

Vraag	Antwoord	Scores
-------	----------	--------

DNA-analyse

7 maximumscore 2

- vanderwaalsbinding(en)/molecuulbinding(en) 1
- waterstofbrug(gen) 1

Opmerking

Als in plaats van waterstofbrug(gen) dipool-dipoolbinding(en) is/zijn genoemd, dit goedrekenen.

8 maximumscore 2

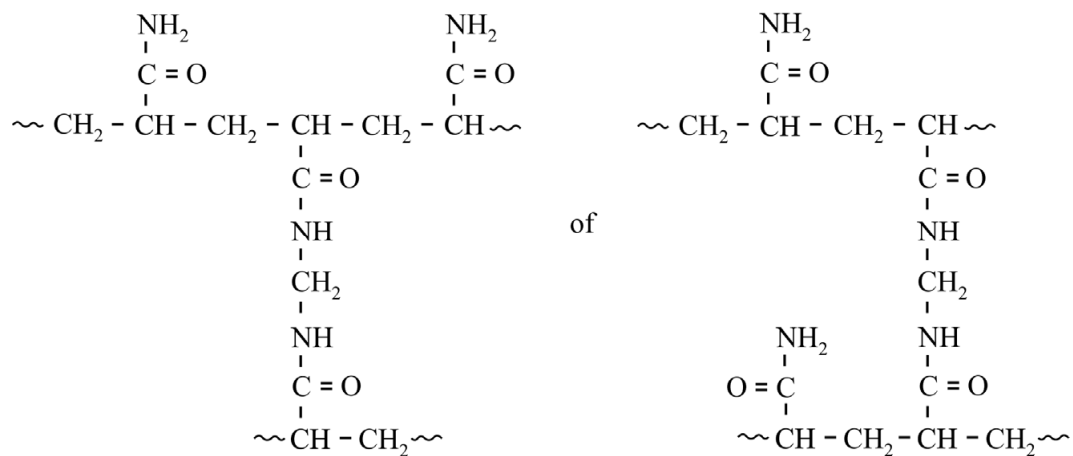
Voorbeelden van een juist antwoord zijn:

- Wanneer de concentratie van een dd-base te hoog is (ten opzichte van A, C, T en G), is de kans dat een dd-base wordt ingebouwd te groot, waardoor er uitsluitend kortere fragmenten ontstaan / waardoor niet het gehele fragment kan worden geanalyseerd.
- Wanneer de concentratie van een dd-base te hoog is (ten opzichte van A, C, T en G), zal bij de aangroei van DNA vooral dd-base worden ingebouwd. De aangroei van DNA zal dan voornamelijk stoppen bij de eerste keer/keren dat het nucleotide moet worden ingebouwd. Je zult dus niet het hele DNA kunnen analyseren.
- inzicht dat de kans dat dd-base wordt ingebouwd te groot is / dat er dan vooral dd-base zal worden ingebouwd 1
- inzicht dat hierdoor (te) korte fragmenten ontstaan / niet het gehele DNA-fragment kan worden geanalyseerd 1

Vraag	Antwoord	Scores
-------	----------	--------

9 maximumscore 3

Voorbeelden van een juist antwoord zijn:



- de vier C=C-bindingen zijn omgezet tot C-C-bindingen 1
- de zijgroepen juist en een crosslink getekend 1
- de uiteindes van de keten juist weergegeven, bijvoorbeeld met ~ en de rest van de structuurformule juist 1

Vraag	Antwoord	Scores
-------	----------	--------

10 maximumscore 2

Voorbeelden van een juist antwoord zijn:

- Om lange fragmenten goed te kunnen scheiden, moeten de ruimtes in het netwerk groot zijn. (Er moeten dus weinig crosslinks aanwezig zijn in het netwerk.) Het percentage BIS moet dus relatief laag zijn.
- (BIS zorgt voor het vormen van de netwerkstructuur.) Voor het scheiden van lange fragmenten is een vrij open netwerk nodig, dus het percentage BIS moet relatief laag zijn.

- inzicht dat voor het scheiden van grote fragmenten grote openingen nodig zijn in het netwerk / een open netwerkstructuur nodig is 1
- consequente conclusie 1

- Veel BIS in het polymeer zorgt voor een zeer dicht netwerk (omdat er dan veel crosslinks zijn). Om lange fragmenten te kunnen scheiden, moet er dus een relatief laag percentage BIS worden gebruikt (want anders zijn de ruimtes tussen de ketens te klein).

- inzicht dat veel BIS voor een zeer dicht netwerk zorgt / voor kleine ruimtes zorgt / dat weinig BIS voor een open netwerk zorgt / voor grote ruimtes zorgt 1
- consequente conclusie 1

Opmerking

Een antwoord als het volgende goedrekenen:

Om lange DNA-fragmenten te scheiden moeten er minder crosslinks zijn, zodat het DNA beter door de gel kan bewegen. Het percentage BIS moet dus relatief laag zijn.

Vraag	Antwoord	Scores
-------	----------	--------

11 maximumscore 2

Een voorbeeld van een juist antwoord is:
TCGddG

indien het matrijs-DNA is afgelezen tot de 2^e G en dit fragment is omgezet naar coderend DNA, leidend tot de code TCGGA(dd)C 1

indien in plaats van het op een na kortste fragment, het op een na langste fragment is afgelezen, leidend tot de code TCGGACCGCTG(dd)G 1

indien het matrijs-DNA van rechts naar links is afgelezen tot de 2^e G, leidend tot de code: CTCGAT(dd)G 1

Opmerkingen

- *Als het antwoord TCGG is gegeven, dit goedrekenen.*
- *Als het antwoord van achter naar voren is genoteerd, zoals (dd)GGCT is gegeven, dit goedrekenen.*

12 maximumscore 3

Een voorbeeld van een juist antwoord is:

Het nummer van het triplet volgt uit $\frac{2552}{3} = 850 \frac{2}{3}$.

De mutatie betreft dus triplet 851.

De tweede/middelste base van het triplet verschilt, dus het zijn de tripletten TCT (cowpox) en TAT (cowpox met mutatie).

Deze tripletten leiden op het mRNA tot de codons voor serine (UCU) respectievelijk tyrosine (UAU).

De mutatie kan worden weergegeven met S851Y.

- bepaling van het nummer van het triplet dat verschilt (851) 1
- bepaling van het triplet 1
- consequente bepaling van de aminozuren (serine resp. tyrosine) en consequente notatie van de mutatie 1