

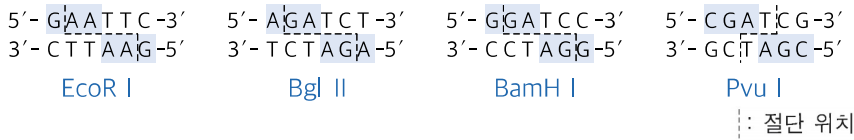
위치 추론 - 제한 효소  
Schema 1

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.

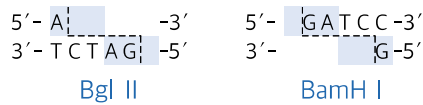
[염기쌍 수 6쌍 : 점착성 말단]



⇒ 제한 효소 인식 서열은 회문 구조를 가진다.  
쉽게 말해 정중앙 점을 기준으로 **접대칭 구조**이다.

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.



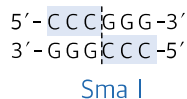
이와 같이 점착성 말단이 동일한 제한 효소로 절단된 DNA 조각은 DNA 연결 효소에 의해 서로 연결될 수 있다.



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.

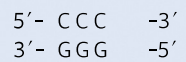
점착성 말단



제한 효소로 절단된 DNA 단일 가닥 말단

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

평활성 말단



제한 효소로 절단된 뭉뚱한 구조의 DNA 말단

# 염기 위치 추론

## 위치 추론 - 제한 효소 Schema 1

### 제한 효소의 특징

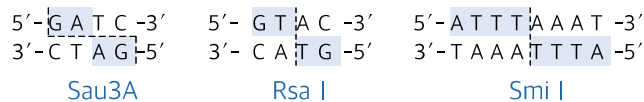
생명 공학에서 가장 대표적으로 소개되는 제한 효소는 EcoR I 이다.



대부분의 제한 효소 인식 서열은 이와 같이 6개의 염기쌍으로 구성되고, 제한 효소로 절단된 DNA 조각은 점착성 말단을 갖지만

다른 모양의 말단(평활성 말단)을 갖거나 4개~8개의 염기쌍으로 구성되기도 한다.

### [염기쌍 수 6쌍 이외 : 점착성 말단 vs 평활성 말단]



찾아야 할 제한 효소 인식 서열이 달라질 뿐 제한 효소의 성질은 동일하게 유지된다.

또한 대부분의 문항에서 DNA 가닥은 한 가닥만 제시되는데 이때 DNA 2중 가닥의 염기는 서로 상보성을 띄므로 상보성과 대칭성을 함께 활용할 수 있다.



제한 효소 인식 서열 상 1행 3열의 염기와 2행 4열의 염기는 회문 구조로 동일해야 한다. 이때 같은 열에서 1행과 2행의 염기는 서로 상보적이므로 가운데 가상의 선을 기준으로 한 열에서 선대칭에 있는 염기는 서로 상보적이다.



즉, 제한 효소 인식 서열이라면

- ① 3열과 4열의 염기는 상보적이며,
- ② 2열과 5열의 염기도 상보적이고
- ③ 1열과 6열의 염기도 상보적이어야 한다.

### [Schema 1 요약]

제한 효소 인식 서열을 생각할 때 대칭성과 상보성을 고려하여 해제할 수 있다.

위치 추론 - 제한 효소  
Schema 2

염기 수 파악

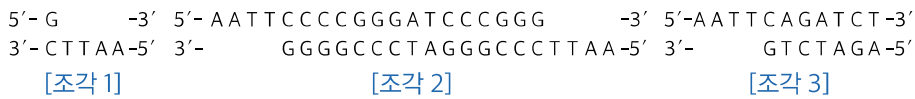
염기 개수를 양 말단으로부터 5개씩 끊어 판단하는 게 개수 파악에 유리하다.

예를 들어보자.

31개의 염기쌍으로 구성된 이중 가닥 DNA x를 제한 효소 EcoR I 가 절단하는 상황을 가정하자.



DNA x는 다음과 같이 절단된다.



이때 조각 1의 염기 개수는 6개임을 한 눈에 알 수 있다.

조각 3의 염기 개수를 Counting해보자.



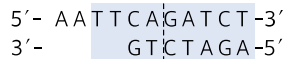
이중 가닥인 부분부터 염기쌍을 5개씩 끊어세면 염기가 10개 있는 것을 알 수 있다.

(∵ 5개씩 카운팅)

아래 두 조각의 염기 개수와 조성은 제한 효소의 성질에 의해 정확하게 동일하다.



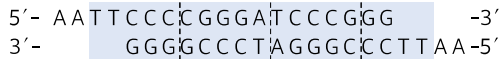
따라서 눈으로 개수를 인식할 때 다음과 같이 인식할 수 있다.



(∵ 점대칭)

∴ 조각 3은 18개의 염기로 구성

마지막 남은 조각 2의 개수를 직접 점대칭과, 5개씩 Counting을 이용하여 개수를 세면 아래와 같다.



∴ 조각 2는 38개의 염기로 구성

(∵ 직접)

인식 서열의 특징

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

## 염기 위치 추론

위치 추론 - 제한 효소  
Schema 2

## 염기 수 파악

조각 2의 염기 개수를 나머지의 관점으로 파악해보자.

앞서 이중 가닥 DNA  $x$ 는 31개의 염기쌍으로 구성되어 있다고 제시되어 있다.

그에 따라 조각 2의 개수를 다음과 같이 Counting할 수 있다.

⇒  $62 - (\text{조각 1의 염기 개수}) - (\text{조각 3의 염기 개수})$

⇒  $62 - 6 - 18(\text{개})$

⇒ 38(개)

∴ 개수가 상대적으로 적으면 “직접” 세는게 유리 개수가 상대적으로 많으면 “전체-나머지”로 판단하는 게 유리

⇒ 전체(S), 개수가 적은 쪽(A)의 2가지 정보는 항상 인지하고 있도록 하자.

수소 결합 총개수 조건을 해석할 때도 유용하게 활용할 수 있다.

다음은 이중 가닥 DNA X와 X 위에 있는 유전자  $x$ 에 대한 자료이다.

○ 가닥 ㉠과 ㉡으로 구성된 X의 염기 서열은 다음과 같다.

5'-CGATCTGACCGATGACCGAACGGTATGGCCAT -3' ...㉠  
3'-GCTAGACTGGCTACTGGCTTGCCATACCGGTA -5' ...㉡

○  $x$ 에 포함된 염기 중 A의 비율은 0.25이고,  $x$ 에서 염기 사이의 수소 결합 총개수는 60개이다.

[구하는 것]  $x$ 에서 ㉠ 기준 3' 말단으로부터 7번째 뉴클레오타이드의 염기는?

위치 추론 - 제한 효소  
Schema 2

염기 수 파악

앞서 풀었던 문제의 논리를 배운 내용을 상기하며 다시 살펴보자.

[해제]

2중 가닥 DNA에서 A의 비율이 0.25이므로  
모든 염기의 비율이 동일하다.

∴ AT 염기쌍 수 = GC 염기쌍 수

유전자  $x$  부분에서 염기 사이의 수소 결합 총개수는 60개이므로  
 $2 \times (\text{AT 염기쌍 수}) + 3 \times (\text{GC 염기쌍 수}) = 60$ 개 이다.

따라서  $x$  부분의 AT 염기쌍 수와 GC 염기쌍 수는 12쌍이다.

∴  $x$ 의 염기쌍 수 = 24쌍

$x$ 의 좌위를 알아내기 위해 AT 염기 또는 GC 염기를 Counting해보자.

```
.....  
5'-CGATCTGACCGATGACCGAACGGTATGGCCAT-3'  
3'-GCTAGACTGGCTACTGGCTTGCCATACCGGTA-5'
```

5쌍씩 끊어세면 DNA X의 총 염기쌍 개수는 32쌍이고  
한 가닥의 G+C 염기 개수를 세면 18개인 것을 알 수 있다.

따라서 DNA X는 AT 염기쌍 14쌍, GC 염기쌍 18쌍으로 구성된다.

AT 염기쌍 12쌍, GC 염기쌍 12쌍인 부분이 등장하려면  
양쪽 말단에서 AT 염기쌍 2쌍과 GC 염기쌍 6쌍이 빠져야 한다.

따라서 유전자  $x$ 의 좌위는 다음과 같다.

```
.....  
5'-CGATCTGACCGATGACCGAACGGTATGGCCAT-3'  
3'-GCTAGACTGGCTACTGGCTTGCCATACCGGTA-5'
```

∴  $x$ 에서 ① 기준 3' 말단으로부터 7번째 뉴클레오타이드의 염기는 아데닌(A)이다.

AT 염기쌍 12쌍, GC 염기쌍 12쌍을 직접 세는 것보다는  
AT 염기쌍 2쌍, GC 염기쌍 6쌍을 파악하여 제외하는 게 더 유리함을 한 눈에 알 수 있다.

[Schema 2 요약]

제한 효소의 성질을 이용하여 염기 개수를 파악할 수 있고  
5개씩 카운팅. 직접, 여사건을 활용하면 좀 더 염기 개수를 잘 파악할 수 있다.



위치 추론 - 제한 효소

Schema 4

DNA 모양

한 종류의 제한 효소가 첨가되었을 때  
인식 서열 개수와 생성되는 각 DNA 조각의 수는 다음 관계를 갖는다.

[선형 DNA]

생성되는 각 DNA 조각의 수 = 인식 서열 개수 + 1

[원형 DNA]

생성되는 각 DNA 조각의 수 = 인식 서열 개수

다음을 판단해보자.

시험관	I	II	III	IV	V	VI	VII
첨가한 제한 효소	ⓐ	ⓑ	ⓒ	ⓐ, ⓑ	ⓐ, ⓒ	ⓑ, ⓒ	ⓐ, ⓑ, ⓒ
생성된 DNA 조각 수	1	?	?	3	2	?	4
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	300	?	?	40, 90, 170	140, 160	?	40, 50, 90, 120

22학년도 EBS 변형

시험관 VI에서 생성되는 DNA 조각 수는?  
(단, 절단되는 DNA X에 있는 ⓐ의 염기 서열 인식 부위는 1개이다.)

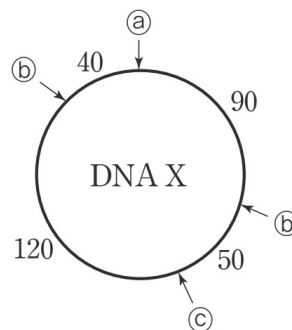
## 염기 위치 추론

위치 추론 - 제한 효소  
Schema 4

DNA 모양

선형 DNA는 제한 효소로 절단되는 부위의 수보다 한 개 더 많은 DNA 조각이 형성되고, 원형 DNA는 제한 효소로 절단되는 부위의 수만큼 DNA 조각이 형성된다.

따라서 시험관 I 을 통해 DNA X는 원형 DNA임을 알 수 있고 절단 부위의 위치와 절단된 DNA 조각의 길이는 다음과 같다.



따라서 VI에서 생성되는 DNA 조각 수는 3개이다.



위치 추론 - 제한 효소

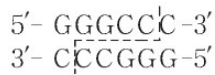
Schema 5

포함 관계

두 종류 이상의 제한 효소가 첨가되었을 때, 한 종류의 제한 효소가 첨가된 시험관 내 DNA 조각을 활용하여 인식 서열 간 상대적 위치를 역추적할 수 있다.



㉠



㉡



㉢

⋮ : 절단 위치

- 생성된 DNA 조각이 염기쌍 수가 같으면 한 번만 나타내었다.

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소의 종류	1	1	2	2	2	3
첨가한 제한 효소	㉠	㉡	㉠, ㉡	㉠, ㉢	㉡, ㉢	㉠, ㉡, ㉢
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	600	1200	130, 470, 600	280, 320, 600	410, 790	?

22학년도 킬포 8회

시험관 VI에서 생성되는 DNA 조각 수는?

(단, 절단되는 DNA X에 있는 ㉢의 염기 서열 인식 부위는 2개이다.)

# 염기 위치 추론

위치 추론 - 제한 효소  
Schema 5

포함 관계

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소의 종류	1	1	2	2	2	3
첨가한 제한 효소	㉠	㉡	㉠, ㉡	㉠, ㉢	㉡, ㉢	㉠, ㉡, ㉢
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	600	1200	130, 470, 600	280, 320, 600	410, 790	?

㉡에 의해 절단된 DNA 조각을 ㉠이 절단하는 것을 알 수 있다. 이때 ㉡의 인식 서열 개수는 2개 이므로 DNA X는 2400개의 염기로 구성되며 시험관 내 염기 개수는 다음으로 결정된다.

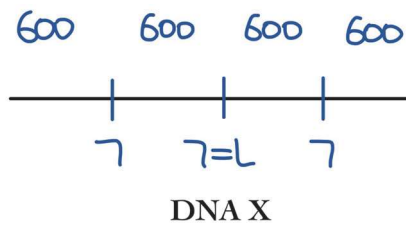
[생성된 DNA 조각 수 결정]

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소의 종류	1	1	2	2	2	3
첨가한 제한 효소	㉠	㉡	㉠, ㉡	㉠, ㉢	㉡, ㉢	㉠, ㉡, ㉢
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	600	1200	130, 470, 600	280, 320, 600	410, 790	?
생성된 DNA 조각 수	4	2	2	2	2	?

[DNA 모양]

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소의 종류	1	1	2	2	2	3
첨가한 제한 효소	㉠	㉡	㉠, ㉡	㉠, ㉢	㉡, ㉢	㉠, ㉡, ㉢
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	600	1200	130, 470, 600	280, 320, 600	410, 790	?
생성된 DNA 조각 수	4	2	2	2	2	?

㉠과 ㉡은 서로 다른 제한 효소 인식 서열을 인식하여 DNA를 절단한다. DNA X가 선형 DNA라면 인식 서열 양상은 다음과 같이 나타나야 한다.



위치 추론 - 제한 효소

Schema 5

포함 관계

이는 시험관 III의 DNA 조각 양상에 모순으로 DNA X는 원형 DNA이다.

원형 DNA에서 생성된 DNA 조각 수 = 제한 효소의 인식 서열 개수 이므로  
 시험관 I, II를 통해 X 내에 있는 제한 효소 인식 서열 개수를 모두 알 수 있다.

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소의 종류	1	1	2	2	2	3
첨가한 제한 효소	㉠	㉡	㉠, ㉡	㉠, ㉢	㉡, ㉢	㉠, ㉡, ㉢
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	600	1200	130, 470, 600	280, 320, 600	410, 790	?
생성된 DNA 조각 수	4	2	2	2	2	?

[인식 서열 개수]

제한 효소	인식 서열 개수
㉠	4
㉡	2
㉢	2

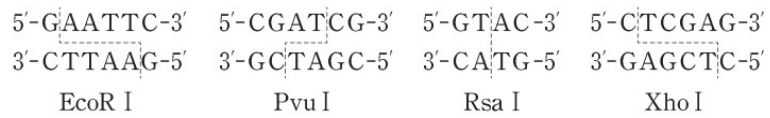
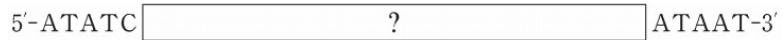
㉠, ㉡, ㉢의 인식 서열은 모두 다르고 생성된 DNA 조각 수 = 제한 효소의 인식 서열 개수이므로  
 ㉠, ㉡, ㉢이 모두 들어있는 VI에서 생성된 DNA 조각 수는 8개이다.

# 염기 위치 추론

위치 추론 - 제한 효소  
Schema 5

포함 관계

$x$ 는 40개의 염기쌍으로 이루어져 있고,  $x$  중 한 가닥  $x_1$ 의 염기 서열은 다음과 같다.



∴ 절단 위치

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소	EcoR I	Pvu I	Rsa I	Xho I	Pvu I, Xho I	EcoR I, Rsa I
생성된 DNA 조각 수	3	3	2	2	4	4
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	16, 26, 38	14, 26, 40	34, 46	36, 44	14, 18, 22, 26	?

$x_1$ 의 서열을 완성해보자.

위치 추론 - 제한 효소  
Schema 5

포함 관계

원형 DNA라면 생성된 DNA 조각 수와 인식 서열 개수가 동일하다.  
그에 따른 인식 서열 수는 다음과 같다.

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소	EcoR I	Pvu I	Rsa I	Xho I	Pvu I , Xho I	EcoR I , Rsa I
생성된 DNA 조각 수	3	3	2	2	4	4
서열 내 제한 효소의 인식 서열 수	3	3	2	2	4	4
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	16, 26, 38	14, 26, 40	34, 46	36, 44	14, 18, 22, 26	?

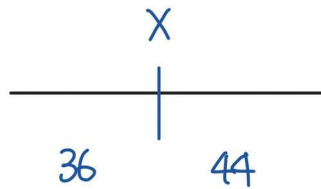
제한 효소 간 인식 서열은 서로 다르므로 시험관 V에서 인식 서열 수는 5개가 되어야 한다.  
따라서 X는 선형 DNA이다.

시험관 I, III은 연결된 정보가 없어 상대적인 제한 효소 인식 서열을 확인하기 다소 어렵지만  
시험관 II, IV, V에 포함 관계가 존재하는 것을 알 수 있다.

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소	EcoR I	Pvu I	Rsa I	Xho I	Pvu I , Xho I	EcoR I , Rsa I
생성된 DNA 조각 수	3	3	2	2	4	4
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	16, 26, 38	14, 26, 40	34, 46	36, 44	14, 18, 22, 26	?

Xho I 은 각각 염기 수가 36, 44인 DNA 조각으로 절단되고 선형 DNA이므로  
다음과 같이 절단하더라도 일반성을 잃지 않는다.

[Xho I 의 인식 서열 위치]



따라서 V에 의해 염기 수가 34인 DNA 조각과 염기 수가 44인 DNA 조각은 각각  
14+22, 18+26의 꼴로 절단되는 것을 알 수 있다.

일반성을 잃지 않는다.

좌우가 바뀐 44+36으로 두  
더라도 위치가 변할 뿐 선대  
칭의 양상으로 풀이 방향은  
변하지 않는다.

# 염기 위치 추론

위치 추론 - 제한 효소  
Schema 5

포함 관계

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소	EcoR I	Pvu I	Rsa I	Xho I	Pvu I, Xho I	EcoR I, Rsa I
생성된 DNA 조각 수	3	3	2	2	4	4
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	16, 26, 38	14, 26, 40	34, 46	36, 44	14, 18, 22, 26	?

시험관 V에서 염기 수가 14인 DNA 조각과 26인 DNA 조각이 공통으로 나타난다. 즉, 염기 수가 14인 DNA 조각과 26인 DNA 조각은 Pvu I 을 제외한 다른 제한 효소에 의해 절단 되지 않는다.

∴ DNA 말단 방향에 존재한다.

14+22, 18+26의 꼴로 절단되므로 절단 양상은 다음과 같다.

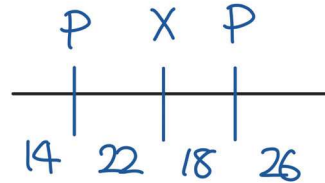
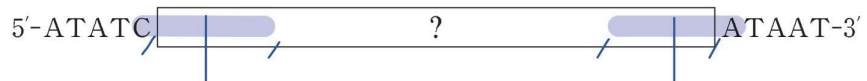


그림 상 왼쪽 말단에 염기 수가 14개인 DNA 조각이 있으므로 다음 서열 중 하나는 반드시 Pvu I 의 인식 서열이어야 한다.

[Pvu I 의 인식 서열 후보]



∴ 인식 서열은 점대칭

[Pvu I 의 인식 서열]



Pvu I 인식 서열의 5' 말단 염기는 C, 3' 말단 염기는 G이므로 Pvu I 의 인식 서열은 왼쪽이 타당하다.

위치 추론 - 제한 효소  
Schema 5

포함 관계

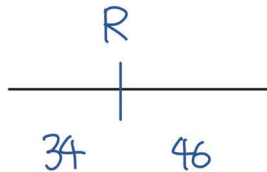
[일부 완성된 염기 서열]



[주어진 자료]

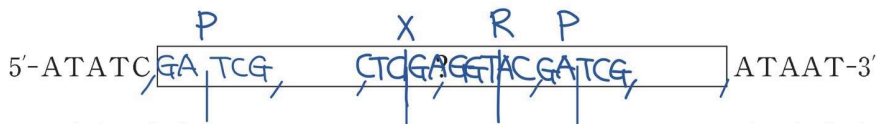
시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소	EcoR I	Pvu I	Rsa I	Xho I	Pvu I, Xho I	EcoR I, Rsa I
생성된 DNA 조각 수	3	3	2	2	4	4
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	16, 26, 38	14, 26, 40	34, 46	36, 44	14, 18, 22, 26	?

Rsa I 은 다음과 같은 양상으로 DNA를 절단한다.



이때 염기 수가 34개인 DNA 조각이 x의 5' 말단 방향이라면 CTCG가 Rsa I 의 인식 서열이 되어 모순이다. 따라서 Rsa I 의 인식 서열은 x의 3' 말단 방향이다.

[일부 완성된 염기 서열]



[주어진 자료]

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소	EcoR I	Pvu I	Rsa I	Xho I	Pvu I, Xho I	EcoR I, Rsa I
생성된 DNA 조각 수	3	3	2	2	4	4
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	16, 26, 38	14, 26, 40	34, 46	36, 44	14, 18, 22, 26	?

Rsa I 과 동일한 방식으로 DNA 조각의 염기 양상을 판단하면 염기 수가 16개인 DNA 조각은 x의 3' 말단 방향에, 염기 수가 26개인 DNA 조각은 x의 5' 말단 방향에 위치하는 것을 알 수 있다.

## 염기 위치 추론

위치 추론 - 제한 효소

Schema 5

포함 관계

[완성된 염기 서열]





위치 추론 - 제한 효소  
Schema 6

세부 조성

생성된 DNA 조각 내 수소 결합 개수 or 특정 염기 개수를 질문할 수 있다.

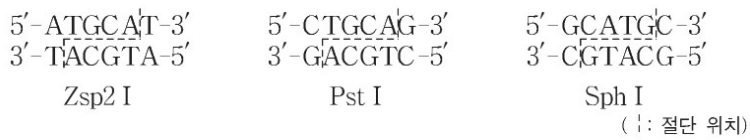
수소 결합 개수를 판단할 때

평활성 말단이라면 GC 염기를 세어 전체 염기 수 + GC 염기 수로 판단할 수 있지만  
점착성 말단이라면 점착성 말단의 모양에 주의해야 하며

수소 결합 개수든 세부 염기 조성이든  
점착성 말단과 이중 가닥 부분을 구분하여 해석하는 게 유리하다

다음을 판단해보자.

x는 36개의 염기쌍으로 이루어져 있고, 염기 서열은 다음과 같다.



x에 Zsp2 I, Pst I, Sph I 중 하나를 처리하여 서로 다른 DNA 조각 ㉠~㉦를 만든다.  
표는 ㉠~㉦를 각각 만들 때 사용한 제한 효소와 ㉠~㉦의 염기 간 수소 결합의 총개수, 퓨린 계열 염기 총개수를 나타낸 것이다.

조각	㉠	㉡	㉢	㉣	㉤	㉥
제한 효소	㉠	Pst I	㉢	㉣	㉤	Sph I
염기 간 수소 결합 총개수	59	㉡	44	24	38	㉦
퓨린 계열 염기 개수	㉧	㉨	㉩	㉪	㉫	㉬

㉠ :

㉡ :

㉢ :

㉣ :

㉤ :

㉥ :

미출제 Point

제한 효소 실험을 통해 생성된 DNA 조각 또는 재조합 DNA에서 수소 결합 총 개수를 질문할 수 있다.

# 염기 위치 추론

위치 추론 - 제한 효소  
Schema 6

세부 조성

염기 개수 틀, GC 판단, 인식 서열 파악을 마치면 다음과 같다.



단일 가닥 내 GC는 20개인 것을 알 수 있다.  
따라서 x의 수소 결합 총개수는 92개이고, 염기 수가 상대적으로 많은 DNA 조각의 수소 결합 총개수를 판단할 때 여사건으로 판단할 수 있다.

[S로 절단한 왼쪽 절편]



이중 가닥 부분의 염기 개수가 18개이고  
이중 가닥 부분의 GC 염기쌍이 6쌍이므로  
S로 절단한 왼쪽 절편의 수소 결합 총개수는 24개이다.

[S로 절단한 오른쪽 절편]



직접 수소 결합 총개수를 세어도 무방하나 (46+12=58)  
다음과 같이 여사건을 활용할 수 있다.

x의 수소 결합 총개수는 92개이고  
S로 절단한 왼쪽 절편의 수소 결합 총개수가 24개이므로

S로 절단한 오른쪽 절편의 수소 결합 총개수는  
92-(점착성 말단 간 이루는 수소 결합 총개수)-(나머지 이중 가닥 간 수소 결합 총개수)=58이다.

조각	㉠	㉡	㉢	㉣	㉤	㉥
제한 효소	㉠	Pst I	㉢	㉣	㉤	Sph I
염기 간 수소 결합 총개수	59	㉡	44	24	38	㉥

㉤ : Sph I

㉥ : 58

위치 추론 - 제한 효소

Schema 6

세부 조성



[Z로 절단한 오른쪽 절편]



이중 가닥 부분의 염기 개수가 30개이고  
 이중 가닥 부분의 GC 염기쌍이 8쌍이므로  
 Z로 절단한 왼쪽 절편의 수소 결합 총개수는 38개이다.

[Z로 절단한 왼쪽 절편]



x의 수소 결합 총개수는 92개이고  
 Z로 절단한 오른쪽 절편의 수소 결합 총개수가 38개이므로  
  
 Z로 절단한 왼쪽 절편의 수소 결합 총개수는  
 92-(점착성 말단 간 이루는 수소 결합 총개수)-(나머지 이중 가닥 간 수소 결합 총개수)=44이다.

조각	㉠	㉡	㉢	㉣	㉤	㉥
제한 효소	㉠	Pst I	㉢	㉣	㉤	Sph I
염기 간 수소 결합 총개수	59	㉡	44	24	38	㉥

- ㉠ :
- ㉡ :
- ㉢ : Zsp2 I
- ㉣ : Sph I
- ㉤ : Zsp2 I
- ㉥ : 58

## 염기 위치 추론

위치 추론 - 제한 효소

Schema 6

세부 조성

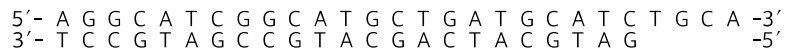


**[P로 절단한 오른쪽 절편]**



이중 가닥 부분의 염기 개수가 18개이고  
 이중 가닥 부분의 GC 염기쌍이 5쌍이므로  
 Z로 절단한 왼쪽 절편의 수소 결합 총개수는 23개이다.

**[P로 절단한 왼쪽 절편]**



x의 수소 결합 총개수는 92개이고  
 P로 절단한 오른쪽 절편의 수소 결합 총개수가 23개이므로  
 P로 절단한 오른쪽 절편의 수소 결합 총개수는  
 92-(점착성 말단 간 이루는 수소 결합 총개수)-(나머지 이중 가닥 간 수소 결합 총개수)=59이다.

조각	㉠	㉡	㉢	㉣	㉤	㉥
제한 효소	㉠	Pst I	㉢	㉣	㉤	Sph I
염기 간 수소 결합 총개수	59	㉡	44	24	38	㉥

㉠ : Pst I

㉡ : 23

㉢ : Zsp2 I

㉣ : Sph I

㉤ : Zsp2 I

㉥ : 58

위치 추론 - 제한 효소  
Schema 6

세부 조성

각 조각을 정리하면 다음과 같다.

[P로 절단한 왼쪽 절편 : ㉔]

5'-AGGCATCGGCATGCTGATGCATCTGCA-3'  
3'-TCCGTAGCCGTACGACTACGTAG-5'

[P로 절단한 오른쪽 절편 : ㉕]

5'-GCATCGATG-3'  
3'-ACGTCGTAGCTAC-5'

[Z로 절단한 왼쪽 절편 : ㉖]

5'-AGGCATCGGCATGCTGATGCA-3'  
3'-TCCGTAGCCGTACGACT-5'

[S로 절단한 왼쪽 절편 : ㉗]

5'-AGGCATCGGCATG-3'  
3'-TCCGTAGCC-5'

[Z로 절단한 오른쪽 절편 : ㉘]

5'-TCTGCAGCATCGATG-3'  
3'-ACGTAGACGTCGTAGCTAC-5'

[S로 절단한 오른쪽 절편 : ㉙]

5'-CTGATGCATCTGCAGCATCGATG-3'  
3'-GTACGACTACGTAGACGTCGTAGCTAC-5'

각각의 퓨린 계열 염기는 다음 염기의 절반이다.

이는 제한 효소 인식 서열 내 대칭성이 존재하고  
이중 가닥 내 퓨린 계열 염기는 항상 50%이기 때문이다.

## 염기 위치 추론

위치 추론 - 제한 효소

Schema 6

세부 조성

[P로 절단한 왼쪽 절편 : ㉔]

$$\begin{array}{l} 5'-\text{AGGCATCGGCATGCTGATGCATCTGCA}-3' \\ 3'-\text{TCCGTAGCCGTACGACTACGTAG}-5' \end{array}$$

[P로 절단한 오른쪽 절편 : ㉕]

$$\begin{array}{l} 5'-\text{GCATCGATG}-3' \\ 3'-\text{ACGTCGTAGCTAC}-5' \end{array}$$

[Z로 절단한 왼쪽 절편 : ㉖]

$$\begin{array}{l} 5'-\text{AGGCATCGGCATGCTGATGCA}-3' \\ 3'-\text{TCCGTAGCCGTACGACT}-5' \end{array}$$

[S로 절단한 왼쪽 절편 : ㉗]

$$\begin{array}{l} 5'-\text{AGGCATCGGCATG}-3' \\ 3'-\text{TCCGTAGCC}-5' \end{array}$$

[Z로 절단한 오른쪽 절편 : ㉘]

$$\begin{array}{l} 5'-\text{TCTGCAGCATCGATG}-3' \\ 3'-\text{ACGTAGACGTCGTAGCTAC}-5' \end{array}$$

[S로 절단한 오른쪽 절편 : ㉙]

$$\begin{array}{l} 5'-\text{CTGATGCATCTGCAGCATCGATG}-3' \\ 3'-\text{GTACGACTACGTAGACGTCGTAGCTAC}-5' \end{array}$$

즉, 절단 구간 내 단일 가닥 염기 개수를 세면, 퓨린 계열 염기 개수와 동일하다.

#### Schema 1 제한 효소의 특징

제한 효소 인식 서열을 생각할 때 대칭성과 상보성을 고려하여 해제할 수 있다.

#### Schema 2 관계성

제한 효소의 성질을 이용하여 염기 개수를 파악할 수 있고  
5개씩 카운팅, 직접, 여사건을 활용하면 좀 더 염기 개수를 잘 파악할 수 있다.

#### Schema 3 특수한 정보

자료 해석의 난이도가 높다라는 것은 숨겨진 정보가 많고 동일한 양상일 가능성이 높다. 또한  
자료 해석의 첫 시작점이 될 곳은 결정된 행 또는 결정된 열이 많은 곳일 가능성이 매우매우 높으  
므로 어디서부터 볼지 막연하다면 결정된 정보를 우선으로 파악하도록 하자.

#### Schema 4 DNA 모양

한 종류의 제한 효소가 첨가되었을 때  
인식 서열 개수와 생성되는 각 DNA 조각의 수는 다음 관계를 갖는다.

##### [선형 DNA]

생성되는 각 DNA 조각의 수 = 인식 서열 개수 + 1

##### [원형 DNA]

생성되는 각 DNA 조각의 수 = 인식 서열 개수

유사한 가닥에서는 프라이머 내 유라실(U)의 조성에 유의하여  
상보적인 가닥에서는 퓨린과 피리미딘이 정확히 반대라는 점에 유의하여 해석하자.

#### Schema 5 포함 관계

여러 종류의 제한 효소에 의해 여러 DNA 조각이 생성될 때  
36=14+22, 44=18+26와 같은 조각 내 인식 서열이 있다는 포함 관계가 주어진다.

이때 분할된 자연수 중 시험관에 공통으로 있는 조각은 말단의 조각이다.

#### Schema 6 세부 조성

수소 결합 조건은 점착성 말단 부분을 배제하고, 전체, 직접, 나머지의 관점 중 유리한 관점을 선택하자.

고리의 개수 조건은 절단 구간 내 단일 가닥 염기 개수 조건과 동일하다.

## 염기 위치 추론

[위치 추론형 - 제한 효소 단편화]



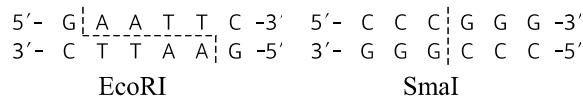
[문제 74]

다음은 이중 가닥 DNA  $x$ 에 대한 자료이다.

- $x$ 는 46개의 염기쌍으로 이루어져 있고,  $x$  중 한 가닥의 염기 서열은 다음과 같다.  
 ㉠과 ㉡는 각각 5' 말단과 3' 말단 중 하나이다.

㉠-ACTAATCCCGGGTTCAACTTAAGATGGATTAGAAAGAATTCAGCG-㉡

- 그림은 제한 효소 EcoRI과 SmaI이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.



⋮ : 절단 위치

[실험 과정 및 결과]

- (가) 제한 효소 반응에 필요한 물질과  $x$ 가 들어 있는 시험관 I~III을 준비한다.
- (나) (가)의 I~III에 표와 같이 제한 효소를 첨가하여 반응시킨다. ㉠과 ㉡는 EcoRI, SmaI을 순서 없이 나타낸 것이다.
- (다) (나)의 결과 생성된 각 DNA 조각의 염기 수를 확인한 결과는 표와 같다.

시험관	I	II	III
첨가한 제한효소	㉠	㉡	㉠, ㉡
생성된 DNA 조각의 수	2	2	3
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	18, 74	?	?

이에 대한 설명으로 <보기>에서 옳은 것을 모두 고르시오.

(단, 돌연변이는 고려하지 않는다.)

< 보 기 >

- ㄱ. ㉠은 3' 말단이다.
- ㄴ. ㉡는 EcoRI이다.
- ㄷ. 시험관 III에서 염기 수가 60개인 DNA 조각이 생성된다.

[Comment 1] 19학년도 수능 PCR 변형

제한 효소 or 프라이머 추론으로 바뀌었을 뿐 위치 추론 논리는 변하지 않고 출제되고 있다.

## 염기 위치 추론

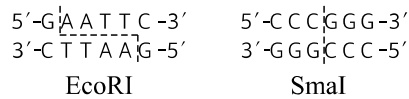
[문제 75]

다음은 어떤 세포에서 복제 중인 이중 가닥 DNA의 일부에 대한 자료이다.

○  $x$ 는 31개의 염기쌍으로 구성되고,  $x$ 의 염기 서열은 다음과 같다.



○ 그림은 제한 효소 EcoRI과 SmaI이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.



∴ 절단 위치

[실험 과정 및 결과]

- (가) 제한 효소 반응에 필요한 물질과  $x$ 가 들어 있는 시험관 I~III을 준비한다.
- (나) (가)의 I~III에 표와 같이 제한 효소를 첨가하여 반응시킨다. ㉠, ㉡는 EcoRI, SmaI을 순서 없이 나타낸 것이다.
- (다) (나)의 결과 생성된 각 DNA 조각의 염기 수를 확인한 결과는 표와 같다.

시험관	I	II	III
첨가한 제한효소	㉠	㉡	㉠, ㉡
생성된 DNA 조각의 수	2	2	3
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	?	18, 38	?

이에 대한 설명으로 <보기>에서 옳은 것을 모두 고르시오.

(단, 돌연변이는 고려하지 않는다.)

< 보 기 >

- ㄱ. ㉡는 SmaI이다.
- ㄴ. 시험관 I에서 염기 수가 28개인 DNA 조각이 생성된다.
- ㄷ. 시험관 III에서 염기 수가 12개인 DNA 조각이 생성된다.

[Comment 1] 19 수능 기반 문항

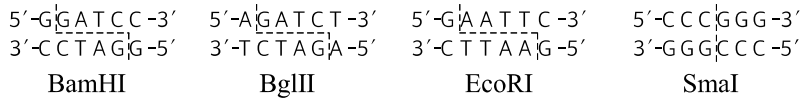
[문제 76]

다음은 이중 가닥 DNA x를 이용한 실험이다.

- x는 31개의 염기쌍으로 구성되고, x의 염기 서열은 다음과 같다.



- 그림은 제한 효소 BamHI, BglIII, EcoRI, SmaI이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.



⋮ : 절단 위치

[실험 과정 및 결과]

- (가) 제한 효소 반응에 필요한 물질과 x가 들어 있는 시험관 I~IV를 준비한다.
- (나) (가)의 I~IV에 표와 같이 제한 효소를 첨가하여 반응시킨다. ㉠~㉢는 BamHI, EcoRI, SmaI을 순서 없이 나타낸 것이다.
- (다) (나)의 결과 생성된 각 DNA 조각 중 2가지 조각의 염기 수를 확인한 결과는 표와 같다.

시험관	I	II	III	IV
첨가한 제한효소	㉠	㉡	BglIII	㉢
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	?	16, 28	?	18, 38

이에 대한 설명으로 <보기>에서 옳은 것을 모두 고르시오.

< 보 기 >

- ㄱ. ㉡는 SmaI이다.
- ㄴ. 시험관 I에서 염기 수가 26개인 DNA 조각이 생성된다.
- ㄷ. x에 ㉠와 ㉢를 함께 처리하면 염기 수가 18개인 DNA 조각이 생성된다.
- ㄹ. x에 ㉡와 BglIII를 함께 처리하면 염기 수가 22개인 DNA 조각이 생성된다.
- ㅁ. ㉠에 의해 만들어지는 DNA 조각과 BglIII에 의해 만들어지는 DNA 조각은 DNA 연결 효소에 의해 서로 연결될 수 있다.

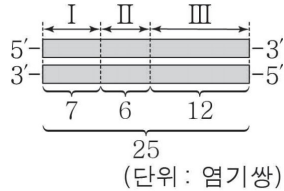
[Comment 1] 21 수능 기반 문항



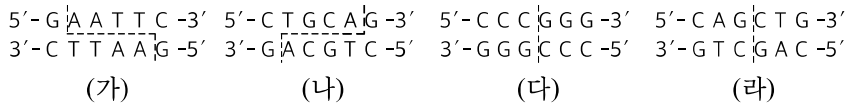
[문제 78] [22학년도 수능 대비 10월 교육청]

다음은 이중 가닥 DNA X와 제한 효소 (가)~(라)에 대한 자료이다.

- 그림은 25개의 염기쌍으로 이루어진 X를 구간 I~III으로 나누어 각 구간의 염기쌍 수를 나타낸 것이다.



- X에는 (가)~(라)가 인식하는 염기 서열이 각각 1개씩 있으며, I에는 (가)가 인식하는 염기 서열이 있다.
- (가)~(라)가 인식하는 염기 서열과 절단 위치는 그림과 같다.



∴ 절단 위치

- 표는 X에 (가)~(라) 중 하나를 처리하여 생성된 DNA 두 조각 중 ㉠ 한 조각의 염기 수와 ㉡의 아데닌(A) 수를 나타낸 것이다

제한 효소	(가)	(나)	(다)	(라)
염기 수	8	20	6	24
아데닌(A) 수	3	㉠	?	4

이에 대한 설명으로 <보기>에서 옳은 것을 모두 고르시오.

(단, 돌연변이는 고려하지 않는다.)

< 보 기 >

- ㄱ. ㉠은 6이다.
- ㄴ. II에는 (나)가 인식하는 염기 서열이 있다.
- ㄷ. III에서 염기 간 수소 결합의 총개수는 32개이다.

[Comment 1] 22학년도 10월 교육청 문항

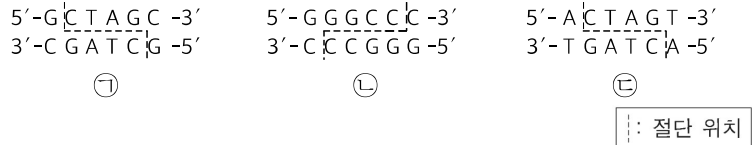
역사적으로 직전 수능, 당해 6평, 당해 9평, 당해 10월 교육청은 당해 수능에 연계되는 경우가 많다..

# 염기 위치 추론

[문제 79] [22학년도 킬포 모의고사 8회 11번]

다음은 이중 가닥 DNA x를 이용한 실험이다.

○ x는 ⑦ 개의 염기쌍으로 이루어져 있고, 그림은 제한 효소 ㉠~㉢이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.



○ x에 있는 제한 효소 ㉠~㉢이 인식하는 염기 서열 개수는 표와 같다.

제한 효소	인식 서열 개수
㉠	?
㉡	?
㉢	2

**[실험 과정 및 결과]**

- (가) 제한 효소 반응에 필요한 물질과 x가 들어 있는 시험관 I~VI를 준비한다.
- (나) (가)의 I~VI에 표와 같이 제한 효소를 첨가하여 반응시킨다.
- (다) (나)의 결과 생성된 DNA 조각의 염기쌍 수를 확인한 결과는 표와 같다. 생성된 DNA 조각의 염기쌍 수가 같은 경우 한 번만 나타내었다.

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소의 종류	1	1	2	2	2	3
첨가한 제한 효소	㉠	㉡	㉠, ㉡	㉠, ㉢	㉡, ㉢	㉠, ㉡, ㉢
생성된 DNA 조각의 염기쌍 수	600	1200	130, 470, 600	280, 320, 600	410, 790	?

이에 대한 설명으로 <보기>에서 옳은 것을 모두 고르시오.

< 보 기 >

- ㄱ. ⑦는 2400이다.
- ㄴ. X는 선형 DNA이다.
- ㄷ. VI에서 생성된 DNA 조각 수는 7개이다.

**[Comment 1]** 킬포 9회와 더불어 21년 11월에 시행된 모의고사로 10월 교육청 (78번) 문항의 염기 서열이 주어지지 않는 IDEA와

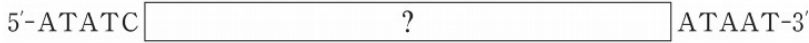
22학년도 수능완성 문항 중  
21학년도 수능이 연계된 위치의 문항을 연계하여 출제된 문항

**방향성 설정**  
기출과 EBS의 충분한 반복 유사한 문항을 통한 훈련

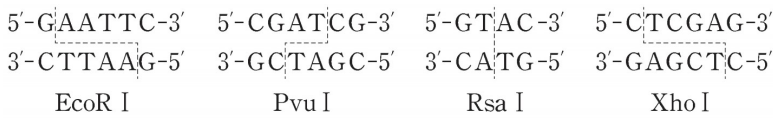
[문제 80] [22학년도 수능 15번]

다음은 이중 가닥 DNA x를 이용한 실험이다.

- x는 40개의 염기쌍으로 이루어져 있고, x중 한 가닥 x1의 염기 서열은 다음과 같다.



- 그림은 제한 효소 EcoRI, PvuI, RsaI, XhoI이 인식하는 염기 서열과 절단 위치를 나타낸 것이다.



∴ 절단 위치

- x를 시험관 I~VI에 넣고 제한 효소를 첨가하여 완전히 자른 결과 생성된 DNA 조각 수와 각 DNA 조각의 염기 수는 표와 같다.

시험관	I	II	III	IV	V	VI
첨가한 제한 효소	EcoR I	Pvu I	Rsa I	Xho I	Pvu I, Xho I	EcoR I, Rsa I
생성된 DNA 조각 수	3	3	2	2	4	4
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	16, 26, 38	14, 26, 40	34, 46	36, 44	14, 18, 22, 26	?

이에 대한 설명으로 <보기>에서 옳은 것을 모두 고르시오.

< 보 기 >

- ㄱ. x1에는 염기 서열이 5'-GTACG-3'인 부위가 있다.
- ㄴ. II에서 생성된 DNA 조각 중 염기 개수가 26개인 조각에서 아데닌(A)의 개수는 10개이다.
- ㄷ. VI에서 염기 개수가 20개인 DNA 조각이 생성된다.

[Comment 1] 78, 79번과 유사한 형식의 문항이 출제되었다.

79번은 거시적으로 제한 효소의 상대적인 위치를 질문하는 대신 전체 염기쌍 수를 가닥 양상을 통해 추론해야하는 문항인 반면 80번은 제한 효소의 상대적인 위치를 통해 미시적으로 염기 서열을 추론해야한다는 점에서 킬포가 다소 다르다.

[Comment 2] 22학년도 킬포 모의고사 8회 위치 추론형 문항에서는 거시적으로 제한 효소 간 상대적 위치 추론을 요구하였고 9회 위치 추론형 문항에서는 미시적으로 제한 효소 간 상대적 위치 추론을 요구하였다.

두 방향 모두 꼼꼼히 연습해두자.

염기 서열 미시 추론

18. 다음은 이중 가닥 DNA x를 이용한 실험이다.

○ 그림은 각각 25개의 염기쌍으로 이루어진, x와 y를 구한 A~E로 나눈 5개 구간 y를 구한 염기쌍 수를 나타낸 것이다.

○ 표는 구간 A~E에서 제한 효소 (가~나)가 인식하는 염기 서열의 유무를 그림은 (가~나)의 인식 위치와 절단 위치를 나타내 준다.

구간	가	나	다	라	마
A	○	○	○	○	○
B	○	○	○	○	○
C	○	○	○	○	○
D	○	○	○	○	○
E	○	○	○	○	○

㉠ 5'-GAATTC-3'    ㉡ 5'-CTTAAG-3'  
 ㉢ 5'-CGATCG-3'    ㉣ 5'-GCTAGC-3'  
 ㉤ 5'-GTAC-3'    ㉥ 5'-CATG-3'  
 ㉦ 5'-CTCGAG-3'    ㉧ 5'-GAGCTC-3'

[실험 과정 및 결과]

(가) 제한 효소 반응에 필요한 물질과 x 또는 y가 들어 있는 시험관 I~IV를 준비한다.

(나) (가)의 I~IV에 표와 같이 제한 효소를 첨가하여 반응시킨 후 생성된 DNA 조각 중 ㉠~㉥의 염기 쌍의 염기 수와 ㉦의 아데닌(A)의 개수를 확인한 결과는 표와 같다.

시험관	I	II	III	IV
첨가한 제한 효소	㉠	㉡	㉢	㉣
생성된 DNA 조각 수	3	3	2	2
생성된 각 DNA 조각의 염기 수	16, 26, 38	14, 26, 40	34, 46	36, 44

(다) x에 (가)를 첨가하여 반응시킨 후 생성된 DNA 조각 중 한 조각과 y에 (나)를 첨가하여 반응시킨 후 생성된 DNA 조각 중 한 조각을 DNA 연결 효소로 연결하여 이중 가닥 DNA를 만든다. 이때 염기 쌍의 개수를 측정하는 결과 (가~나)의 결과와 같다.

이제 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은 (단, 제한 효소에 의해 형성된 DNA 조각 발달의 단원 개수가 서로 상보적이면 DNA 조각은 연결 효소에 의해 연결된다.) (3 점)

< 보 기 >

ㄱ. 시험관 III에서 염기 수가 40개인 DNA 조각이 생성된다.  
 ㄴ. x에는 염기 서열이 5'-GTACG-3'인 부위가 있다.  
 ㄷ. y의 염기쌍의 개수는 10개이다.

다소 과한 킬포 9회 18번

x와 y를 모두 주어진 염기 수를 통해 자맞춰야하는 문항