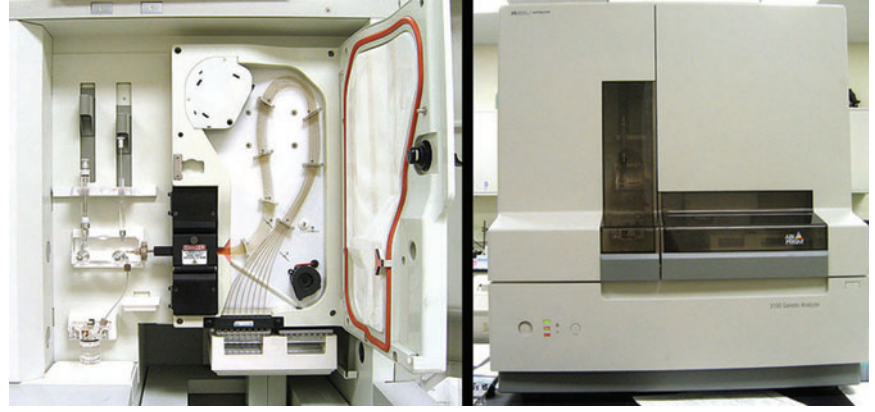


DNA'mızın Faturasası

DNA zincirinizin dizilimini öğrenmek için ne kadar ödersiniz? Bir milyon dolar mı, yüz bin dolar mı? Yoksa bin dolar yeterli mi? Bir kişinin gen haritasını elde etmesi, hâlâ bir milyoner düşü olsa da, bir tek genom dizilimini çıkarmanın maliyetinin yaklaşık beş yıl içinde bin dolara kadar düşeceği öngörülüyor. Bu bedeli çok bulanlara bir şey anımsatalım: İnsan Genom Projesi (bir insanın gen haritasını ve gen diziliminin tamamını çıkartma projesi), üç milyar dolar olarak öngörülen bir bütçeyle başladı. Gelişen teknoloji proje bütçesinin üç yüz milyon dolara kadar düşmesini sağladı. Proje bugün başlamış olsaydı yalnızca elli milyon dolara mal olacaktı. Günümüzde, Wellcome Trust Sanger Enstitüsü'nün her iki dakikada bir çıkardığı genom dizilimi miktarı, 1982-1987 yılları arasında dünyada yapılan tüm araştırmalardaki miktara neredeyse eşit. Bilgisayar sektörüne özgü Moore Yasası (öncekine benzer bir ürünü hazırlayıp sunmak için gerekli teknolojiye verilen paranın, her iki yılda bir yarı yarıya düşeceğini öngören bir yasa) genom teknolojisi alanında da geçerliliğini koruyor. Çok hızlı gelişen teknoloji ve düşen maliyetler, genetik bilgi selinin uluslararası enstitülere akmasını sağlıyor. Eskiden gigabazlar (bir milyar baz çiftine bir gigabaz deniyor) cinsinden ölçüm yapan enstitüler artık, terabazlara (bir trilyon baz çiftine bir terabaz deniyor) sıçradı. Bir insanın genomunun yaklaşık 3 gigabaz olduğu düşünülürse, bu bilgi akışını tanımlarken neden "sel" dendiği daha iyi anlaşılabilir. Değişimin hızına bakarak "Ama nasıl?" sorusunu soracaksınız elbette. Bunu izleyen soru da "Maliyetler hep bu hızla düşmeyi sürdürecektir mi?" olacaktır. Yanıtı bulmak için aşama aşama bir değerlendirme yapalım. Birinci Aşama: İşgücü. İlk başlarda dizilim bulma işi insan gücüne dayanıyor ve yavaş ilerliyordu. Her bir yapıtaşının (adenin, guanin, sitozin ve timin: A, G,



Kocaman makineler neredeyse bir mutfak robotuna dönüştü.
Eski teknoloji (solda) ve yeni nesil teknoloji (sağda)

C, T) bilgiye çevrilmesi insan eline bakıyordu. DNA parçaları birçok kez çoğaltılarak özel enzimler aracılığıyla çeşitli parçalara bölünüyordu. Bu işlem, DNA molekülleri tek tek görünür olana değin sürdürülüyordu. İnsan eliyle yapılması bu işlemi çok yavaşlatıyordu. Makineler bu işlemi insanlara göre çok daha hızlı gerçekleştiriyor. Biyologların bu işleri yapacak otomatik sistemlere yönelmesi işleri hızlandırdı. İkinci Aşama: Otomasyon. Araştırmacılar öncelikli olarak A, G, C ve T'lerin okunması işini otomatikleştirdi. Daha sonra iyileştirilmiş bir ayırma sistemi başlıca enstitülerde kullanılmaya başlandı. Bu yeni sistemle beraber DNA'lar tüplere yerleştirmeye başlandı; makinelere yükleme işi hızlandı ve verim arttı. 2006'ya kadar olan bu gelişmeler bile 100 baz çiftinin çıkarılma maliyetinin çeyrek dolara kadar düşmesine yetti. Hemen sevinmeyin: İnsan genomunda üç milyar çift baz var. Üçüncü Aşama: Yeni Kuşak Dizilimciler. Yeni kuşak dizilimciler (örneğin ABI, Illumina ve 454) maliyetlerin düşmesini



hızlandırıyor. Tek bir çalıştırmada en çok birkaç yüz DNA örneği kullanabilen eski teknolojiye karşın bir milyon DNA örneği kullanan bu yeni teknoloji, geçmiş yılların araştırmacıları için ancak hayal ürünü olabilir. Birçok örneği bir anda işleyebilen bu yeni teknolojinin olumsuz yönleri de var. Yalnızca çok küçük DNA parçaları için çalışıyor. Birkaç yüz baz çiftinden fazlasını koyamıyorsunuz. En küçük genomun bile milyonlarca baz çiftinden oluştuğunu düşünürseniz, bu birkaç yüz çiftlik bilgi parçalarının bir araya getirilme işinin ne kadar güç olabileceğini anlarsınız. İşte tam bu noktada bilgisayarlar devreye girerek araştırmacıları rahatlatıyor. Bu basamağın iyileştirilmesi süreci de hâlâ sürüyor: Amaç elbette ki daha hızlı bilgi çıkışı alabilmek. Dördüncü Aşama: Yeni Kuşak Teknoloji. Genom diziliminde kullanılan, bilgisayarlardan makinelere kadar her tür aygıtın teknolojisi baş döndürücü bir hızla gelişiyor. Bu gelişmeler araştırmacılara yeni örüntüleri daha hızlı tanıma ve bilgi akışını hızlandırma olanağı sunuyor. Önümüzdeki on yıl içinde nanoteknolojinin yardımıyla araştırmacıların her bir baz çiftini bağımsız olarak görebilmesi ve tanıyabilmesi bekleniyor. En büyük amaç da elektronik dizilime erişilebilirlik: Tek bir seferde, bir uçtan DNA genomunu verip öbür uçtan elektronik çıktıyı alabilmek.

Özden Hanoğlu

<http://blog.wired.com/wiredscience/2008/07/british-institu.html>