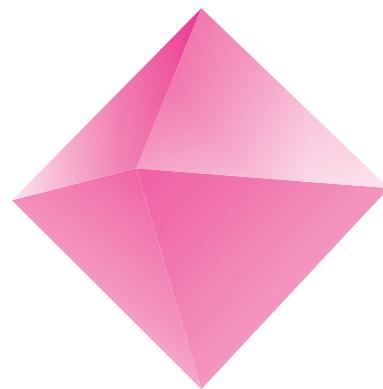


# 기술의 파급효과



과탐 영역  
생명과학 I (상)

# I METHOD. 【흥분의 전도 Classic】

## 전도 문제의 구성

전도 문제에서 제시되는 정보들에는 무엇이 있으며 이를 통해 구해야 하는 것이 무엇이고 생명과학적 사고를 통해 얻어낼 수 있는 New 정보에는 어떤 것이 있는지 확인해보자.

### (1) 자극 지점

자극지점 정보는 문제에서의 제시 여부와 구성에 따라서 문제풀이를 통해 찾아야 할 대상 정보가 달라진다.

#### ① 자극지점의 위치를 제시하는 경우

- 1) 단일 뉴런
- 2) 여러 뉴런의 자극지점이 동일한 경우
- 3) 여러 뉴런의 자극지점이 동일하지 않은 경우

#### ② 제시하지 않는 경우

자극 지점을 찾는 문제가 된다.

### (2) 특정지점에 자극을 1회 주고 경과된 시간

제시하는 경우도 있고 그렇지 않은 경우도 있다. 제시하지 않으면 직접 찾아야 한다.

막전위를 측정한 지점에 대해 자극을 1회주고 경과된 시간, 즉 전체 시간은 다음과 같이 구성된다.

$$[\text{자극을 1회 주고 경과된 시간}] = [\text{흥분이 전도 및 전달되어 도달하기까지의 시간}] + [\text{막전위가 변화한 시간}]$$

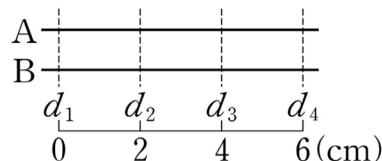
표현이 너무 길기 때문에 앞으로 관련 정보를 서술할 때는 아래의 요약된 표현을 활용할 것이다.

$$[\text{전체시간}] = [\text{앞시간}] + [\text{뒷시간}]$$

### (3) 뉴런 그림

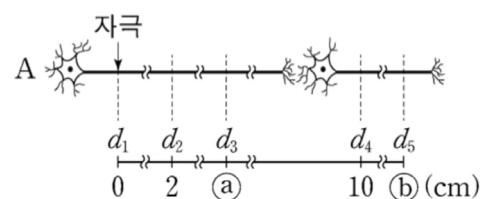
뉴런 그림은 측정지점 간의 거리간격을 제시하고 있다. 즉 뉴런 그림을 통해 거리 정보를 확보할 수 있다.

#### ① 시냅스가 없는 경우



#### ② 시냅스가 있는 경우

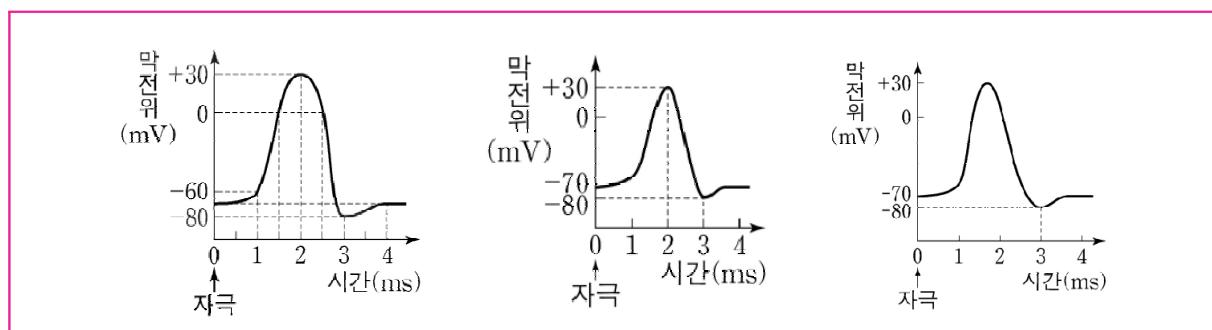
시냅스로 인해 생기는 정보의 왜곡을 고려하면서 풀어야 한다.



METHOD #0~3에서는 시냅스가 없는 상황에 대해서만 다룰 것이다. 시냅스가 있는 상황에서의 대처법은 METHOD #4에서 다루겠다.

### (4) 막전위 그래프

다양한 형태로 출제되었다. 항상 막전위 그래프의 개형과 정량적 판단을 위해 제시된 정보가 있는지 확인하고 문제풀이에 돌입하자. 그래프는 필요 없는 정보를 제공하지 않기에, 그래프에 나온 정보는 문제 풀이에 활용해야하는 정보임을 잊지 말자.



## (5) 막전위 표

일반적으로 문제풀이를 통해 표에서 숨겨진 정보들을 풀어내야 한다.

이때 숨겨진 정보들의 특징에 따라 변수로 하고 있는 것이 다르다.

### ① 지점이 변수인 경우

측정지점의 위치를 매칭 해야 하는 경우 거리가 변수인 상황이다.

자극지점으로 부터 떨어진 거리에 따라 정렬하여 측정지점의 위치를 매칭 할 수 있다.

- 그림은 민말이집 신경 A와 B의 지점  $d_1 \sim d_5$ 의 위치를, 표는 A와 B의 동일한 지점에 역치 이상의 자극을 동시에 1회 주고 경과된 시간이 3ms일 때 각 지점에서 측정한 막전위를 나타낸 것이다. I ~ V는  $d_1 \sim d_5$ 를 순서 없이 나타낸 것이다.

### ② 시간이 변수인 경우

자극을 1회 주고 경과된 시간, 즉 전체시간이 서로 다른 경우를 의미한다.

- 그림은 A와 B의 일부를, 표는 A와 B의 지점  $d_1$ 에 역치 이상의 자극을 동시에 1회 주고 경과된 시간이  $t_1, t_2, t_3, t_4$  일 때 지점  $d_2$ 에서 측정한 막전위를 나타낸 것이다. I ~ IV는  $t_1 \sim t_4$ 를 순서 없이 나타낸 것이다.

## (6) 흥분의 전도 속도

발문에서 뉴런의 흥분 전도 속도를 제시하거나, 가능한 흥분 전도 속도 후보를 제시하기도 한다.

특정 뉴런의 흥분 전도 속도를 구할 필요가 있는 문항이라면 속도 또한 변수가 된다.

즉 흥분의 전도 문제에서 변수가 되는 정보는 거리, 속도, 시간이 있다.

## (7) 막전위 값

막전위 값은 막전위 그래프에 시간정보를 대입하여 나온 결과값이다. 즉 막전위 값은 시간에 대한 정보를 간접적으로 담고 있다.

이때 막전위 값을 구하기 위해 그래프에 대입하는 시간은 **뒷시간**이다. 결국 문제에서는 앞시간 정보를 대놓고 제시하는 것이 아니라 막전위값을 통해 뒷시간 정보를 간접제시하고 있음을 알 수 있다.

자극 지점으로부터의 거리와 흥분의 전도 속도 정보를 활용하거나 구하기 위해  $[거리 = 속력 \times 시간]$  공식에서 활용하는 시간 정보는 **앞시간**이다.

이를 잘 구분하여 문제풀이에 활용할 필요가 있다. 앞으로는  $[거리 = 속력 \times 앞시간]$  이라고 표현하겠다.

공식을 활용하기 위해서는 전체시간 정보와 막전위 값 & 그래프를 통해 추론한 뒷시간 정보를 활용하여 앞시간을 구해야 한다.

위와 같이 서술한 정보들 중 무엇을 제시하고, 무엇을 감추느냐에 따라 문제의 형태가 달라진다.

특히 거리, 속도, 시간과 관련된 정보는  $[거리 = 속도 \times 앞시간]$ 이라는 공식을 활용하여 구하도록 하자.

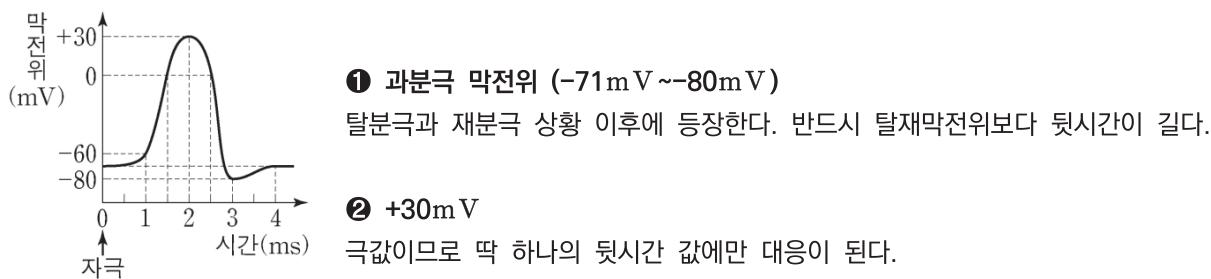
## 풀이의 시작 & 특징

앞서 문제에서 주어진 정보들을 고려했을 때, 문제풀이의 시작점이 될만한 정보에는 무엇이 있는지 알아보자.

[거리=속력×앞시간] 공식을 써먹으려면 앞시간에 대한 정보를 도출하는 것이 중요하다고 얘기했었다. 대부분의 경우 앞시간 정보를 직접 제시하는 것이 아니라 막전위 값에 뒷시간 정보를 담아 간접적으로 제시한다.

즉 뒷시간 정보를 얻어내기 위해서는 막전위 그래프의 y축 요소에 해당하는 막전위 값을 역으로 대입하여 x축 요소에 해당하는 뒷시간 정보를 파악하는 작업이 필요하다.

대표적인 평가원 막전위 그래프를 보면서 특수한 정보가 있는지 확인해보자. 중요도가 높은 순서대로 제시하였다.



### ❸ 계산이 되는 값

위 문제에서 0mV의 경우 탈분극/재분극 두 가지 상황이 가능하지만 대응되는 뒷시간 값을 명확히 제시해주었으므로 정량적 판단을 요구하는 문제에서 사용 가능하다.

### ❹ 탈재 막전위 (-69mV ~ +29mV)

탈분극 혹은 재분극 상태에 놓여있을 수 있는 막전위를 탈재 막전위라고 표현하겠다.

탈분극, 재분극 두 가지 상황이 가능하다.

### ❺ -70mV

자극이 도달하기 전의 분극 상태, 재분극 상태, 흥분이 종료된 이후의 분극 상태가 측정될 수 있다.

문제 풀이에 활용하기 좋은 정보일수록 중요도가 높다.

과분극 막전위는 2개의 뒷시간과 대응될 수 있음에도 불구하고 중요도를 높게 설정하였다.

뒤에서 자세하게 설명하겠지만, 거리/속도/앞시간 정보는 모두 뒷시간 정보와 연관이 되어있다.

그렇기 때문에 판단의 대상이 되는 정보들의 뒷시간 정보를 파악하는 게 중요하며,  
특히 뒷시간의 상대적인 대소관계를 파악하는 것이 정말 중요하다.

이때 과분극 막전위는 탈재막전위에 비해 뒷시간이 무조건 길기 때문에 뒷시간의 대소관계 파악에 중요한 역할을 한다. 과분극 막전위가 문제 풀이의 시작점이 되는 경우가 많다.

## METHOD #0. 기본 정보 확보

METHOD #0에서는 전도 문제에서 일반적으로 주어지는 조건/정보들 중 일차원적으로 해석 가능하거나 변수 분리 가능한 정보들을 어떻게 처리할지에 대해 다루고 있다. 실제로 METHOD #0에서 처리한 정보들은 풀이를 전개하는 데 주요한 역할을 하기 때문에 꼭 제대로 숙지하고 넘어갈 필요가 있다.

### (1) 자극지점

자극지점 정보를 측정지점 정보와 섞어서 제시하는 경우 자극 지점을 추출할 수 있어야 한다. 측정지점을 변수로 두고 있는 문제의 경우 자극지점의 위치를 직접 찾도록 요구하기도 한다. 보통은 서로 다른 뉴런들의 자극지점 정보를 파악할 필요가 있다. 문제에서의 자극 지점 제시 여부와 형태에 따른 고려 사항은 아래와 같이 정리할 수 있다.

#### 〈고려사항〉

##### ① 자극지점의 위치가 제시되어 있는가?

→ 제시되어 있지 않다면 주어진 측정 지점들 간의 거리 간격과 속도 조건 등을 고려하여 직접 찾아내야 한다.

##### ② (거리가 변수인 경우) 자극지점 정보가 측정지점 정보들과 섞여 있는가?

→ 섞여있다면 자극지점 정보의 특수성을 활용하여 이 둘을 구분해야 한다.

##### ③ 서로 다른 여러 뉴런들의 자극지점이 동일한가?

→ 동일하다면 그 특수성을 문제 풀이에 활용할 수 있다.

그렇다면 위의 고려사항에서 자극 지점의 특수성이라는 것이 무엇인지를 알아야 하겠다.

자극지점은 다른 측정지점들과 구분되는 두드러진 특징이 있다. 이를 활용하여 자극지점 정보를 따로 분리할 필요가 있다.

#### 〈자극지점의 특징〉

##### ① 자극지점에서의 뒷시간이 전체시간과 동일하다.

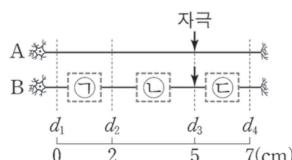
→ 앞시간이 0이기에 뒷시간이 곧 전체시간과 동일하기 때문이다.

##### ② 서로 다른 여러 뉴런의 자극지점이 동일하다면, 자극 지점들에서의 막전위 값은 같아야 하며 다른 어떤 지점들보다 뒷시간이 가장 길어야 한다.

이를 활용하여 자극지점의 위치를 찾을 수 있다. 다음 페이지의 질문들을 해결해보자.

16. 다음은 민말이집 신경 A와 B의 홍분 전도와 전달에 대한 자료이다.

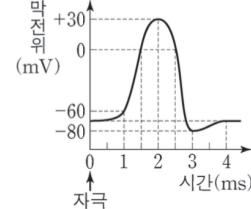
- 그림은 A와 B의 지점  $d_1 \sim d_4$ 의 위치를 나타낸 것이다. B는 2개의 뉴런으로 구성되어 있고, ①~④ 중 한 곳에만 시냅스가 있다.
- 표는 A와 B의  $d_3$ 에 역치 이상의 자극을 동시에 1회 주고 경과된 시간이  $t_1$ 일 때  $d_1 \sim d_4$ 에서의 막전위를 나타낸 것이다. I~IV는  $d_1 \sim d_4$ 를 순서 없이 나타낸 것이다.



신경	$t_1$ 일 때 막전위(mV)			
	I	II	III	IV
A	-80	0	?	0
B	0	-60	?	?

B를 구성하는 두 뉴런의 홍분 전도 속도는 1cm/ms로 같다.

A와 B 각각에서 활동 전위가 발생 하였을 때, 각 지점에서의 막전위 변화는 그림과 같다.



이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는대로 고른 것은? (단, A와 B에서 홍분의 전도는 각각 1회 일어났고, 휴지 전위는  $-70\text{mV}$ 이다.) [3점]

<보기>

- ㄱ.  $t_1$ 은 5ms이다.
- ㄴ. 시냅스는 ④에 있다.
- ㄷ.  $t_1$ 일 때, A의 II에서 탈분극이 일어나고 있다.

- ① ㄱ      ② ㄴ      ③ ㄱ, ㄷ      ④ ㄴ, ㄷ      ⑤ ㄱ, ㄴ, ㄷ

2022학년도 9월 평가원 16번

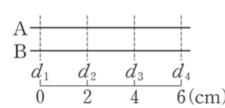
comment

Q. I~IV 중 자극지점은 어디인가?

- A. 두 뉴런의 자극지점이 동일하므로 뒷시간이 가장 길고 두 뉴런에서 막전위 값이 같게 나오는 지점을 찾으면 된다. I, II는 A,B에서 막전위 값이 다르니 불가능. IV의 막전위 값이 0임을 고려했을 때 I의  $-80\text{mV}$ 보다 뒷시간이 짧기 때문에 불가능. 결국 III이 자극지점이 되어야 한다.

15. 다음은 민밀이집 신경 A와 B의 흥분 전도에 대한 자료이다.

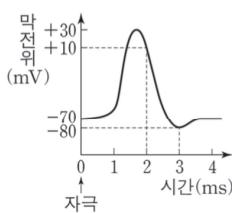
- 그림은 A와 B의 지점  $d_1 \sim d_4$ 의 위치를, 표는 A의 ㉠과 B의 ㉡에 역치 이상의 자극을 동시에 1회 주고 경과된 시간이 3ms일 때  $d_1 \sim d_4$ 에서의 막전위를 나타낸 것이다. ㉠과 ㉡은 각각  $d_1 \sim d_4$  중 하나이다.



신경	3ms일 때 막전위(mV)			
	$d_1$	$d_2$	$d_3$	$d_4$
A	㉡	+10	ⓐ	ⓑ
B	ⓑ	ⓐ	ⓒ	ⓐ

- A와 B의 흥분 전도 속도는 각각 1cm/ms와 2cm/ms 중 하나이다.

- A와 B 각각에서 활동 전위가 발생하였을 때, 각 지점에서의 막전위 변화는 그림과 같다.



이에 대한 설명으로 옳은 것만을 <보기>에서 있는 대로 고른 것은? (단, A와 B에서 흥분의 전도는 각각 1회 일어났고, 휴지 전위는  $-70\text{mV}$ 이다.) [3점]

<보기>

- ㄱ. ㉡은  $d_1$ 이다.
- ㄴ. A의 흥분 전도 속도는 2cm/ms이다.
- ㄷ. 3ms일 때 B의  $d_2$ 에서 재분극이 일어나고 있다.

- ① ㄱ      ② ㄴ      ③ ㄷ      ④ ㄱ, ㄷ      ⑤ ㄴ, ㄷ

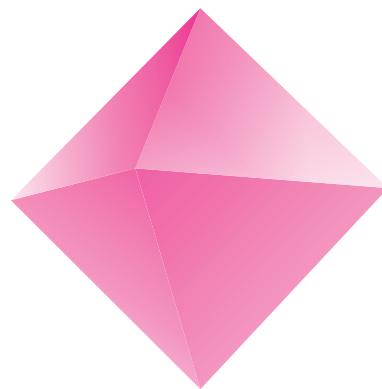
2023학년도 9월 평가원 15번

comment

Q. B에서 막전위 값이 ⓐ인 지점은 자극지점이 될 수 있는가?

A. 될 수 없다. 자극지점은 뒷시간이 가장 긴 지점이기에 자극을 1회 준 상황에서 한 뉴런 위에서 자극지점과 뒷시간이 같은 지점이 또 나올 수 없다. B에서 ⓐ가 두 번 등장하므로 모순이다.

# 기술의 파급효과



과탐 영역  
생명과학 I (하)

## I THEME 02. 감수 분열

### IDEA.

이번 THEME은 생명과학1의 대표적인 준킬러 유형인 감수 분열이다.

여기서부터가 **본격적인 ‘유전 파트’의 시작**이라고 할 수 있다.

이번 유형은 준킬러 유형 중에서도 특히 힘들어하는 학습자들이 많은데, 그 이유는 **문항 구성이 정말 다양하고 쓰이는 논리가 상당히 빠백하기 때문이다.**

THEME 안에서도 나눌 수 있는 유형이 많은 데다가 **정제된 논리로 깔끔하게 풀어내는 것과 적당히 끼워맞추며 푸는 풀이 간의 차이가 굉장히 두드러진다.**

특히 문항 구성 별로 ‘어떻게 접근할 것인가’, ‘어떤 논리로 풀어낼 것인가’에 대한 고민이 분명히 필요하다.

METHOD와 평가원 기출 문항들을 통해 이를 연습하고, 명확한 사고 순서와 Tool을 갖추자.

### comment

Q. 유전 파트는 스킬이 중요하다고 들었어요. METHOD가 원래 풀던 방법과 충돌하면 어쩌죠?

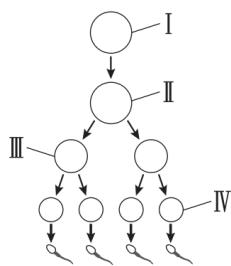
A. 생명과학1에서 강사 혹은 교재 간의 방법론적인 차이가 학습자들의 우려 사항 중 하나임을 잘 알고 있습니다. **METHOD가 지향하는 방향성은 특정 방법론과의 충돌에 있지 않습니다.** 원래 풀던 방법이 존재하거나 특정 강사의 풀이법을 따라가고자 하는 학습자도 분명히 **논리 점검/강화의 도구로 METHOD를 사용할 수 있습니다.**

METHOD는 기본적으로 기출 문항의 구성과 흐름을 분석하여 제작됩니다. 그리고 그 초점은 **기출 문항에 가장 적합한 Compact한 “명제, 표기법, 사고 순서”**에 있습니다. 확고한 풀이법과 방법론을 갖춘 학습자도 METHOD와 비교해보면 어떤 사고가 더 평가원의 논리에 적합한지 점검해보시기를 바랍니다. METHOD에서 얻어갈 부분이 있다면 명제든, 표기법이든, 사고 순서든 선택적으로 필요한 부분을 사용하셨으면 좋겠습니다.

## METHOD #0. 【감수 분열】 유형의 문항 구성

### 감수 분열 유형의 문항 구성

그림은 유전자형이 EeFFHh인 어떤 동물에서 G<sub>1</sub>기의 세포 I로부터 정자가 형성되는 과정을 표는 세포 ①~④의 세포 1개당 유전자 e, F, h의 DNA 상대량을 나타낸 것이다. ①~④은 I~IV를 순서 없이 나타낸 것이고, E는 e와 대립유전자이며, H와 h와 대립유전자이다.



세포	DNA 상대량		
	e	F	h
①	(a)	1	1
②	1	2	(b)
③	2	(c)	0
④	(d)	?	2

감수 분열 유형은 문항 구성의 variation이 상당히 다양한데, 가장 기본적인 구성은 다음과 같다.

- (1) 어떤 개체의 세포가 3~4개 제시됨
- (2) 2~3개의 대립유전자 쌍이 제시됨
- (3) 표 or 막대 그래프가 제시됨

→ 세포, 개체, 유전자에 대해 분석

평가원에서는 기본적인 문항 구성에서 variation을 주어 출제한다.

문항 구성의 variation에 따라 성립하는 문제와 추론 방법이 달라진다. 구체적으로 분석해보자.

### 〈 문항 구성의 Variation 〉

(1) 어떤 개체의 세포가 3~4개 제시됨

→ 한 감수 분열 과정에서 나타나는 세포 OR

특정 생식 세포 형성과정과 무관한 무작위 세포가 제시됨

(2) 2~3개의 대립유전자 쌍이 제시됨

→ 대립유전자(알파벳)을 기호(⑦)로 숨길 수 있음

(3) 표 or 막대 그래프가 제시됨

→ DNA 상대량(숫자) or 유전자의 유무(○, X)로 제시됨

→ 세포, 개체, 유전자에 대해 분석

#### comment

Tip) 감수 분열이 유독 더 어려운 학습자에게.

항상 강조하지만, 추론형 문항에서 적당히 끼워맞추거나 찍는 풀이는 가장 지양해야 할 풀이입니다. 비록 실전에서는 찍어서라도 맞히면 그만이지만, 연습할 때는 정확하게 풀고 논리를 타이트하게 가져가는 연습을 해야 합니다.

감수 분열 문제를 빠르고 정확하게 풀기 위해서는 크게 두 가지 전제가 필요합니다.

#### (1) 기본적인 문제의 숙지 (2) 상황마다 사용할 문제의 판단

감수 분열에서는 기본적으로 사용할 수 있는 문제의 종류가 굉장히 많습니다. 문제를 정말 잘 푸는 학습자들은 정확한 문제를 머릿속에 온전히 가지고 있으며, 상황별로 어떤 문제를 써야 할지를 자연스럽게 알고 있습니다.

이를 위해서 가장 먼저 필요한 것은 **기본적인 문제를 완벽하게 숙지하는 것**입니다. 역이 성립하지 않는 문제가 많기 때문에 대략적으로만 알고 있어서는 안 되며, 정확한 문제를 완벽하게 숙지해야 합니다.

이를 바탕으로 처음에는 문항에 문제를 하나하나 전부 적용해보며 연습하는 것이 좋습니다.

어떤 상황에서 어떤 문제가 어떤 형태로 적용되는지 천천히 경험을 쌓아야만 시험지에서 빠르고 안정적으로 감수 분열 문항을 해결할 수 있을 것입니다. METHOD에서도 이러한 학습을 돋고자 문제를 분류하고 넘버링하여 상황별 숙지가 용이하도록 했습니다. 꼭 잘 외웁시다.

## (1) 세포

문항 구성의 Variation 중 가장 중요한 부분은 제시하는 세포의 Type이다.

가장 흔히 제시되는 발문은 “어떤 G<sub>1</sub> 기의 세포로부터 정자/난자/생식세포가 형성되는 과정”에서 나타나는 세포이다. 이때는 일반적으로 생식세포 형성과정의 그림도 함께 제시된다. 이 경우를 Type 1이라고 하겠다.

생식세포 형성과정이라는 워딩 없이 “사람 I의 세포 (가)~(다)”와 같은 발문이 등장하기도 한다.

Type 1과 달리 특정 생식세포 형성과정 내의 세포들이라는 제한 없이 무작위의 세포를 제시할 수 있다.

이에 따라 동시에 등장할 수 없는 세포들이 함께 제시될 수 있다.

이때는 일반적으로 생식세포 형성과정의 그림이 제시되지 않는다. 이 경우를 Type 2라고 하겠다.

세포	Type 1	Type 2
발문	“어떤 G <sub>1</sub> 기의 세포로부터 정자/난자/생식세포가 형성되는 과정”에서 나타나는 세포	“사람 I의 세포”
특징	특정 생식세포 형성과정 내에서 세포를 Matching	특정 생식세포 형성과정 내로 제한되지 않음

## (2) 대립유전자

자료에서 대립유전자 쌍을 공개할 수도, 숨길 수도 있다. 대립유전자 쌍을 숨기는 경우 Matching 해야 한다.

대립유전자	공개	비공개																																																																																																																																																																		
자료	<table border="1"> <caption>Genotype Data (Public)</caption> <thead> <tr> <th>Marker</th> <th>1 (D)</th> <th>2 (N)</th> <th>3 (A)</th> <th>4 (e)</th> <th>5 (F)</th> <th>6 (f)</th> <th>7 (G)</th> <th>8 (g)</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1 (D)</td> <td>1</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>2 (N)</td> <td>0</td> <td>1</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>3 (A)</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>1</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>4 (e)</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>1</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>5 (F)</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>1</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>6 (f)</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>1</td> <td>0</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>7 (G)</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>1</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>8 (g)</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>1</td> </tr> </tbody> </table>	Marker	1 (D)	2 (N)	3 (A)	4 (e)	5 (F)	6 (f)	7 (G)	8 (g)	1 (D)	1	0	0	0	0	0	0	0	2 (N)	0	1	0	0	0	0	0	0	3 (A)	0	0	1	0	0	0	0	0	4 (e)	0	0	0	1	0	0	0	0	5 (F)	0	0	0	0	1	0	0	0	6 (f)	0	0	0	0	0	1	0	0	7 (G)	0	0	0	0	0	0	1	0	8 (g)	0	0	0	0	0	0	0	1	<table border="1"> <caption>Genotype Data (Non-public)</caption> <thead> <tr> <th>Marker</th> <th>1 (D)</th> <th>2 (N)</th> <th>3 (A)</th> <th>4 (e)</th> <th>5 (F)</th> <th>6 (f)</th> <th>7 (G)</th> <th>8 (g)</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1 (D)</td> <td>1</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>2 (N)</td> <td>0</td> <td>1</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>3 (A)</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>1</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>4 (e)</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>1</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>5 (F)</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>1</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>6 (f)</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>1</td> <td>0</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>7 (G)</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>1</td> <td>0</td> </tr> <tr> <td>8 (g)</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>1</td> </tr> </tbody> </table>	Marker	1 (D)	2 (N)	3 (A)	4 (e)	5 (F)	6 (f)	7 (G)	8 (g)	1 (D)	1	0	0	0	0	0	0	0	2 (N)	0	1	0	0	0	0	0	0	3 (A)	0	0	1	0	0	0	0	0	4 (e)	0	0	0	1	0	0	0	0	5 (F)	0	0	0	0	1	0	0	0	6 (f)	0	0	0	0	0	1	0	0	7 (G)	0	0	0	0	0	0	1	0	8 (g)	0	0	0	0	0	0	0	1
Marker	1 (D)	2 (N)	3 (A)	4 (e)	5 (F)	6 (f)	7 (G)	8 (g)																																																																																																																																																												
1 (D)	1	0	0	0	0	0	0	0																																																																																																																																																												
2 (N)	0	1	0	0	0	0	0	0																																																																																																																																																												
3 (A)	0	0	1	0	0	0	0	0																																																																																																																																																												
4 (e)	0	0	0	1	0	0	0	0																																																																																																																																																												
5 (F)	0	0	0	0	1	0	0	0																																																																																																																																																												
6 (f)	0	0	0	0	0	1	0	0																																																																																																																																																												
7 (G)	0	0	0	0	0	0	1	0																																																																																																																																																												
8 (g)	0	0	0	0	0	0	0	1																																																																																																																																																												
Marker	1 (D)	2 (N)	3 (A)	4 (e)	5 (F)	6 (f)	7 (G)	8 (g)																																																																																																																																																												
1 (D)	1	0	0	0	0	0	0	0																																																																																																																																																												
2 (N)	0	1	0	0	0	0	0	0																																																																																																																																																												
3 (A)	0	0	1	0	0	0	0	0																																																																																																																																																												
4 (e)	0	0	0	1	0	0	0	0																																																																																																																																																												
5 (F)	0	0	0	0	1	0	0	0																																																																																																																																																												
6 (f)	0	0	0	0	0	1	0	0																																																																																																																																																												
7 (G)	0	0	0	0	0	0	1	0																																																																																																																																																												
8 (g)	0	0	0	0	0	0	0	1																																																																																																																																																												
특징	대립유전자 쌍이 공개됨	대립유전자 쌍이 공개되지 않음																																																																																																																																																																		

대립유전자 쌍을 Matching 하기 위해서는 후술할 〈DNA 상대량에 관한 명제〉, 〈유전자의 유무에 관한 명제〉를 적절히 활용해야 한다.

### (3) DNA 상대량

자료에서 DNA 상대량을 공개할 수도, 비공개할 수도 있다. 비공개하는 경우는 DNA의 양을 숫자로 제시하지 않고 미지수로 두거나 유전자의 유무만 제시된다. 이때는 <DNA 상대량에 관한 명제>를 사용할 수 없다.

DNA 상대량		숫자로 공개				유무만 공개																																																															
자료		<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th rowspan="2">세포</th> <th colspan="4">DNA 상대량</th> </tr> <tr> <th>H</th> <th>h</th> <th>T</th> <th>t</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>㉠</td> <td>1</td> <td>?</td> <td>1</td> <td>1</td> </tr> <tr> <td>㉡</td> <td>2</td> <td>2</td> <td>ⓐ</td> <td>2</td> </tr> <tr> <td>㉢</td> <td>2</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>?</td> </tr> <tr> <td>㉣</td> <td>1</td> <td>ⓑ</td> <td>1</td> <td>0</td> </tr> </tbody> </table>					세포	DNA 상대량				H	h	T	t	㉠	1	?	1	1	㉡	2	2	ⓐ	2	㉢	2	0	0	?	㉣	1	ⓑ	1	0	<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th rowspan="2">유전자</th> <th colspan="2">I의 세포</th> <th colspan="2">II의 세포</th> </tr> <tr> <th>(가)</th> <th>(나)</th> <th>(다)</th> <th>(라)</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>㉠</td> <td>×</td> <td>○</td> <td>×</td> <td>×</td> </tr> <tr> <td>㉡</td> <td>×</td> <td>×</td> <td>×</td> <td>○</td> </tr> <tr> <td>㉢</td> <td>○</td> <td>○</td> <td>×</td> <td>○</td> </tr> <tr> <td>㉣</td> <td>○</td> <td>○</td> <td>○</td> <td>×</td> </tr> </tbody> </table>			유전자	I의 세포		II의 세포		(가)	(나)	(다)	(라)	㉠	×	○	×	×	㉡	×	×	×	○	㉢	○	○	×	○	㉣	○	○	○	×	(○: 있음, ×: 없음)	
세포	DNA 상대량																																																																				
	H	h	T	t																																																																	
㉠	1	?	1	1																																																																	
㉡	2	2	ⓐ	2																																																																	
㉢	2	0	0	?																																																																	
㉣	1	ⓑ	1	0																																																																	
유전자	I의 세포		II의 세포																																																																		
	(가)	(나)	(다)	(라)																																																																	
㉠	×	○	×	×																																																																	
㉡	×	×	×	○																																																																	
㉢	○	○	×	○																																																																	
㉣	○	○	○	×																																																																	
특징		DNA 상대량을 공개함					유전자의 유무는 알 수 있으나 DNA 상대량을 알 수 없음																																																														

#### comment

Tip) 감수 분열 문항의 대립유전자에 관하여.

지금까지 평가원에서는 감수 분열 문항을 ‘복대립 유전’으로 제시해오지 않았습니다.

그렇기에 모든 명제의 base가 복대립 유전에서는 성립하지 않을 수 있습니다.

감수 분열에서는 기본적으로 표현형에는 관심이 없기에 단일인자/다인자는 크게 상관이 없지만,

복대립 유전이 제시되는 경우 일부 명제는 논리적 오류가 됩니다.

출제 가능성의 측면에서 봤을 때, 앞으로 출제될 가능성은 충분히 있어 보입니다. 감수 분열에서 복대립의 제시는 기출 문항의 큰 구성을 깨지 않으면서 새로운 Variation을 주는 방식이고 사설에서도 종종 보이는 부분이기 때문입니다.

다만, 아직 출제된 적이 없기에 이를 정리하기 위해서는 기출의 틀을 너무 크게 넘어야 하고, 사실상 기출 분석의 color와 동떨어지는 경향이 있기에 METHOD에는 담지 않았습니다.

혹시라도 이러한 미출제 요소에 대한 대비를 원하는 학습자께서는 기출 학습을 마친 뒤, N제와 실전 모의고사의 학습을 추천합니다.

적중의 의미보다는 새로운 문항 구성에 대한 대응력을 기르는 측면에서 도움이 될 것입니다.

## METHOD #0. 【감수 분열】 유형의 명제

### (1) 명제 : DNA 상대량에 관한 명제

- (a) 어떤 유전자의 DNA 상대량은 해당 유전자가 존재하는 염색분체 수와 일치한다.
- (b) 어떤 유전자의 DNA 상대량은 0, 1, 2, 4 중 하나이다.<sup>6)</sup>
- (c) 어떤 유전자의 DNA 상대량이 4이면 세포의 핵상은  $2n$ (복제)다.<sup>7)</sup>
- (d) 어떤 유전자의 DNA 상대량이 2이면 세포의 핵상은  $n$ (복제X)가 아니다.
- (e) 어떤 유전자의 DNA 상대량이 1이면 세포의 핵상은  $2n$ (복제X)이거나  $n$ (복제X)이다.
- (f) DNA 상대량이 4인 유전자의 대립유전자는 반드시 DNA 상대량이 0이다.
- (g) DNA 상대량이 2인 유전자와 DNA 상대량이 1인 유전자는 대립유전자가 될 수 없다.
- (h) 대립유전자 쌍의 DNA 상대량의 합이 다르면 (ex.  $A + a = 2$ ,  $B + b = 1$ )  
**세포의 핵상은  $2n$ 이고, 남자의 세포이며, 합이 적은 쪽은 성염색체에 존재하는 유전자이다.**

### (2) 명제 : 유전자의 유무에 관한 명제

- (a) 대립유전자가 두 종류(ex. A와 a) 존재하면 세포의 핵상은  $2n$ 이다.  
→ 절반보다 많은 종류의 유전자가 존재하면 반드시  $2n$  세포이다.
- (a') 세포의 핵상이  $n$ 이면 → 대립유전자가 두 종류 존재할 수 없다.<sup>8)</sup>  
→ **하나의  $n$ 세포에 동시에 존재하는 두 유전자는 대립유전자 쌍이 아니다.**
- (b) 대립유전자가 하나도 존재하지 않으면 그 유전자는 상염색체에 존재하지 않는다.

6) 각 유전자의 1개당 DNA 상대량은 1이라고 전제한다.

7) 감수 분열에서 특히 주의해야 할 것은 명제를 ‘정확하게’ 알고 있어야 한다는 것이다.  
역이 성립하지 않는 명제가 많으므로 주의하자.

8) (a)와 (a')은 대우 관계이다.

### (3) 명제 : 감수 분열에 관한 기본 전제

(a) 세포가 어떤 유전자를 갖지 않으면 그 이후에 분열한 세포도 그 유전자를 갖지 않는다.

(a') n 세포가 갖는 유전자는 반드시  $2n$  세포도 가진다.

#### comment

Q. 명제가 너무 많고 복잡해요! 다 외우는 것밖에는 방법이 없을까요?

A. 생명과학1 실전 경험이 많이 있는 분들은 아시겠지만, 생각보다 주어진 시간이 매우 짧습니다. 모든 문항을 다 풀기 위해서는 감수 분열 정도의 위상을 가지는 문항은 **정말 많아야 3분 안쪽으로 해결해야 합니다.**

기본적인 명제의 숙지가 안 된 채로 어떤 감수 분열 문항을 만나도 3분 내로 해결 가능하다면 안 외우셔도 됩니다만 쉽지 않은 일입니다. **문항을 보자마자 반사적으로 사용해야 하는 명제가 튀어나오도록** 외우고 연습하는 일만이 해결법이라고 생각합니다.

한 번 어렵기 시작하면 한없이 어려운 유형이 된다는 걸 저도 알고 있지만, 위와 같은 방식으로 극복해낸 학습자들도 정말 많습니다. 충분히 외우고 연습하셨으면 좋겠습니다.