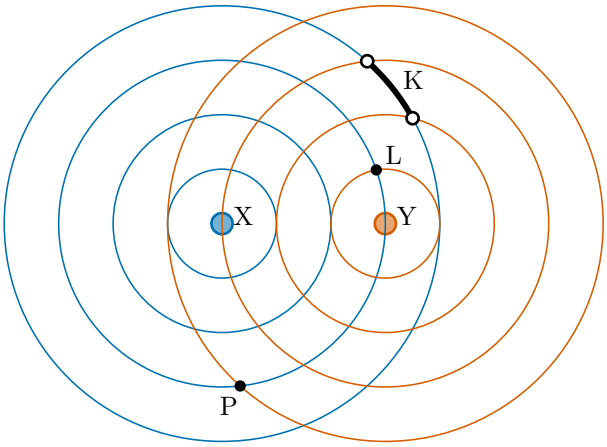
Fizik: Potansiyel ve Kuvvet Çıkarımı

Yay üzerindeki nokta, yük işareti, Coulomb yönü — örnek (renkli)

1. Şekilde, X ve Y noktasal yüklerinin çevresine yarıçapları r, 2r, 3r, … olan eş merkezli çemberler çizilmiştir. L ve P noktaları çemberlerin kesişim noktalarındadır. K noktası, şekildeki kalın yay üzerinde herhangi bir yerde olabilir. Yayların uç noktalarından içi boş olanlar yaya dahil değildir, içi dolu olanlar yaya dahildir. Potansiyel, sonsuzda sıfır alınmaktadır. Y yükünün büyüklüğü, X yükünün büyüklüğünün yarısıdır. X yükü pozitiftir.



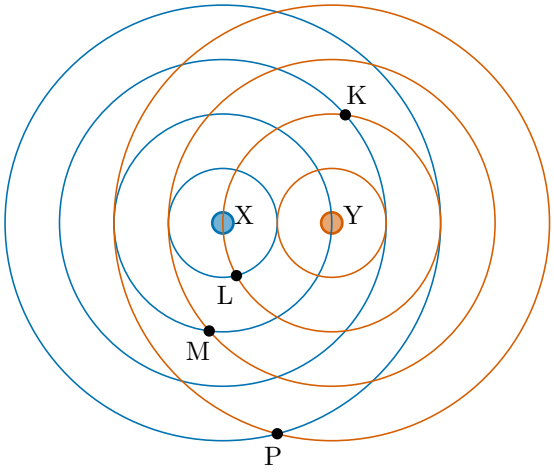
I. K noktasındaki potansiyel pozitiftir.
II. Y yükü pozitiftir.
III. L noktasındaki potansiyel negatiftir.

Buna göre, numaralanmış öncüllerden hangileri yanlış olabilir?

A) Yalnız II **B)** Yalnız III **C)** I ve III
D) II ve III **E)** I, II ve III

---

2. Şekilde, X ve Y noktasal yüklerinin çevresine yarıçapları r, 2r, 3r, … olan eş merkezli çemberler çizilmiştir. K, L, M ve P noktaları çemberlerin kesişim noktalarındadır. Potansiyel, sonsuzda sıfır alınmaktadır. Y yükü pozitiftir. L noktasındaki potansiyel pozitiftir.



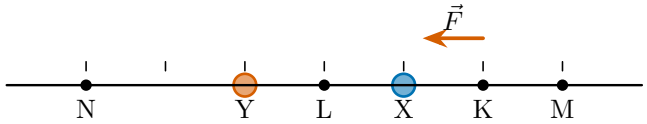
I. M noktasındaki potansiyel, P noktasındaki potansiyele eşittir.
II. M noktasındaki potansiyel, P noktasındaki potansiyelden büyüktür.
III. K noktasındaki potansiyel, P noktasındaki potansiyele eşittir.

Buna göre, numaralanmış öncüllerden hangileri **kesinlikle yanlıştır**?

A) Yalnız I **B)** Yalnız II **C)** Yalnız III
D) I ve III **E)** II ve III

---

3. Şekilde, X ve Y noktasal yükleri ile aynı doğru üzerindeki K, L, M ve N noktaları, komşu çentikler r uzaklıkta olacak biçimde gösterilmiştir. K noktasına konulan +q deneme yüküne etki eden net elektriksel kuvvetin yönü şekilde okla gösterilmiştir; okun uzunluğunun anlamı yoktur. Potansiyel, sonsuzda sıfır alınmaktadır. Y yükü negatiftir.

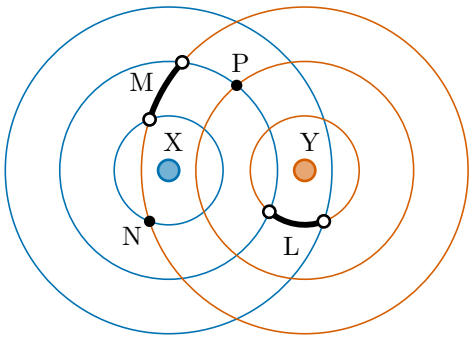


I. L noktasına konulan +q deneme yüküne etki eden net elektriksel kuvvet sola doğrudur.
II. X ve Y yükleri aynı işaretlidir.
III. L noktasındaki potansiyel, N noktasındaki potansiyelden büyüktür.

Buna göre, numaralanmış öncüllerden hangileri **kesinlikle yanlıştır**?

A) Yalnız I **B)** Yalnız II **C)** Yalnız III
D) I ve III **E)** II ve III

4. Şekilde, X ve Y noktasal yüklerinin çevresine yarıçapları r, 2r, 3r, … olan eş merkezli çemberler çizilmiştir. N ve P noktaları çemberlerin kesişim noktalarındadır. L ve M noktaları, şekildeki kalın yaylar üzerinde herhangi bir yerde olabilir. Yayların uç noktalarından içi boş olanlar yaya dahil değildir, içi dolu olanlar yaya dahildir. Potansiyel, sonsuzda sıfır alınmaktadır. X yükünün büyüklüğü, Y yükünün büyüklüğünün 2 katıdır. X yükü pozitiftir.



I. M noktasındaki potansiyel pozitiftir.
II. M noktasındaki potansiyel, N noktasındaki potansiyele eşittir.
III. L noktasındaki potansiyel, M noktasındaki potansiyele eşittir.

Buna göre, numaralanmış öncüllerden hangileri doğru olabilir?

A) Yalnız I **B)** Yalnız III **C)** I ve II
D) I ve III **E)** I, II ve III

Cevap Anahtarı

1	2	3	4
D	C	C	D

Çözümler

1. Cevap: D

Adım 1: Şekilde her noktanın iki yüke uzaklığı çember sayısıyla okunur; yay üzerindeki noktanın uzaklığı yayın uç uzaklıkları arasındadır (içi boş uç yaya dahil değildir, içi dolu uç dahildir).
Adım 2: V = k(q_X/d_X + q_Y/d_Y) (sonsuzda sıfır; skaler, işaretli toplam): u = 1/d alınınca V, u'da doğrusaldır; uzaklık aralığı u aralığına ters çevrilir (uç türleri yer değiştirir).
Adım 3: İpuçları yükün işaret/oranını kısıtlar: Y yükünün büyüklüğü, X yükünün büyüklüğünün yarısıdır. X yükü pozitiftir. Bu kısıtları sağlayan bütün yük dağılımları sınanır.
Adım 4: I. K noktasındaki potansiyel pozitiftir → kesinlikle doğru.
Adım 5: II. Y yükü pozitiftir → olabilir.
Adım 6: III. L noktasındaki potansiyel negatiftir → olabilir.
Adım 7: Yanlış olabilir olan öncüller: II, III.
Adım 8: I. öncülün durumu aralığın ucunun dahil olup olmamasına bağlıdır: yayın içi boş ucundaki değer alınamaz, içi dolu ucundaki değer alınabilir.
Cevap: II ve III — D seçeneği.

2. Cevap: C

Adım 1: Şekilde her noktanın iki yüke uzaklığı çember sayısıyla okunur; yay üzerindeki noktanın uzaklığı yayın uç uzaklıkları arasındadır (içi boş uç yaya dahil değildir, içi dolu uç dahildir).
Adım 2: V = k(q_X/d_X + q_Y/d_Y) (sonsuzda sıfır; skaler, işaretli toplam): u = 1/d alınınca V, u'da doğrusaldır; uzaklık aralığı u aralığına ters çevrilir (uç türleri yer değiştirir).
Adım 3: İpuçları yükün işaret/oranını kısıtlar: Y yükü pozitiftir. L noktasındaki potansiyel pozitiftir. Bu kısıtları sağlayan bütün yük dağılımları sınanır.
Adım 4: I. M noktasındaki potansiyel, P noktasındaki potansiyele eşittir → olabilir.
Adım 5: II. M noktasındaki potansiyel, P noktasındaki potansiyelden büyüktür → olabilir.
Adım 6: III. K noktasındaki potansiyel, P noktasındaki potansiyele eşittir → kesinlikle yanlış.
Adım 7: Kesinlikle yanlış olan öncüller: III.
Cevap: Yalnız III — C seçeneği.

3. Cevap: C

Adım 1: Doğru üzerindeki her noktada net kuvvet, iki yükün kuvvetlerinin cebirsel toplamıdır; +q deneme yükü pozitif yükten uzağa, negatif yüke doğru itilir/çekilir, büyüklük $1/d^2$ ile azalır. Okla gösterilen yönler yük işaret/büyüklüğünü kısıtlar.
Adım 2: İpuçları yükün işaret/oranını kısıtlar: K noktasına konulan +q deneme yüküne etki eden net elektriksel kuvvet sola doğrudur. Y yükü negatiftir. Bu kısıtları sağlayan bütün yük dağılımları sınanır.
Adım 3: I. L noktasına konulan +q deneme yüküne etki eden net elektriksel kuvvet sola doğrudur → olabilir.
Adım 4: II. X ve Y yükleri aynı işaretlidir → olabilir.
Adım 5: III. L noktasındaki potansiyel, N noktasındaki potansiyelden büyüktür → kesinlikle yanlış.
Adım 6: Kesinlikle yanlış olan öncüller: III.
Cevap: Yalnız III — C seçeneği.

4. Cevap: D

Adım 1: Şekilde her noktanın iki yüke uzaklığı çember sayısıyla okunur; yay üzerindeki noktanın uzaklığı yayın uç uzaklıkları arasındadır (içi boş uç yaya dahil değildir, içi dolu uç dahildir).
Adım 2: V = k(q_X/d_X + q_Y/d_Y) (sonsuzda sıfır; skaler, işaretli toplam): u = 1/d alınınca V, u'da doğrusaldır; uzaklık aralığı u aralığına ters çevrilir (uç türleri yer değiştirir).
Adım 3: İpuçları yükün işaret/oranını kısıtlar: X yükünün büyüklüğü, Y yükünün büyüklüğünün 2 katıdır. X yükü pozitiftir. Bu kısıtları sağlayan bütün yük dağılımları sınanır.
Adım 4: I. M noktasındaki potansiyel pozitiftir → kesinlikle doğru.
Adım 5: II. M noktasındaki potansiyel, N noktasındaki potansiyele eşittir → kesinlikle yanlış.
Adım 6: III. L noktasındaki potansiyel, M noktasındaki potansiyele eşittir → olabilir.
Adım 7: Doğru olabilir olan öncüller: I, III.
Adım 8: II. öncülün durumu aralığın ucunun dahil olup olmamasına bağlıdır: yayın içi boş ucundaki değer alınamaz, içi dolu ucundaki değer alınabilir.
Cevap: I ve III — D seçeneği.

Kimya: Öncüllü Çözelti Derişimi

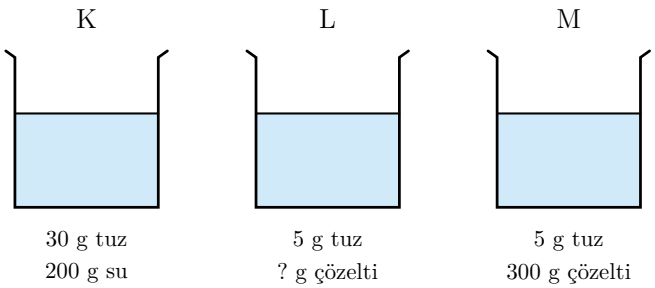
Çözücü ve çözelti kütlesi, iyonlaşma, kısmen bilinmeyen nicelik — örnek kitapçık (renkli)

1. Şekilde, aynı tuzun sulu çözeltilerini içeren K, L ve M kapları verilmiştir. Tuz suda tamamen çözünmektedir. Şekilde "?" ile gösterilen değer bilinmemektedir. L çözeltisindeki çözelti kütlesi 110 g değerinden büyüktür. L çözeltisindeki çözelti kütlesi 135 g değerinden küçüktür.

I. K ve L çözeltileri karıştırılırsa oluşan çözeltinin kütlece yüzde derişimi %10 olur.

II. L çözeltisinin kütlece yüzde derişimi M çözeltisininkinden büyüktür.

III. K çözeltisinin kütlece yüzde derişimi %15 değerindedir.

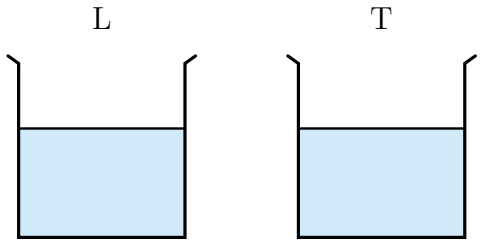


Buna göre, numaralanmış öncüllerden hangileri **kesinlikle** doğrudur?

A) Yalnız II **B)** Yalnız III **C)** I ve II
D) II ve III **E)** I, II ve III

---

2. Şekilde, aynı tuzun sulu çözeltilerini içeren L ve T kapları verilmiştir. Tuz suda tamamen çözünmektedir.



Buna göre, L ve T çözeltilerinin kütlece yüzde derişimlerinin eşit olması için aşağıdakilerden hangisi yapılmalıdır?

A) L çözeltisine 20 g su eklenmelidir.
B) L çözeltisinden 80 g su buharlaştırılmalıdır.
C) T çözeltisine 20 g su eklenmelidir.
D) T çözeltisine 80 g su eklenmelidir.
E) T çözeltisinden 20 g su buharlaştırılmalıdır.

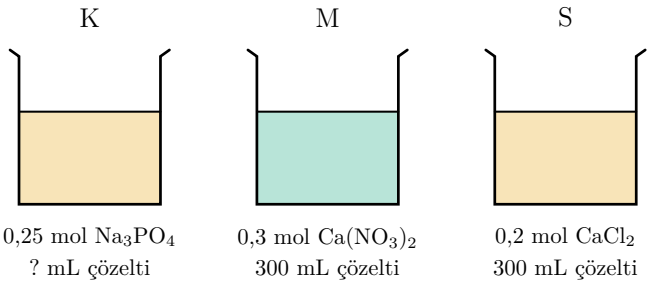
---

3. Şekilde, K, M ve S kaplarındaki sulu tuz çözeltilerinin mol sayıları ve hacimleri verilmiştir. Tuzlar suda tamamen iyonlarına ayrışmaktadır; hacimler toplanabilir ve katı eklemek hacmi değiştirmez. Şekilde "?" ile gösterilen değer bilinmemektedir. K çözeltisinin toplam iyon derişimi M çözeltisininkinden büyüktür.

I. K çözeltisine 50 mL su eklenirse oluşan çözeltinin toplam iyon derişimi M çözeltisininkinden küçük olur.

II. M çözeltisinin toplam iyon derişimi 1 mol/L değerindedir.

III. M ve S çözeltileri karıştırılırsa oluşan çözeltinin toplam iyon derişimi K çözeltisininkine eşit olur.



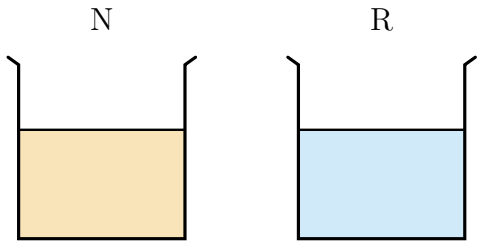
$$Na_3PO_4 \rightarrow 3Na^+ + PO_4^{3-}$$
$$Ca(NO_3)_2 \rightarrow Ca^{2+} + 2NO_3^-$$
$$CaCl_2 \rightarrow Ca^{2+} + 2Cl^-$$

Buna göre, numaralanmış öncüllerden hangileri doğru olabilir?

A) Yalnız I **B)** Yalnız II **C)** Yalnız III
D) I ve II **E)** I ve III

---

4. Şekilde, N ve R kaplarındaki sulu tuz çözeltilerinin mol sayıları ve hacimleri verilmiştir. Tuzlar suda tamamen iyonlarına ayrışmaktadır; hacimler toplanabilir ve katı eklemek hacmi değiştirmez.



0,15 mol $AlCl_3$
300 mL çözelti

0,15 mol NaCl
500 mL çözelti

$$AlCl_3 \rightarrow Al^{3+} + 3Cl^-$$
$$NaCl \rightarrow Na^+ + Cl^-$$

Buna göre, N ve R çözeltilerinin toplam iyon derişimlerinin eşit olması için aşağıdakilerden hangisi yapılmalıdır?

A) N çözeltisine 200 mL su eklenmelidir.
B) N çözeltisine 0,35 mol $AlCl_3$ eklenip çözülmelidir.
C) R çözeltisinden 200 mL su buharlaştırılmalıdır.
D) R çözeltisine 0,1 mol NaCl eklenip çözülmelidir.
E) R çözeltisine 0,35 mol NaCl eklenip çözülmelidir.

Cevap Anahtarı

1	2	3	4
A	C	A	E

Çözümler

1. Cevap: A

Adım 1: Her kapta çözelti kütlesi, çözünen kütlesi ile çözücü (su) kütlesinin toplamıdır; şekilde bazı kaplarda su, bazılarında çözelti kütlesi verildiğinden önce her kap (çözünen, su, çözelti) üçlüsüne getirilir.
Adım 2: Her kabın derişimi hesaplanır — K: %300/23; L: 500/x %; M: %5/3.
Adım 3: Bilinmeyen değer x için verilen koşullar birlikte okunur (L çözeltisindeki çözelti kütlesi 110 g değerinden büyüktür. L çözeltisindeki çözelti kütlesi 135 g değerinden küçüktür.); x yalnızca (110, 135) aralığında olabilir.
Adım 4: I. öncül (K ve L çözeltileri karıştırılırsa oluşan çözeltinin kütlece yüzde derişimi %10 olur): yalnızca x [120, 120] için doğru; x'in olabileceği aralık (110, 135) olduğundan öncül doğru da yanlış da olabilir.
Adım 5: II. öncül (L çözeltisinin kütlece yüzde derişimi M çözeltisininkinden büyüktür): yalnızca x $(-\infty, 300)$ için doğru; x'in olabileceği aralık (110, 135) olduğundan öncül kesinlikle doğru.
Adım 6: III. öncül (K çözeltisinin kütlece yüzde derişimi %15 değerindedir): hiçbir x değeri için doğru değil; x'in olabileceği aralık (110, 135) olduğundan öncül kesinlikle yanlış.
Adım 7: Kök kesinlikle doğru olanları sorduğundan istenen küme: Yalnız II.
Cevap: Yalnız II — A seçeneği.

---

2. Cevap: C

Adım 1: Çözelti kütlesi = çözünen + çözücü (su) kütlesi; her kabın verisi bu ayrıma göre okunur.
Adım 2: Derişimler: L: %12, T: %300/23; T daha derişiktir.
Adım 3: Derişimler ancak derişik kap seyreltilerek ya da seyreltik kap derişikleştirilerek eşitlenebilir; yön doğru seçilir.
Adım 4: Doğru şık: T çözeltisine 20 g su eklenmelidir — işlemden sonra iki derişim eşit olur (bilinmeyen miktar için denklem tek çözüme sahiptir: 20).
Adım 5: Sınama: L çözeltisinden 80 g su buharlaştırılmalıdır → L kabının derişimi %300/17, T kabınınki %300/23; eşit değil.
Adım 6: Sınama: T çözeltisine 80 g su eklenmelidir → T kabının derişimi %300/31, L kabınınki %12; eşit değil.
Adım 7: Sınama: T çözeltisinden 20 g su buharlaştırılmalıdır → T kabının derişimi %100/7, L kabınınki %12; eşit değil.
Adım 8: Sınama: L çözeltisine 20 g su eklenmelidir → L kabının derişimi %100/9, T kabınınki %300/23; eşit değil.
Cevap: T çözeltisine 20 g su eklenmelidir. — C seçeneği.

---

3. Cevap: A

Adım 1: Tuzlar suda tamamen iyonlaşır: $Na_3PO_4 \rightarrow 3Na^{} + PO_4^{3-}$; $Ca(NO_3)_2 \rightarrow Ca^{2} + 2NO_3^{-}$; $CaCl_2 \rightarrow Ca^{2} + 2Cl^{-}$. İyon derişimi, iyonların mol sayısının çözelti hacmine oranıdır; her tuzun iyon katsayısı hesaba katılır.
Adım 2: Her kabın derişimi hesaplanır — K: 1000/x mol/L; M: 3 mol/L; S: 2 mol/L.
Adım 3: Bilinmeyen değer x için verilen koşullar birlikte okunur (K çözeltisinin toplam iyon derişimi M çözeltisininkinden büyüktür.); x yalnızca (0, 1000/3) aralığında olabilir.
Adım 4: I. öncül (K çözeltisine 50 mL su eklenirse oluşan çözeltinin toplam iyon derişimi M çözeltisininkinden küçük olur): yalnızca x $(850/3, \infty)$ için doğru; x'in olabileceği aralık (0, 1000/3) olduğundan öncül doğru da yanlış da olabilir.
Adım 5: II. öncül (M çözeltisinin toplam iyon derişimi 1 mol/L değerindedir): hiçbir x değeri için doğru değil; x'in olabileceği aralık (0, 1000/3) olduğundan öncül kesinlikle yanlış.
Adım 6: III. öncül (M ve S çözeltileri karıştırılırsa oluşan çözeltinin toplam iyon derişimi K çözeltisininkine eşit olur): yalnızca x [400, 400] için doğru; x'in olabileceği aralık (0, 1000/3) olduğundan öncül kesinlikle yanlış.
Adım 7: Kök doğru olabilenleri sorduğundan istenen küme: Yalnız I.
Cevap: Yalnız I — A seçeneği.

---

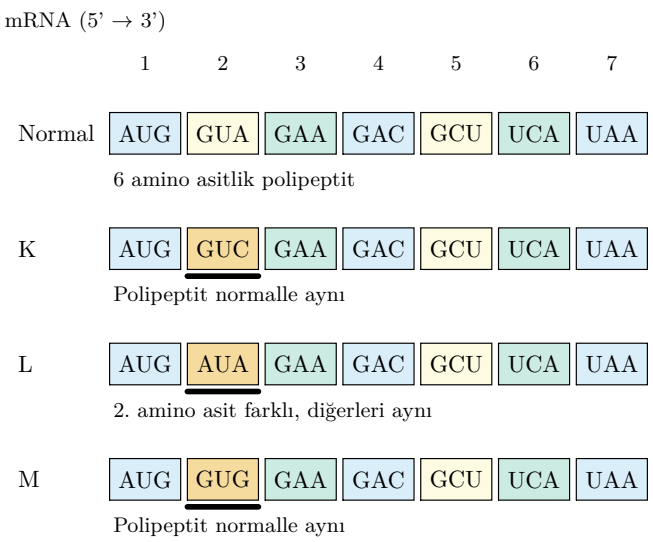
4. Cevap: E

Adım 1: İyonlaşma denklemlerinden iyon katsayıları alınır: $AlCl_3 \rightarrow Al^{3} + 3Cl^{-}$; $NaCl \rightarrow Na^{} + Cl^{-}$.
Adım 2: Derişimler: N: 2 mol/L, R: 0,6 mol/L; N daha derişiktir.
Adım 3: Derişimler ancak derişik kap seyreltilerek ya da seyreltik kap derişikleştirilerek eşitlenebilir; yön doğru seçilir.
Adım 4: Doğru şık: R çözeltisine 0,35 mol NaCl eklenip çözülmelidir — işlemden sonra iki derişim eşit olur (bilinmeyen miktar için denklem tek çözüme sahiptir: 7/20).
Adım 5: Sınama: N çözeltisine 200 mL su eklenmelidir → N kabının derişimi 1,2 mol/L, R kabınınki 0,6 mol/L; eşit değil.
Adım 6: Sınama: R çözeltisine 0,1 mol NaCl eklenip çözülmelidir → R kabının derişimi 1 mol/L, N kabınınki 2 mol/L; eşit değil.
Adım 7: Sınama: R çözeltisinden 200 mL su buharlaştırılmalıdır → R kabının derişimi 1 mol/L, N kabınınki 2 mol/L; eşit değil.
Adım 8: Sınama: N çözeltisine 0,35 mol $AlCl_3$ eklenip çözülmelidir → N kabının derişimi 20/3 mol/L, R kabınınki 0,6 mol/L; eşit değil.
Cevap: R çözeltisine 0,35 mol NaCl eklenip çözülmelidir. — E seçeneği.

Genetik Kod Çıkarımı Örnekleri

Biyoloji · kodon tablosu verilmeden kesinlikle / olabilir çıkarımı

1. Bir genin normal aleli ile mutasyona uğramış K, L ve M alellerinden sentezlenen mRNA'ların kodonları ve bu mRNA'lardan elde edilen polipeptitlerin özellikleri şekilde verilmiştir. mRNA'lar, polipeptit sentezinin sona erdiği kodona kadar gösterilmiştir. Kodonlar 1'den başlayarak numaralandırılmış, normal gendekinden farklı olanların altı çizilmiştir. Durdurma kodonu, hiçbir amino asidi şifrelemeyen ve polipeptit sentezini sonlandıran kodondur. Değerlendirme, kodon tablosu kullanılmadan, şekilde verilen bilgilere göre yapılacaktır.

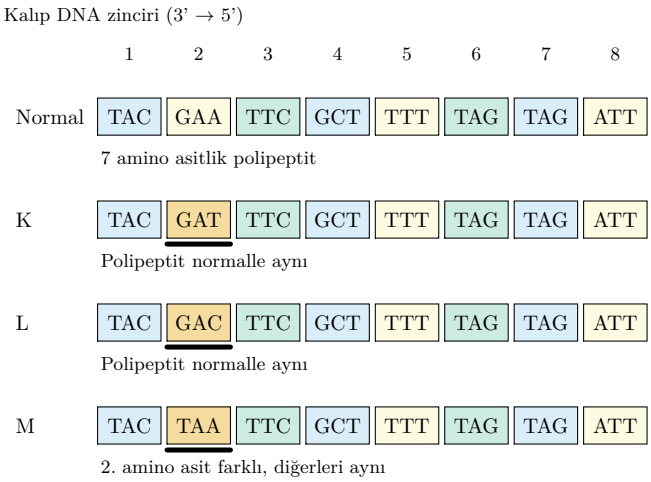


I. M'deki 2. kodon ile K'deki 2. kodon farklı amino asitleri şifreler.
II. K polipeptiti ile L polipeptiti farklı amino asit dizilerine sahiptir.
III. Normal gendeki 2. kodon ile normal gendeki 4. kodon farklı amino asitleri şifreler.

Buna göre, numaralanmış öncüllerden hangileri **kesinlikle** doğrudur?

A) Yalnız II **B)** Yalnız III **C)** I ve II
D) II ve III **E)** I, II ve III

2. Bir genin normal aleli ile mutasyona uğramış K, L ve M alellerine ait kalıp DNA zincirleri, mRNA'ların sentezinin sona erdiği üçlüye kadar şekilde gösterilmiştir. Bu zincirlerden sentezlenen mRNA'lardan elde edilen polipeptitlerin özellikleri de şekilde verilmiştir. Üçlüler 1'den başlayarak numaralandırılmış, normal gendekinden farklı olanların altı çizilmiştir; öncüllerdeki kodonlar, bu zincirlerden sentezlenen mRNA'lardaki kodonlardır. Durdurma kodonu, hiçbir amino asidi şifrelemeyen ve polipeptit sentezini sonlandıran kodondur. Değerlendirme, kodon tablosu kullanılmadan, şekilde verilen bilgilere göre yapılacaktır.

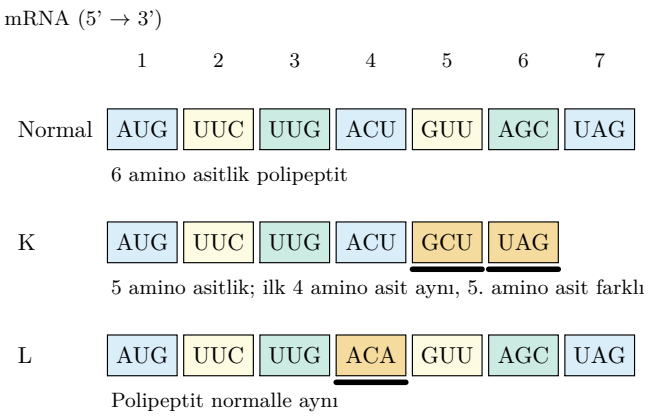


I. Normal polipeptit ile M polipeptiti aynı amino asit dizisine sahiptir.
II. K'deki 2. kodon ile normal gendeki 5. kodon aynı amino asidi şifreler.
III. K polipeptiti ile L polipeptiti farklı amino asit dizilerine sahiptir.

Buna göre, numaralanmış öncüllerden hangileri doğru olabilir?

A) Yalnız I **B)** Yalnız II **C)** Yalnız III
D) I ve II **E)** II ve III

3. Bir genin normal aleli ile mutasyona uğramış K ve L alellerinden sentezlenen mRNA'ların kodonları ve bu mRNA'lardan elde edilen polipeptitlerin özellikleri şekilde verilmiştir. mRNA'lar, polipeptit sentezinin sona erdiği kodona kadar gösterilmiştir. Kodonlar 1'den başlayarak numaralandırılmış, normal gendekinden farklı olanların altı çizilmiştir. Durdurma kodonu, hiçbir amino asidi şifrelemeyen ve polipeptit sentezini sonlandıran kodondur. Değerlendirme, kodon tablosu kullanılmadan, şekilde verilen bilgilere göre yapılacaktır.

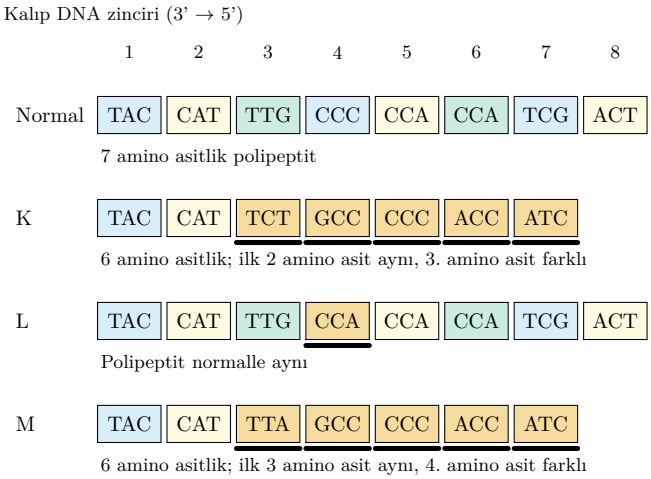


I. L'deki 4. kodon ile normal gendeki 5. kodon farklı amino asitleri şifreler.
II. L'deki 4. kodon bir durdurma kodonudur.
III. K'deki 5. kodon bir amino asidi şifreler.

Buna göre, numaralanmış öncüllerden hangileri **kesinlikle** doğrudur?

A) Yalnız II **B)** Yalnız III **C)** I ve III
D) II ve III **E)** I, II ve III

4. Bir genin normal aleli ile mutasyona uğramış K, L ve M alellerine ait kalıp DNA zincirleri, mRNA'ların sentezinin sona erdiği üçlüye kadar şekilde gösterilmiştir. Bu zincirlerden sentezlenen mRNA'lardan elde edilen polipeptitlerin özellikleri de şekilde verilmiştir. Üçlüler 1'den başlayarak numaralandırılmış, normal gendekinden farklı olanların altı çizilmiştir; öncüllerdeki kodonlar, bu zincirlerden sentezlenen mRNA'lardaki kodonlardır. Durdurma kodonu, hiçbir amino asidi şifrelemeyen ve polipeptit sentezini sonlandıran kodondur. Değerlendirme, kodon tablosu kullanılmadan, şekilde verilen bilgilere göre yapılacaktır.



I. M'deki 5. kodon ile normal gendeki 7. kodon farklı amino asitleri şifreler.
II. Normal polipeptit ile L polipeptiti farklı amino asit dizilerine sahiptir.
III. M polipeptiti ile K polipeptiti farklı amino asit dizilerine sahiptir.

Buna göre, numaralanmış öncüllerden hangileri yanlış olabilir?

A) Yalnız II **B)** I ve II **C)** I ve III
D) II ve III **E)** I, II ve III

Cevap Anahtarı

1	2	3	4
A	B	B	B

Çözümler

1. Cevap: A

Adım 1: Kodon tablosu verilmediğinden her kodonun amino asidi bilinmeyen kabul edilir; bilinenler yalnızca gözlemlerdir. Aynı kodon her zaman aynı amino asidi şifreler; farklı kodonlar aynı ya da farklı amino asitleri şifreleyebilir.
Adım 2: K: polipeptit normalle aynı olduğundan değişen kodon ile eski kodon aynı amino asidi şifreler: GUA ve GUC.
Adım 3: L: yalnızca 2. amino asit değiştiğinden GUA ve AUA kodonları farklı amino asitleri şifreler.
Adım 4: M: polipeptit normalle aynı olduğundan değişen kodon ile eski kodon aynı amino asidi şifreler: GUA ve GUG.
Adım 5: Eşdeğer kodon sınıfları (aynı amino asidi şifreleyenler): {GUA, GUC, GUG}.
Adım 6: I. M'deki 2. kodon ile K'deki 2. kodon farklı amino asitleri şifreler → kesinlikle yanlış: GUG ve GUC aynı eşdeğerlik sınıfındadır.
Adım 7: II. K polipeptiti ile L polipeptiti farklı amino asit dizilerine sahiptir → kesinlikle doğru: her konumda amino asitler zorunlu olarak aynıdır.
Adım 8: III. Normal gendeki 2. kodon ile normal gendeki 4. kodon farklı amino asitleri şifreler → olabilir: hiçbir gözlem GUA ve GAC kodonlarını ne eşleştirir ne de ayırır; aynı da farklı da olabilirler.
Adım 9: Kesinlikle doğru olan öncüller: II.
Cevap: Yalnız II — A seçeneği.

2. Cevap: B

Adım 1: Kodon tablosu verilmediğinden her kodonun amino asidi bilinmeyen kabul edilir; bilinenler yalnızca gözlemlerdir. Aynı kodon her zaman aynı amino asidi şifreler; farklı kodonlar aynı ya da farklı amino asitleri şifreleyebilir.
Adım 2: K: polipeptit normalle aynı olduğundan değişen kodon ile eski kodon aynı amino asidi şifreler: CUU ve CUA.
Adım 3: L: polipeptit normalle aynı olduğundan değişen kodon ile eski kodon aynı amino asidi şifreler: CUU ve CUG.
Adım 4: M: yalnızca 2. amino asit değiştiğinden CUU ve AUU kodonları farklı amino asitleri şifreler.
Adım 5: Eşdeğer kodon sınıfları (aynı amino asidi şifreleyenler): {CUA, CUG, CUU}.
Adım 6: I. Normal polipeptit ile M polipeptiti aynı amino asit dizisine sahiptir → kesinlikle yanlış: en az bir konumda amino asitler zorunlu olarak farklıdır.
Adım 7: II. K'deki 2. kodon ile normal gendeki 5. kodon aynı amino asidi şifreler → olabilir: hiçbir gözlem CUA ve AAA kodonlarını ne eşleştirir ne de ayırır; aynı da farklı da olabilirler.
Adım 8: III. K polipeptiti ile L polipeptiti farklı amino asit dizilerine sahiptir → kesinlikle yanlış: en az bir konumda amino asitler zorunlu olarak farklıdır.
Adım 9: Doğru olabilir olan öncüller: II.
Cevap: Yalnız II — B seçeneği.

3. Cevap: B

Adım 1: Kodon tablosu verilmediğinden her kodonun amino asidi bilinmeyen kabul edilir; bilinenler yalnızca gözlemlerdir. Aynı kodon her zaman aynı amino asidi şifreler; farklı kodonlar aynı ya da farklı amino asitleri şifreleyebilir.
Adım 2: K: okuma çerçevesi kaydığından kodonların çoğu değişmiştir; 5. amino asit farklı olduğundan GUU ve GCU farklı amino asitleri şifreler; 6. kodon (UAG) durdurma kodonudur. Sonraki kodonların amino asitleri hakkında bilgi yoktur.
Adım 3: L: polipeptit normalle aynı olduğundan değişen kodon ile eski kodon aynı amino asidi şifreler: ACU ve ACA.
Adım 4: Eşdeğer kodon sınıfları (aynı amino asidi şifreleyenler): {ACA, ACU}.
Adım 5: I. L'deki 4. kodon ile normal gendeki 5. kodon farklı amino asitleri şifreler → olabilir: hiçbir gözlem ACA ve GUU kodonlarını ne eşleştirir ne de ayırır; aynı da farklı da olabilirler.
Adım 6: II. L'deki 4. kodon bir durdurma kodonudur → kesinlikle yanlış: ACA kodonu polipeptit içinde bir amino asit şifrelediğinden durdurma kodonu olamaz.
Adım 7: III. K'deki 5. kodon bir amino asidi şifreler → kesinlikle doğru: GCU kodonu polipeptitin içinde bir amino asit şifreler.
Adım 8: Kesinlikle doğru olan öncüller: III.
Cevap: Yalnız III — B seçeneği.

4. Cevap: B

Adım 1: Kodon tablosu verilmediğinden her kodonun amino asidi bilinmeyen kabul edilir; bilinenler yalnızca gözlemlerdir. Aynı kodon her zaman aynı amino asidi şifreler; farklı kodonlar aynı ya da farklı amino asitleri şifreleyebilir.

Adım 2: K: okuma çerçevesi kaydığından kodonların çoğu değişmiştir; 3. amino asit farklı olduğundan AAC ve AGA farklı amino asitleri şifreler; 7. kodon (UAG) durdurma kodonudur. Sonraki kodonların amino asitleri hakkında bilgi yoktur.

Adım 3: L: polipeptit normalle aynı olduğundan değişen kodon ile eski kodon aynı amino asidi şifreler: GGG ve GGU.

Adım 4: M: okuma çerçevesi kaydığından kodonların çoğu değişmiştir; ilk 3 amino asit aynı kaldığı için AAC ve AAU aynı amino asidi şifreler; 4. amino asit farklı olduğundan GGG ve CGG farklı amino asitleri şifreler; 7. kodon (UAG) durdurma kodonudur. Sonraki kodonların amino asitleri hakkında bilgi yoktur.

Adım 5: Eşdeğer kodon sınıfları (aynı amino asidi şifreleyenler): {AAC, AAU}; {GGG, GGU}.

Adım 6: I. M'deki 5. kodon ile normal gendeki 7. kodon farklı amino asitleri şifreler $\rightarrow$ olabilir: hiçbir gözlem GGG ve AGC kodonlarını ne eşleştirir ne de ayırır; aynı da farklı da olabilirler.

Adım 7: II. Normal polipeptit ile L polipeptiti farklı amino asit dizilerine sahiptir $\rightarrow$ kesinlikle yanlış: en az bir konumda amino asitler zorunlu olarak farklıdır.

Adım 8: III. M polipeptiti ile K polipeptiti farklı amino asit dizilerine sahiptir $\rightarrow$ kesinlikle doğru: her konumda amino asitler zorunlu olarak aynıdır.

Adım 9: Yanlış olabilir olan öncüller: I, II.

Cevap: I ve II — B seçeneği.