

6. Nehmen eine R-DNA Probe, die ^{an} vielmehr diese Sequenz hat. Nehmen eine weitere Probe, die die Gene hat, und eine d. z. nicht hat. Durch Gel-Elektrophorese kann man die Länge der Nukleotidsequenz bestimmen werden, nach Spaltung mit NotI . Wenn die Längen der untersuchten Proteine und Gene unter der GAT-haltige Gene übereinstimmen, hat man die den Abwesenheit der Mutation bewiesen - and andersum mit GTC, die nicht gespalten wird. Southern-blotting schließt einen anderen Schritt ein, indem man die ~~entfalten~~ geschnittene Sequenzen mit ^{32}P -markierter DNA ~~markiert~~ behandelt um eine spezifische Sequenz zu ~~aus~~ zuspüren.

7. KpnI AccII passen
↓ nicht!

$\begin{array}{c} \text{G G T A C C} \text{ } \text{C} \\ \text{C} \text{ } \text{C A T G G} \end{array}$	$\begin{array}{c} \text{G G T A C C} \\ \text{C C A T G G} \end{array}$	$\begin{array}{c} \text{C A T G G} \\ \text{G T A C C} \end{array}$
---	---	---

Obwohl diese Sequenzen zusammen passen sind sie auf der selben Seite der Spaltung!

8. ~~Ein~~ Viele R. Oligonucleotide, die die richtigen komplementären Enden haben, werden hergestellt. Ich weiß nicht wie.

Ich verstehe diese Frage nicht. "Fügen beliebige Nucleinsäuren zu" scheint mir zu einfach eine Antwort.

9. ~~Wie~~ Wie wissen Sie, dass die DNA nicht mit fremder DNA gemischt war? Ähnelt die Sequenz Vögeln oder Krokodilen, oder Menschen oder Bakterien?