**Populaties, DNA en je tong** -antwoorden

1. Welk fenotype heeft de baby hiernaast?

‘kan tongrollen’

1. En welk genotype?

RR of Rr

1. Op basis van welke gegevens in de tabel kun je concluderen dat proeven door een dominant allel wordt veroorzaakt?

De onderste rij laat zien dat niet-proevers alleen NP-kinderen krijgen, dus daar is sprake van homozygoot recessief, dus tt. Zodoende is proeven dominant.

1. Wat is op basis van deze gegevens de frequentie van het allel T in de populatie?

Frequentie van allel T is p. Van de P-kinderen weet je niet of die TT of Tt zijn. Van de NP-kinderen weet je dat ze tt zijn, en daarmee weet je q2. De tt-kinderen vormen 76/227e deel van de populatie en dat is 0,3348. De wortel daaruit is q = 0,5786. Via p = 1 – q kom je uit op een frequentie van 0,4214 voor het allel T.

1. Wat zijn in deze populatie p2, 2pq en q2? (Check: zijn ze samen 1?)

Dat is nu een eitje… 0,1776 + 0,4876 + 0,3348 = 1

Zelf proeven… Neem de tabel op het bord over: (getallenvoorbeeld 2017)

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **fenotype** | **Aantal** | **frequentie** |
| sterk proever | 11 | 0,2821 |
| zwak proever | 13 | 0,3333 |
| niet proever | 15 | 0,3846 |
| Totaal 🡪 | 39 | 1 |

1. Formuleer waarom de categorie ‘zwak proever’ is opgenomen.

Omdat je dan zou kunnen zien of er sprake is van ‘onvolledige dominantie’ of een intermediair fenotype.

1. Bereken de allelfrequentie van T en t in onze populatie. Start met de niet-proevers.

Niet-proevers hebben genotype tt en de frequentie van dat genotype is 0,3846, en dat is q2; dus q = √0,3846 = 0,6202; dat is de gevraagde frequentie van t.

Dan is p = 1 – q = 0,3798, en dat is de gevraagde frequentie van T.

*N.B. Als je zou beginnen met de proevers, met het idee dat die p2 zijn, dan komt het niet goed uit. De verklaring is waarschijnlijk dat er geen glashard onderscheid is tussen sterk proevers en zwak proevers.*

1. Als er een verschil is met het antwoord bij vraag 4, bedenk dan twee verklaringen daarvoor.

*[Er is een verschil vanaf de tweede decimaal, maar de overeenkomst is dat de frequentie van T lager is dan die van t; afgerond is p = 0,4 en q = 0,6.]*

* Het is een heel andere populatie, en misschien verschilt de allelfrequentie per bevolkingsgroep (dat is bekend van bijvoorbeeld bloedgroepen).
* Onze groep is zo klein dat de toevallige variaties het beeld verstoren.
* Er zijn papiertjes met verschillende PTC-concentraties gebruikt bij de verschillende testen. (dat is wel een heel vergezochte verklaring…)

1. Onderzoek met de gegevens uit onze populatie of het aandeel van de zwakke proevers overeenkomt met de frequentie van 2pq.

Als je de getallen van p en q bij antwoord 7 gebruikt, kom je op een aandeel 2pq van 0,4711. Dat is echt anders dan die 0,3333 in de tabel. Zo zie je dat het sterk of zwak proeven niet een betrouwbare indicatie is van het genotype (TT of Tt).

Het is dus beter om maar twee categorieën te gebruiken: wel of niet proeven.

1. Welke van die eiwitstructuren kun je in de linkerafbeelding zien?

α-helix, (primair), secundair, tertiair.

1. Van welk type zijn de mutaties in de rechterafbeelding?

Substitutie (= vervanging), check Binas genetische code.

1. Bepaal aan de hand van de gel de genotypes van de personen 1, 2 en 3.

* 1 heeft geen verschil tussen C en R, dus restrictie-enzym heeft niet geknipt, en dan is de persoon tt.
* 2 heeft in de R-strook een fragment van 44 en een van 177 bp. Maar géén van 221 bp, dus deze persoon heeft genotype TT.
* 3 heeft in de R-strook zowel een ongeknipt fragment van 221 als de twee geknipte stukjes van 44 en 177 bp. Er is dus een chromosoom met T en een met t. Deze persoon is heterozygoot.

1. Waaraan kun je zien dat deze DNA-sequenties van de coderende streng zijn?

Omdat het begint met ATG en dat komt op mRNA overeen met AUG (het startcodon of M/methionine).

Als het de matrijsstreng was zou TAC het eerste triplet op het DNA zijn.

1. Welke basen moeten op die plaatsen (785 en 885) staan?

Je moet dan even op zoek naar wat er in de aminozuur-vertaling staat onderaan bladzij 6 (óf je kijkt in het lintmodel van het eiwit op blz. 2 rechts).

Op plaats 785 staat in het DNA bij proevers een base C, en die is onderdeel van de code (triplet) voor het aminozuur alanine (A); dat kun je zien in de translatievolgorde. Als je 785 deelt door 3 krijg je 261,666… en dat betekent dat die C de tweede base is van het 262e triplet, en dat triplet is GCT in dit DNA. Check in Binas 71G bovenste tabel (mRNA-codes!) en daar zie je dat Alanine gecodeerd wordt door o.a. GCU. Klopt, want GCT op de coderende streng van DNA komt overeen met GCU op mRNA na transcriptie.

De niet-proever heeft als 262e aminozuur valine. De mRNA-code voor valine is GUA / GUC / GUG / GUU. Dus in het mRNA is er een U in plaats van een C, maar op het DNA is dat dan een T.

Op dezelfde manier kom je erachter dat op plaats 885 bij de niet-proever in het DNA een A als base moet staan. (885 / 3 = 295,0 dus het is de eerste positie van het 295e triplet, valine met code GTC is vervangen door isoleucine en het triplet voor isoleucine heeft als ‘beginbase’ een A).

Query 781 TGTG**C**TGCCTTCATCTCTGTGCCCCTACTGATTCTGTGGCGCGACAAAATAGGGGTGATG 840

|||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 781 TGTG**?**TGCCTTCATCTCTGTGCCCCTACTGATTCTGTGGCGCGACAAAATAGGGGTGATG 840

Query 841 GTTTGTGTTGGGATAATGGCAGCTTGTCCCTCTGGGCATGCAGCC**G**TCCTGATCTCAGGC 900

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||

Sbjct 841 GTTTGTGTTGGGATAATGGCAGCTTGTCCCTCTGGGCATGCAGCC**?**TCCTGATCTCAGGC 900

*Translatie van het proever-allel (T) =*

[…]

SLGRHMRTMKVYTRNSRDPSLEAHIKALKSLVSFFCFFVISSC**A**AFISVPLLILWRDK

IGVMVCVGIMAACPSGHAA**V**LISGNAKLRRAVMTILLWAQSSLKVRADHKADSRTLC"

*Translatie van het niet-proever allel (t) =*

[…]

SLGRHMRTMKVYTRNSRDPSLEAHIKALKSLVSFFCFFVISSC**V**AFISVPLLILWRDK

IGVMVCVGIMAACPSGHAA**I**LISGNAKLRRAVMTILLWAQSSLKVRADHKADSRTLC"