Schema 1 수소 결합

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.

Schema 2 GC 조성

복제 중인 DNA 단일 가닥에는 유라실(U)이 존재할 수 있다.

따라서 $\frac{A+T}{G+C}=k$ 조건을 해석할 때 G+C 개수를 우선으로 거시적 분류한 후

A+T 조성을 판단하자.

Schema 3 구간 분류

한 구간 내에 있는 단일 가닥의 G+C 개수는 모두 동일하다. 구간을 분류한 후
어떤 구간 내 단일 가닥의 염기 조성 추론이 막히면 다른 구간의 정보를 활용해야 하는 지 의심하자.

Schema 4 가닥 설정

한 구간 내에 있는 정보의 위상이 높은 가닥을 확인, 설정해두자,
해당 가닥의 정보를 구하면 구간 내 다른 가닥의 정보도 함께 도출된다.

∵ 유사한 가닥, 상보적인 가닥에서는 GC 조성이 동일하다.

Schema 5 $\frac{A+T}{G+C}=k$

$\frac{A+T}{G+C}=k$ 조건에 의해

① GC 계열 염기 개수, ② U의 염기 조성 ③ 프라이머의 위치 를 알 수 있다.

또한 설정한 가닥 내 정보를 $\frac{A+T}{G+C}=k$ 형태로 분류하면 세세한 염기 조성을 판단하는 데 도움을 받을 수 있다.

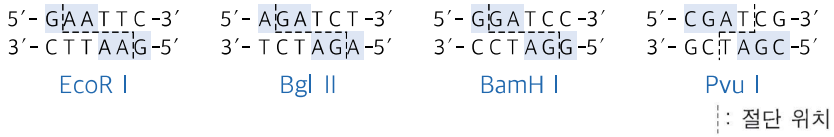
위치 추론 - 제한 효소
Schema 1

제한 효소의 특징

제한 효소는 특정 염기 서열을 인식하여 DNA를 선택적으로 절단하는 효소로
제한 효소의 종류에 따라 DNA 말단이 다른 모양으로 절단된다.

제한 효소의 예는 다음과 같다.

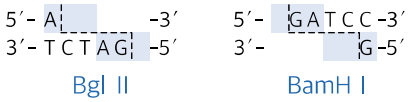
[염기쌍 수 6쌍 : 점착성 말단]



⇒ 제한 효소 인식 서열은 회문 구조를 가진다.
쉽게 말해 정중앙 점을 기준으로 점대칭 구조이다.

서로 다른 제한 효소로 절단된 DNA 조각은 대부분 DNA 연결 효소로 연결되지 않는다.

대부분 제한 효소의 점착성 말단은 서로 다르나 Bgl II 이나 BamH I 과 같이 점착성 말단이 서로 동일한 경우도 있다.

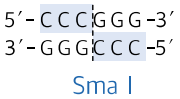


이와 같이 점착성 말단이 동일한 제한 효소로 절단된 DNA 조각은 DNA 연결 효소에 의해 서로 연결될 수 있다.

Bgl II 로 절단된 DNA 조각과 Bgl II 로 절단된 DNA 조각을 연결 효소로 연결한 재조합 DNA

이때 이 재조합 DNA는 회문 구조의 성격이 사라지며 그와 동시에 인식 서열의 역할을 하지 못한다. 그에 따라 Bgl II 이나 BamH I 로 다시 절단될 수 없다.

[염기쌍 수 6쌍 : 평활성 말단]



⇒ 말단의 종류와 관계없이 대칭성은 유지된다.

제한 효소의 정의
쉽게 말해 DNA를 자르는 효소이다.

점착성 말단
5′- G -3′
3′- CTTAA -5′

제한 효소로 절단된 DNA 단일 가닥 말단

DNA 단일 가닥 말단이 서로 상보적이면 DNA 연결 효소에 의해 서로 연결될 수 있다.

평활성 말단
5′- CCC -3′
3′- GGG -5′

제한 효소로 절단된 뭉툭한 구조의 DNA 말단

위치 추론 - 제한 효소
Schema 2

염기 수 파악

염기 개수를 양 말단으로부터 5개씩 끊어 판단하는 게 개수 파악에 유리하다.

예를 들어보자.

31개의 염기쌍으로 구성된 이중 가닥 DNA *x*를 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]

이때 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 개수와 조성은 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|TCCCGGG    -3′
3′-    GGG|GCCCT|AGGGC|CCTTAA-5′
```

∴ 조각 2는 38개의 염기로 구성

(∵ 직접)

인식 서열의 특징
제한 효소가 인식하는 염기 서열은 점대칭(회문 구조)이며, 4쌍~8쌍의 염기로 구성된다.