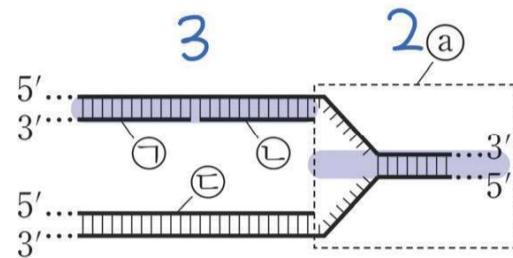


염기 조성 추론 - 개수
Schema 2

절반

(나)에서 복제되지 않은 부분의 염기 개수는 X의 염기 개수의 40%이므로
(가)의 X 중 복제된 부분의 염기 개수는 X의 염기 개수의 60%이다.



또한 (나)에서 복제되지 않은 부분의 GC 함량은 60%이고
(가)의 X 중 복제된 부분의 GC 함량은 40%이므로

X의 GC 함량은 40%와 60%를 2:3으로 내분하는 48%이다.

$$\therefore \frac{A+T}{G+C} = \frac{52}{48} = \frac{13}{12} \text{이다.}$$

(나)에서 ①의 염기 개수는 400개이므로 AT 개수는 160개, T 개수는 80개이다.
(나)에서 ②를 제외한 부분의 염기 개수는 1200개이므로 ATU 개수는 720개
A 개수는 360개이다. (나)에서 ②를 제외한 부분에 있는 유라실(U)의 개수는 5개이므로
(나)에서 ②를 제외한 부분의 타이민(T) 개수는 355개이다.

\therefore (나)에서 타이민(T) 개수는 435개이다,

[Bridge - 내분]

위 상황을 수식으로 전개하면 다음과 같다.

[수식 관점]

$$m\% \times \frac{a}{a+b} + n\% \times \frac{b}{a+b} = \frac{am+bn}{a+b}\%$$

위 수식을 수평선 상(기하 관점)에서 관찰하면 다음과 같다.

[기하 관점]

$\Rightarrow n\%$ 와 $m\%$ 를 $a : b$ 로 내분하는 지점

내분의 관점은 3 중 2 가 비율 관계로 엮여있을 때 활용할 수 있다.

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.