

DNA Dizileme Nedir?

Calisma Kagidi

DNA dizileme, bir DNA molekulundeki A, T, G ve C bazlarının kesin sirasini okur; en yaygin yontemler Sanger zincir sonlandirma ve yeni nesil dizileme (NGS) teknolojileridir.

Sorular

1. DNA dizileme hangi dort bazin sirasini belirler?

- A) A, T, G, C
- B) A, U, G, C
- C) A, T, G, U
- D) C, G, U, T

2. Sanger dizilemede DNA sentezini ne durdurur?

- A) Restriksiyon enzimleri
- B) Dideoksinukleotidler (ddNTP)
- C) DNA ligaz
- D) Helikaz

3. Sanger dizilemede DNA parcalarini boyutlarina gore hangi teknoloji ayirir?

- A) PCR
- B) Kapiler elektroforez
- C) Kutle spektrometrisi
- D) Santrifuj

4. Sanger dizilemeye kiyasla yeni nesil dizileme (NGS) genellikle

- A) Daha yavas ve pahali
- B) Daha hizli, bircok parçayı paralel isleyebilir
- C) Sadece RNA icin kullanisli
- D) Mutasyonlari tespit edemez

5. Bir Sanger dizileme reaksiyonu 1 ile 800 baz arasinda degisen parçalar uretiyor. Teorik olarak kac farkli parca uzunlugu mumkundur?

6. Insan genomu yaklasik 3,2 milyar baz cifti icerir. Bir dizileme cihazı her okumada 150 baz okuyor ve genomu 30x kapsiyorsa, toplam kac baz dizilenmelidir?

7. Bir arastirmaci 1.200 baz ciftlik bir geni, ileri ve geri yonde 700 baz okuma uzunluguna sahip Sanger dizileme ile diziliyor. Tek gecislik kapsama yeterli mi?

8. Tanimla: DNA dizileme nedir?

9. Tanimla: Sanger dizileme nedir?

10. Tanimla: Yeni Nesil Dizileme (NGS) nedir?

Cevap Anahtari

1. A) A, T, G, C - DNA'da adenin, timin, guanin ve sitozin bulunur; RNA'da timin yerine urasil (U) vardır.
2. B) Dideoksinukleotidler (ddNTP) - ddNTP'ler bir sonraki nukleotidi eklemek için gereken 3'-OH grubundan yoksundur, bu yüzden zinciri sonlandırır.
3. B) Kapiler elektroforez - Parçalar bir kapiler içinde uzunluklarına bağlı hızlarda göç eder.
4. B) Daha hızlı, birçok parçayı paralel işleyebilir - NGS milyonlarca reaksiyonu paralelleştirerek verimi büyük ölçüde artırır ve maliyeti düşürür.
5. Parçalar 1 ile 800 arasındaki herhangi bir baz konumunda bitebilir Farklı uzunluk sayısı = $800 \times 1 + 1 = 800$ Her uzunluk, nihai dizideki bir baz okumasına karşılık gelir
6. Gereken toplam baz = genom boyutu kapsama Toplam baz = $3.200.000.000 \times 30 = 96.000.000.000$ baz 150 baz/okuma ile: $96.000.000.000 \div 150 = 640.000.000$ okuma gerekir
7. İleri okuma 1-700 bazlarını kapsar Geri okuma 501-1.200 bazlarını kapsar (sondan geriye doğru okunarak) Ortusen bölge (501-700) 200 bazın doğruluğunu teyit eder Birlikte iki okuma, hata kontrolü için ortusmeyle birlikte 1.200 bazın tamamını kapsar
8. Bir DNA molekülündeki A, T, G ve C nukleotid bazlarının tam sırasının belirlenmesi.
9. Her bazda DNA sentezini durdurmak için floresan işaretli ddNTP'ler kullanan bir zincir sonlandırma yöntemi; ardından parça uzunlukları okunur.
10. Milyonlarca DNA parçasını paralel olarak dizileyen, Sanger dizilemeden çok daha hızlı ve ucuz yüksek verimli yöntemler.

Bounlu

Tüm kartlar, adım adım çözümler ve AI hoca desteği Notek uygulamasında.
Sınav tarihlerini Promy otomatik hatırlatıcıya çevirir.