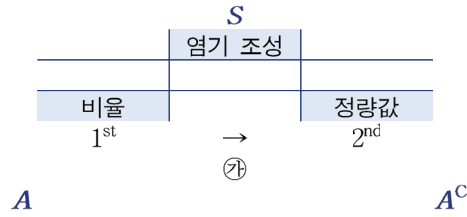


개수 추론형
Schema 2
비례상수

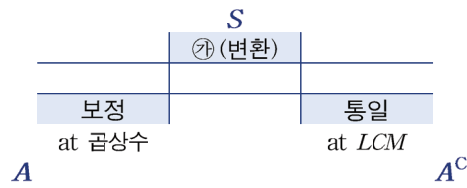
[중요도 ★★★]

- 적절히 요소 간 비를 내포하는 비례상수를 활용하여 첫 번째 *Setting*을 행하고



필요하면 정량값 (정확한 개수)로 변환할 수 있다.
이때 변환하는 방식에는
비율 관점에서 끝냈을 때 간결할 수 있다.

- Ⓢ (변환)을 행하는 방식에는 보정과 통일이 있다.



곱상수는 비율은 정확한 개수 or 또다른 비율로 매개해주는 $\times k$ 를 의미하고
LCM은 두 상수의 *Scale*을 보정해주는 최소공배수를 의미한다.

예 비례상수 2, 실제 염기 개수 100개 \Rightarrow 곱상수 (보정상수) $\times 50$

비례상수 2와 9의 관계를 관찰하는 *Setting*

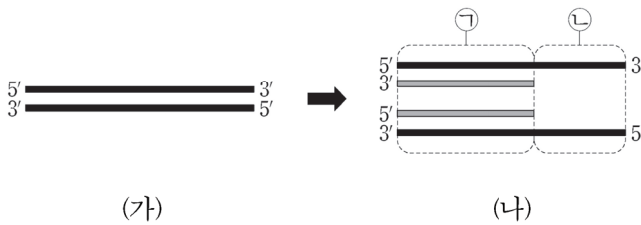
- ① 양 숫자에 역수 비를 곱상수 처리한다. (보정)
- ② 양 숫자를 LCM으로 통일한다. (통일)

개수 추론형
 Schema 2
 비례상수

예

다음은 어떤 세포에서 일어나는 DNA X의 복제에 대한 자료이다.

- 그림 (가)는 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.

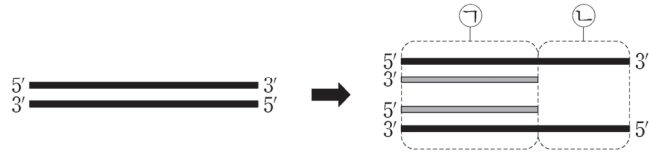


다음 정오를 판단하시오
 (단, 돌연변이는 고려하지 않는다.)

- 1) X에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{2}$ 이다.
- 2) ㉡에서 사이토신(C) 개수 + 타이민(T)의 개수 = 450개이다.

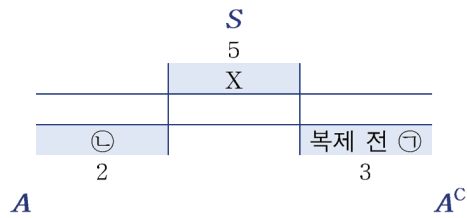
개수 추론형
Schema 2
비례상수

[해설]

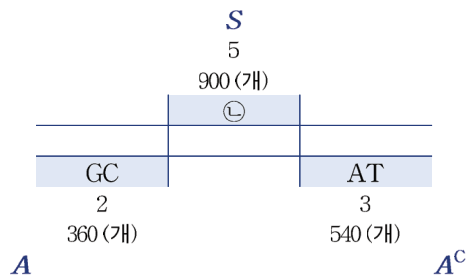


(가)

㉔의 개수는 X의 염기 개수의 40%이므로 2로 Setting하면 ㉓은 6에, X는 5에 대응된다.



㉔에서 구아닌(G)의 개수가 180개이고, ㉔에서 A+T 함량은 60%이므로
㉔에서 구아닌(G) 함량은 20%이고, ㉔에서 염기 개수는 900개이다.



㉓에서 새로 합성된 가닥의 G+C 함량은 40%이고 ㉓과 ㉔의 G+C의 함량이 동일하므로
X의 G+C 함량도 40%이다.

개수 추론형
Schema 2
비례상수

[정답]

1) X에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{2}$ 이다.

X의 G+C 함량이 40%이므로 맞는 선지이다.

2) ㉠에서 사이토신(C) 개수+타이민(T)의 개수 = 450개이다.

㉠에서 피리미딘 계열 염기의 함량은 50%이므로 ㉠의 염기 개수는 900개이므로

㉠의 피리미딘 계열 염기 개수는 450개이다.

개수 추론형
Schema 2
비례상수

예

- DNA X는 300개의 염기쌍으로 구성된다.
- X에서 $\frac{A+T}{G+C} = \frac{3}{2}$ 이다.
- X의 한 단일 가닥 X₁에서 사이토신(C)의 비율은 24%이고, 피리미딘 계열 염기의 비율은 52%이다.

X₂에서 아데닌(A) 개수는?

개수 추론형
 Schema 2
 비례상수

Sol)

주어진 상황을 ㉠ 비율로 정리하면 다음과 같다.

%	A	T	G	C	계
X ₁	32	28	16	24	100

주어진 상황을 ㉡ 정량값으로 정리하면 다음과 같다.

개수	A	T	G	C	계
X ₁	96	84	48	72	300

비율로 상황을 인지한 후, 정확한 값이 필요할 때만 정량값으로 끌고가는 게 효율적일 수 있으며 비율과 정량값을 곱상수를 도입하여 매개할 수 있다.

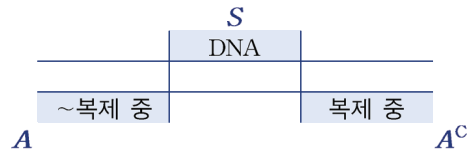
×3 (곱상수)	A	T	G	C	계
X ₁ 염기 비율	32	28	16	24	100
X ₁ 염기 개수	32×3	28×3	16×3	24×3	100×3

∴ X₂에서 아데닌(A) 개수는 84개이다.

개수 추론형
Schema 3
절반 기준

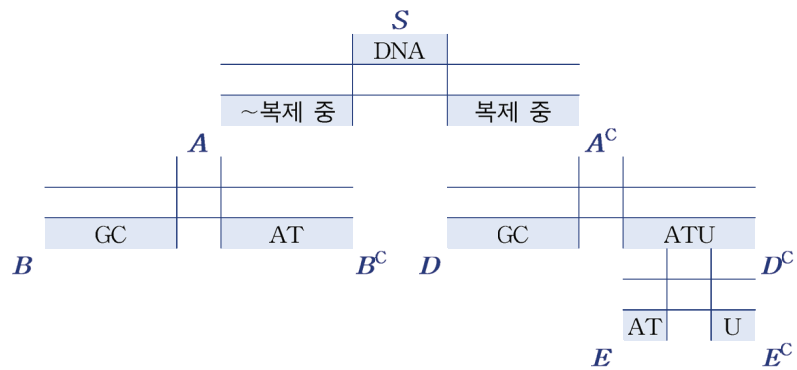
[중요도 ★★★]

- 출제되는 DNA 자료는 다음과 같이 분류할 수 있다.

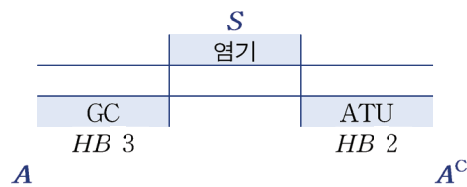


일반적인 DNA 2중 가닥에서
아데닌(A) 개수 = 타이민(T) 개수
구아닌(G) 개수 = 사이토신(C) 개수이고

복제 중인 DNA의 이중 가닥에서
아데닌(A) 개수 = 타이민(T) 개수 + 유라실(U) 개수
구아닌(G) 개수 = 사이토신(C) 개수이다.



- 두 자료 모두 이중 가닥에서 ATU 염기 중 아데닌(A)이 절반이며 GC 염기 중 구아닌(G)과 사이토신(C)의 개수는 각각 절반이다.
- ATU 염기 조성이 설정된 전체일 때



아데닌 개수를 여사건으로 활용하여
타이민(T) 개수나 유라실(U) 개수를 추론할 수 있다.