 간 수소 결합의 총개수는 10개이다.
- ㄷ. III에서 $\frac{\text{아데닌(A) 개수} + \text{티민(T) 개수}}{\text{구아닌(G) 개수} + \text{사이토신(C) 개수}} = \frac{4}{9}$ 이다.

- ① ㄱ ② ㄴ ③ ㄷ ④ ㄱ, ㄴ ⑤ ㄱ, ㄷ

<180616 - 친절한 사고>

복제되는 DNA에서 프라이머는 RNA 프라이머이다. 이 때 '피리미딘 계열 염기'라고 주어졌 있으므로 C or U인 걸 알 수 있다.

앞으로 복제 중인 DNA 염기 추론 문항 / 샤가프 문항(DNA 관련 수치 추론 문항)에서 지칭하는 문자가 주체가 무엇인지 정확히 인지하자.

'단일 가닥 DNA인지 이중 가닥 DNA인지에 따라' Topic 4 샤가프 법칙에서 적용해야 할 실전 개념이 달라지며 주어진 가닥이 DNA인지, RNA인지에 따라 가지고 있는 염기의 종류가 달라지기 때문이다.

또한 대명사는 붙여 읽는 연습을 하는게 좋다. 멍뚱그러서 읽다보면 가끔 내가 해야하는 행동을 망각할 때가 있기 때문에 조건 6에서 '이 염기'라고 주어졌을 때 바로 C or U로 번역하여 읽는 연습이 필요하다. (의외로 사소한 행동 교정이 중요하다!!)

C or U는 DNA 단일 가닥 ㉡에는 있지만 ㉠에는 없으므로 이 염기는 C이고, ㉠과 ㉡의 유사가닥에는 G가 없음을 알 수 있다

<200616 - 친절한 사고>

5 - UCAG - 3은 'DNA 단일 가닥' (나)에 상보적이다 (굳이 원 문자나 미지칭 문자에 정확한 워딩을 하는 이유는 같이 문제를 풀어보면 알 것이다. 사소한 reading 습관 하나가 생2 문제 풀이 속도에 어떻게 영향을 주는지를 2중 가닥인지, 단일 가닥인지, RNA 프라이머인지 DNA 조각들인지 정확하게 붙여읽자)

따라서 주어진 (나) 가닥의 상보적인 곳에서 5 - UCAG - 3를 찾고, 단일 가닥 II, III의 피리미딘 계열 염기를 DNA 단일 가닥 (나)의 퓨린 계열 염기로 번역하여 주어진 서열을 읽어내면 프라이머 X가 결정되며

프라이머는 주어진 서열의 방향성을 결정하므로 5번 말단, 3번 말단을 알아낼 수 있다.

○ 샤가프 법칙(염기간의 관계)

샤가프의 법칙은

- ① 염기의 상대적인 양과 비율은 생물 종에 따라 다르나 한 종 내에서 일정하다는 것
- ② 한 종 내 DNA를 이루고 있는 A와 T의 양이 거의 일치하고 G와 C의 양이 거의 일치한다

를 의미하는데, 이런 염기간의 관계에서 굉장히 많은 실전개념이 등장한다.

앞에서 잠깐 언급했듯이 DNA를 구성하는 염기에는 A(아데닌), G(구아닌), T(티민), C(사이토신)이 있다. A와 G는 두 개의 고리 구조로 이루어진 **퓨린** 계열의 염기이고, C와 T는 한 개의 고리로 이루어진 **피리미딘** 계열 염기인데, '이중 가닥' DNA에서는 퓨린 계열 염기와 피리미딘 계열 염기가 수소 결합을 하므로써 DNA의 직경 2nm를 유지한다.

이러한 사실들은 왓슨과 크릭이 규명했는데

- ① 1952년 월킨스와 프랭클린의 X선 회절 사진을 토대로
- ② 1953년에 DNA는 두 가닥의 폴리뉴클레오타이드가 서로 마주보면서 꼬여 있는 2중 나선 구조라는 것을 밝혀내었다.
(= ①에서는 자세한 입체 구조를 밝히지 못했다 / 그러나 대칭적이고 나선형 구조를 하고 있다고 제안하였다.)

(= ②에서 밝혀낸 '이중 가닥 DNA'의 특징은 다음과 같다.

- ① 당-인산 골격은 나선 구조의 바깥에 위치하며, 염기는 안쪽에 위치한다.
- ② 두 폴리뉴클레오타이드는 역평행 구조를 이루고 있다 (서로 반대 방향으로 결합하여 한쪽 가닥의 끝이 5번 말단이면 다른 쪽 가닥의 끝은 3번 말단인 구조를 하고 있다.
- ③ '이중 가닥' DNA에서 A는 항상 T와 , G는 항상 C와 상보적으로 결합하며, 전자는 두 개의 수소결합 후자는 세 개의 수소결합을 한다

⇒ 한쪽 가닥의 염기 배열 순서를 알면 상대 가닥의 염기 배열 순서를 알 수 있다.

따라서 DNA는 ① 구조적으로 안정적이고(by 2중나선), ② 염기가 사슬에 안쪽에 위치하고 있어 유전정보를 안전하게 저장할 수 있어 ③ 다음 세대에 유전 정보를 전달하는 유전 물질로서의 기능을 잘 수행해 낼 수 있다.

2중 가닥의 경우, 샤가프 법칙 & A=T+(U), G=C를 적용할 수 있으므로 DNA의 경우 1가지 염기의 정보만 제시되더라도 모든 염기의 조성을 알 수 있다.

EX (161120 PCR 문항) (이중 가닥)

목적 가닥의 수소 결합은 50개이고, A의 비율은 0.25이다. PCR이므로 DNA이고, A=T/G=C이므로 모든 염기의 비율은 0.25이다. 수소 결합의 비례상수는 5이므로 목적 가닥에는 AT bp 10쌍 / GC bp 10쌍이 존재함을 알 수 있다.

단일 가닥의 경우, 제시된 여러 가지 단일 가닥 간의 관계를 이용하여 개수를 추론해야 하는데 한 가닥을 알면 다른 가닥을 알 수 있으므로, 적절히 추론하되 간결하게 번역하는 연습을 하자.

EX 171112

- X는 단일 가닥 X_1 과 X_2 로, Y는 단일 가닥 Y_1 과 Y_2 로 이루어져 있다.
- X에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{2}$ 이고, Y에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{7}$ 이다.
- X_1 에서 구아닌(G)의 비율은 16%이고, 피리미딘 염기의 비율은 52%이다.
- Y_1 에서 사이토신(C)의 비율은 30%이다.
- Y_2 에서 아데닌(A)의 비율은 12%이다.

G+C의 비율은 변하지 않는다. 따라서 먼저 생각해주시자 두 번째 조건에서 G+C는 40%인 것을 알 수 있다.

G+C의 비율은 단일 가닥, 이중 가닥에서 모두 일정하므로 <조건 3>에 의해 X_1 에서 C의 비율은 24%임을 알 수 있다. 이러한 방식으로 자료 정리하면 다음과 같다.

x3	A	T	G	C
X_1	32	28	16	24
X_2				
Y_1	18	12	40	30
Y_2				

〈실전 개념〉

Tip 1

A+T/G+C를 제외한 다른 분수식(A+G/C+T or A+C/G+T)은 '이중 가닥 DNA'에서 샤가프의 법칙에 의해 1이다. 따라서 단일 가닥, 이중 가닥에서 모두 특수한 상황인 A+T/G+C의 비율이 자주 등장하며 A+T/G+C의 비율은 단일 가닥, 이중 가닥에서 모두 일정하다.

즉, G+C의 비율은 단일 가닥, 이중 가닥에서 모두 일정하다는 말이다.

(A+T의 비율은 DNA에서는 일정하나, 복제 중인 염기 추론 문항에서는 RNA 프라이머가 섞여 있을 수 있으니 항상 고정적인 GC 비율을 먼저 생각해주자)

(+ bp = base pair = 염기쌍)

EX <171112>

- X는 단일 가닥 X_1 과 X_2 로, Y는 단일 가닥 Y_1 과 Y_2 로 이루어져 있다.
- X에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{2}$ 이고, Y에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{7}$ 이다.
- X_1 에서 구아닌(G)의 비율은 16%이고, 피리미딘 염기의 비율은 52%이다.
- Y_1 에서 사이토신(C)의 비율은 30%이다.
- Y_2 에서 아데닌(A)의 비율은 12%이다.

G+C의 비율은 변하지 않는다. 따라서 먼저 생각해주자 두 번째 조건에서 G+C는 40%인 것을 알 수 있다.

G+C의 비율은 단일 가닥, 이중 가닥에서 모두 일정하므로 <조건 3>에 의해 X_1 에서 C의 비율은 24%임을 알 수 있다. 이러한 방식으로 자료 정리하면 다음과 같다.

×3	A	T(U)	G	C
X_1	32	28	16	24
X_2				
Y_1	18	12	40	30
Y_2				

Tip 2

이중 가닥에서 퓨린 계열 염기는 50%이다. 그리고, 단일 가닥에서 퓨린 계열 염기의 비율은 유사 가닥(RNA 프라이머 유무와 관계없이)에서도 불변이다.

$$\Rightarrow (\text{이중 가닥}) \text{ G 비율(개수)} = \text{C 비율(개수)}$$

$$\text{A 비율(개수)} = \text{T 비율(개수)} + \text{U 비율(개수)}$$

T or U의 개수를 추론해야 할 때는 A의 개수를, AT bp 개수를 추론해야 할 때는 GC bp의 개수를 생각하자.

+ 미지의 단일 가닥 피리미딘 계열 염기 비율을 알고 싶을 때, 상보적인 가닥의 퓨린 계열 염기 비율을 이용하는 경우가 편리한 경우가 많다.

EX <180914>

↳ T의 개수는 435개이다.
A+T or A+U의 개수는 880이므로 A의 개수는 440개이다. (이중 가닥에서 A=T+U이므로 AT or AU bp에서 A의 개수는 정확히 절반이다.) 따라서 T는 435개 (문제 조건에서 U가 5개)

Tip 3

HB 개수는 (HB = 수소 결합) bp로 생각하는 게 편리하며 HB의 두 가지 관점을 자유자재로 변환할 수 있어야 한다.

$$- 2AT(U) \text{ bp} + 3GC \text{ bp}$$

$$- \text{총 염기 수} + GC \text{ bp}$$

$$\Rightarrow \text{염기 수가 같은 상황에서 HB 차이} = GC \text{ bp 차이}$$

EX 왼쪽 문항 ↳ 선지 <X와 Y는 300쌍 / X와 Y의 HB 차이?>
GC 비율이 30%만큼 차이나므로 HC 개수는 30%(비율)×3(비례상수)=90(정량값) 이다.

주로 HB 개수를 묻는 문항의 경우 왼쪽의 문항처럼 총 염기 수(=염기 쌍수×2), 염기 비율(A+T : G+C)를 제시하며 바꿔 말하면 세 가지 정보 중 두가지를 안다면 나머지 사실을 파악할 수 있다는 것이다.

예를 들면 2k개의 염기가 있다면, k개의 염기쌍이 존재하므로 $2k \leq \text{HB 개수} \leq 3k$ 임을 알 수 있고, 염기 비율 (A+T : G+C)을 통해 정확한 값을 도출해낼 수 있다.

Tip 4

DNA에는 U가 없고, RNA에는 T가 없다. 너무 당연하고 특수한 사실인데 은근 인지하지 못하는 경우가 없어 되뇌이라고 수록했다.

복제 중인 DNA에서 프라이머가 피리미딘 계열이라면 C or U일 것이고, 이 염기가 ⊕ 가닥(DNA)에 존재하지 않는다면 염기는 C로 결정된다.

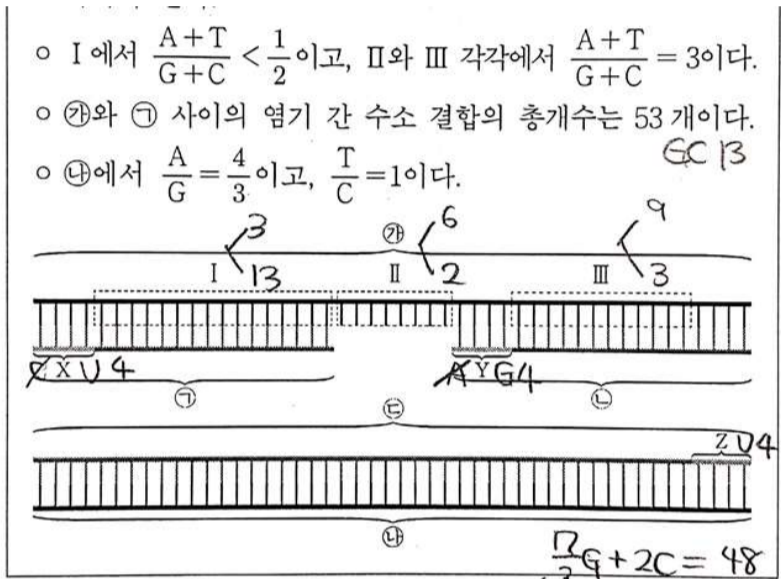
또한 $\frac{A+U}{C}$ 가 문제 조건에 주어진다면 'DNA 기준' $\frac{A}{C}$ 와 같은 굉장히 특수한 조건으로 변신한다.

Tip 5

단일 가닥에서의 G+C 개수는 이중 가닥에서의 GC bp 개수와 동일하다

(+ DNA와 RNA에 공통적으로 적용할 수 있는 염기가 GC이므로 하여 염기 개수의 정량값을 구해야 상황의 경우 우선적으로 G, C의 개수에 관한 연립방정식을 통해 해결한 후, 여사건으로 A, T, U 개수를 구하는 사고를 하는 것이 바람직하다!!)

EX <190614>



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

<보기> $G+C = 18$ $G=12$ $C=10$
 22 26

ㄱ. ㉓이 ㉑보다 먼저 합성되었다.

(가)와 ㉑에서 총 염기수는 40개이므로 GC bp는 13쌍이다. 따라서 X가 All U(by 추가조건)가 되어야하고, I에서의 A+T=3 / G+C=13 (개)임을 알 수 있다. 해당 손글씨에서의 대립쌍은 단일 가닥에서의 G+C 개수는 이중 가닥에서의 GC bp 개수와 동일하다는 사실을 내 포함다.

Tip 6

비례상수의 적극적 활용

x% 복제된 DNA 문항이나 화1/화2 여러 가지 비율 계산 등 다채롭게 문항을 풀어갈 수 있는 기술이다.

<예시 문항>을 풀어가는 여러 가지 Tip도 얻어가되, 다른 종류의 문항들에서도 적용해보자

앞에서 HB 개수를 묻는 문항의 경우 왼쪽의 문항처럼 총 염기 수(=염기 쌍수×2), 염기 비율(A+T : G+C)를 제시하며 바꿔 말하면 세 가지 정보 중 두가지를 안다면 나머지 사실을 파악할 수 있다고 언급했는데, 해당 문항에 적용하는 법을 서술하면

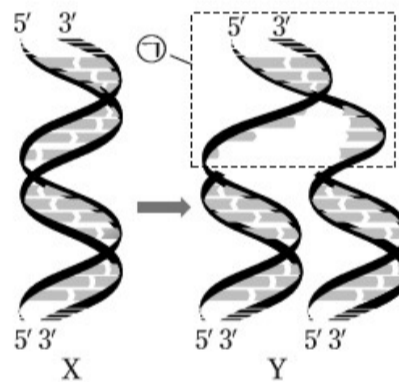
① 총 염기 수

복제가 얼마나 진행되었는지 알려준다. 알맞은 비례상수를 대응하여 염기수비를 알아내면, 한 가닥의 총 염기 수를 통해 다른 가닥의 총 염기수의 정량값도 구해낼 수 있다.

아래 자료에서 X가 100 bp, Y가 340개의 염기로 구성되어 있다고 가정하면, 비례상수비가 10 : 17 이므로 70% 복제가 완료된 상황이다.

<자료>

○ 그림은 대장균의 DNA X가 복제되는 과정의 일부를 나타낸 것이다. 그림에서 Y는 X가 a% 복제되었을 때의 DNA이다.



② 수소 결합 수

실전개념 3 참고

③ 염기 비율 (A+T : G+C)

복제 여부와 상관없이 각 영역에서 동일하다(by 실전개념 1). 얼마나 복제가 진행되었는지 안다면, X에서 염기의 비율을 구해낼 수 있다.

위의 자료에서 Y 중 ㉑을 제외한 부분을 ㉒라고 하자.

해당 자료에서 a=80이라 하고, G+C가 ㉑이 30%, ㉒이 80%라 하면, X에서 G+C=70%임을 알 수 있다.

계산하는 skill은 수업 및 인스타 자료를 참고하자.