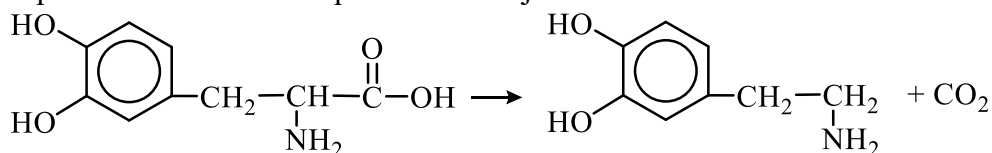
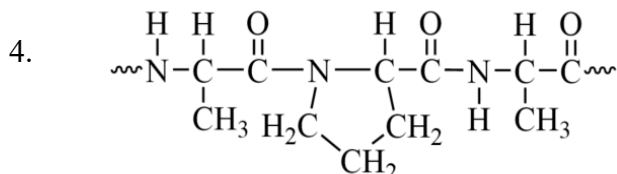


Parkinson

1. De structuurformule van dopamine kun je afleiden uit de gegeven structuurformule van L-dopa. Er ontstaat naast dopamine namelijk uitsluitend koolstofdioxide.



2. In de opgave staat gegeven dat de aanduiding 'L' informatie geeft over de *ruimtelijke* structuur. Het gaat dan over stereoisomerie. In dit geval over spiegelbeeldisomeren. Het C-atoom met de NH₂-groep in L-dopa is chiraal (ook wel asymmetrisch genoemd). Er zijn dan twee spiegelbeeldisomeren waarvan er één wordt aangeduid met 'L' (het andere spiegelbeeldisomeer zal met 'D' aangeduid worden). In dopamine zijn geen chirale C-atomen aanwezig, dus is een aanduiding met 'L' niet nodig.
3. Het enzym L-dopacarboxylase moet L-dopa kunnen binden in het holtesysteem van het enzym. Als de enzymremmer ook in de ruimtelijke structuur van het enzym gebonden wordt, is er geen plaats meer voor moleculen L-dopa om te kunnen binden.
Een andere mogelijkheid is dat de enzymremmer niet zozeer gebonden wordt in het holtesysteem van het enzym, maar wel het actieve centrum van het enzym blokeert. De moleculen L-dopa kunnen daardoor niet meer omgezet worden tot dopamine.
In de praktijk zal het gaan om evenwichtsreacties, waarbij er een concurrentie is tussen de enzymremmer en L-dopa. De werking van de enzymremmer is beter naarmate deze effectiever kan binden dan moleculen L-dopa.



Let op de juiste weergave van de uiteinden, de peptidebinding en de restgroepen.

Opmerking: H-atomen aan een C mogen met een enkel streepje weergegeven worden. Dus de H-atomen aan een N *moeten* genoteerd worden.

5. Aan het N-atoom van Pro is geen H-atoom gebonden. Bij Leu is dat wel het geval. Dit H-atoom is nodig voor het construeren van de juiste kokervorm, omdat er via dit H-atoom waterstofbruggen gevormd kunnen worden (met de tegenoverliggende polaire C=O binding). Zonder dit H-atoom in Pro zal de kokervorm verstoord zijn.
6. *LET OP: de verwijzing naar binas in de opgave moet zijn naar tabel 71G.*
Uit de opgave is af te leiden dat aminozuur 166 afwijkend is. Bij ieder aminozuur horen drie basen die samen een codon vormen. Aminozuur 165 eindigt bij base nummer $3 \times 165 = 495$. De basen 496, 497 en 498 worden gebruikt voor Leu in het gewone eiwit en voor Pro in het afwijkende eiwit.
Volgens tabel 71G zijn er meerdere codons voor Leu en voor Pro. Omdat er sprake is van een puntmutatie zal slechts één van de drie basen anders moeten zijn. De codons die met C beginnen verschillen bij Leu en Pro alleen in hun tweede base. Daar zit de puntmutatie. Dus op nr. 497.
Je mag er van uitgaan dat base nr. 1 hoort bij het startcodon dat codeert voor Met.

7. *LET OP: de verwijzing naar binas in de opgave moet zijn naar tabel 71G.*

In het normale gen is Leu gevormd door het codon xUy (voor x en y zijn volgens tabel 71G verschillende mogelijkheden).

In het afwijkende gen is Pro gevormd door het codon xCy.

Volgens tabel 71G gaat het hierbij om codons in het m-RNA.

De basevolgorde op de matrijsstreng is tegengesteld aan die op het m-RNA.

De basevolgorde op de coderende streng is tegengesteld aan die op de matrijsstreng. Dus in feite is de basevolgorde op de coderende streng gelijk aan die op het m-RNA met dat verschil dat als T op de coderende streng voorkomt, dit U wordt op het m-RNA.

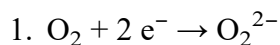
In een schema:

	Leu	Pro
op m-RNA	• U •	• C •
op matrijsstreng	• A •	• G •
op coderende streng	• T •	• C •

In de opgave wordt het basenpaar gevraagd op matrijsstreng en coderende streng.

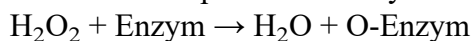
In het normale gen is dat A-T en in het afwijkende gen is dat G-C.

Akatalasemie

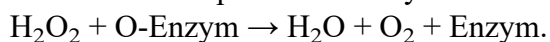


2. In principe kan een enzym maar één reactie katalyseren. Bij de omzetting van O_2 tot O_2^{2-} wordt de binding in het zuurstofmolecuul verbroken. Bij de omzetting van O_2 tot O_2^{2-} gebeurt dit niet. Het zijn dus twee verschillende reacties, dus zijn er verschillende enzymen werkzaam.

3. In de eerste stap moet het enzym een O-atoom opnemen van H_2O_2 :

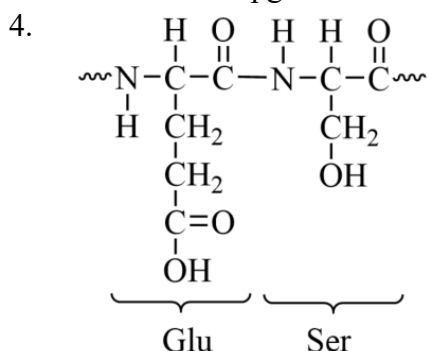


In de tweede stap moet het enzym weer teruggevormd worden en moet ook O_2 ontstaan:



Controle

Beide reacties opgeteld moet opleveren: $2 H_2O_2 \rightarrow 2 H_2O + O_2$.



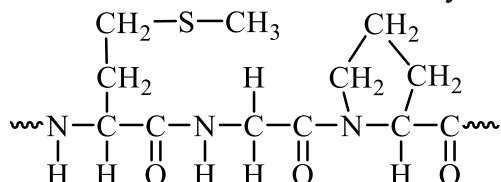
5. De basen in m-RNA zijn complementair aan de basen in de matrijsstreng. Echter een A in de matrijsstreng levert niet een T op in m-RNA, maar een U. Dus C wordt G, G wordt C, T wordt A en A wordt U. Dan krijg je: $\cdots G A A U C G G U U C A \cdots$.

6. *LET OP: de verwijzing naar binas in de opgave moet zijn naar tabel 71G.*

De code voor het 120^e aminozuur van de keten van katalase begint bij de 358^e base van het gen dat codeert voor de vorming van katalase. In de opgave staat dat juist bij mensen met akatalasemie de 358^e base ontbreekt. In het m-RNA krijg je de basen CGG die gaan coderen (in plaats van UCG). Volgens tabel 71G codeert CGG voor Arg (arginine).

Collageen

1. Teken de structuur van ~ Met – Gly – Pro ~ met het N-gedeelte aan de linker kant.



2. Een enzym werkt volgens het ‘sleutel-slotprincipe’. Dat betekent dat het substraat precies moet passen in het actieve centrum van het enzym. Kennelijk geldt dat alleen voor Pro – Gly.

3. 3-hydroxy-2-methylpentanal (ook 2-methyl-3-hydroxypentanal wordt goed gerekend).

4. Voorbeelden van juiste antwoorden zijn:

Onverzadigde verbindingen;

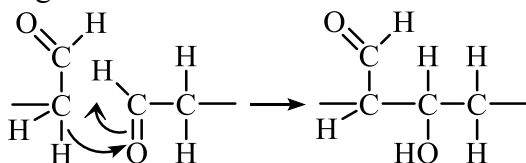
A-cyclische verbindingen;

Alifatische (= niet-aromatische) verbindingen;

Verbindingen met een vertakte koolstofketen.

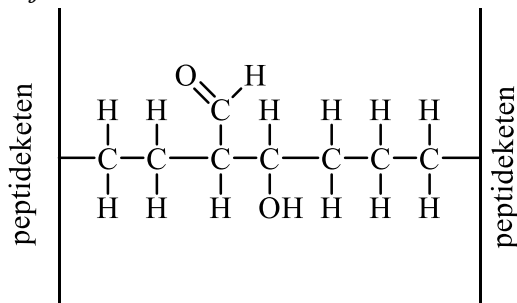
LET OP: De opgave is enigszins misleidend. Het antwoord ‘alkenen’ is niet juist, hoewel er een C=C-binding aanwezig is. Er worden namelijk geen structuurkenmerken gevraagd.

5. Gegeven is dat beide aldehydegroepen met elkaar reageren tot een aldol. Dat is een verbinding met zowel een aldehydegroep als een alcoholgroep. Er staat niet dat in stap 2 andere producten gevormd worden. De reactie is dus in feite een additiereactie. Hieronder is de aldolvorming uitgebeeld:

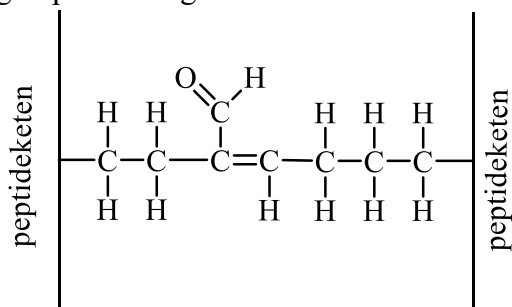


Opmerking:

Je ziet dat het niet zo is dat beide aldehydegroepen met elkaar reageren. De informatie in de opgave is derhalve onjuist. Met het gegeven dat er een aldol ontstaat kun je echter wel achter de juiste structuur komen.



6. Maak hierbij gebruik van het voorbeeld uit de opgave waarbij stof B gevormd werd. Let op dat, volgens de opgave, de 'C=C binding ontstaat tussen het C-atoom naast de C=O en het C-atoom waaraan de OH-groep was gebonden'. De C=C komt dus links van het C-atoom waar de OH-groep aan vastgezet heeft:



7. Voor ieder aminozuur worden bij de codering drie stikstofbasen gebruikt. Volgens tabel 71G coderen CAA en CAG voor Gln. Omdat gegeven is dat slechts één basenpaar anders is, vergelijken we dit met CGA en CGG die voor Arg coderen. Je ziet dat steeds het 2^e basenpaar verschilt.

Voor het aminozuur op plaats 158 in de eiwitketen geldt dat deze begint bij basenpaar 472 ($157 \times 3 + 1$). Het tweede basenpaar heeft dan nummer 473.

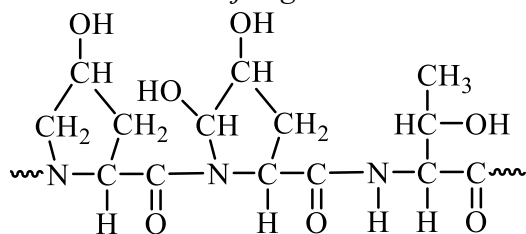
8. Bij onderdeel 7 is al aangegeven dat de afwijkende base A (adenine) is. Deze bevindt zich op de coderende streng. Op de matrijsstreng bevindt zich dan de complementaire base T (thymine).

Base op de coderende streng: A / adenine

Base op de matrijsstreng: T / thymine

Mossellijm

1. *LET OP: de verwijzing naar binas in de opgave moet zijn naar tabel 67H1.*



2. Ga in tabel 67H1 op zoek naar een aminozuur met een benzeenring die via een CH₂-groep aan het 2° C-atoom gebonden is. Je komt dan vanzelf uit op Phe.

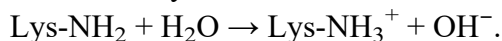
3. *LET OP: de verwijzing naar binas in de opgave moet zijn naar tabel 71.*

In tabel 71G vind je dat UAU en UAC coderen voor Tyr. Het is voor de beantwoording van deze vraag voldoende als je hier één van uitkiest.

Volgens tabel 71G bevinden deze basen zich in het m-RNA. De basevolgorde in het m-RNA is een kopie van de basevolgorde in de coderende streng, waarbij U wordt gebruikt in plaats van T. De basen in de matrijsstreng zijn complementair aan de basen in de coderende streng.

In een schema:	m-RNA	UAU	of	UAC
	Coderende streng	TAT	of	TAC
	Matrijsstreng	ATA	of	ATG

4. Beschouw Lys-NH₂ als een base in water. Het volgende evenwicht stelt zich in:



Voor dit evenwicht geldt: $K_b = \frac{[\text{Lys-NH}_3^+][\text{OH}^-]}{[\text{Lys-NH}_2]}.$

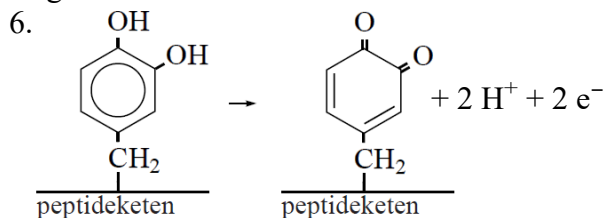
Gegeven: pH = 8,15 $\rightarrow$ pOH = 14,00 – 8,15 = 5,85 $\rightarrow$ $[\text{OH}^-] = 10^{-\text{pOH}} = 10^{-5,85} = 1,4 \cdot 10^{-6}$ M.

Gegeven: 98,0% van de NH₂-groepen is omgezet in NH₃⁺-groepen. Dit betekent dat er nog voor 2,0% NH₂-groepen zijn en dat er dus 98,0 / 2,0 = 49 keer zoveel NH₃⁺-groepen zijn als NH₂-groepen. Alles invullen in de K-formule levert:

$$K_b = \frac{[\text{Lys-NH}_3^+]}{[\text{Lys-NH}_2]} \times [\text{OH}^-] = 49 \times 1,4 \cdot 10^{-6} = 6,9 \cdot 10^{-5}.$$

5. Tussen gebonden moleculen is er altijd sprake van de vanderwaalsbinding. Deze binding is sterker naarmate de molecuulmassa toeneemt.

Cellulose bevat veel OH-groepen (zie tabel 67F3). Indien de zijketens van de aminozuureenheden ook OH-groepen of NH-groepen bevatten, kunnen we waterstofbruggen gevormd worden.



7. Wanneer O₂ als oxidator gebruikt wordt, zal het 4 e⁻ moeten opnemen volgens tabel 48.

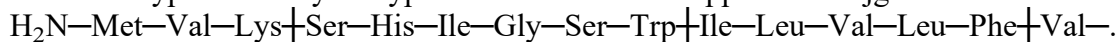
Bij de halfreactie van onderdeel 6 komen 2 e⁻ vrij. Per Dopa-zijgroep wordt één dwarsverbinding gevormd, volgens de opgave. De molverhouding O₂ : dwarsverbinding is derhalve 1 : 2.

Bij 298 K geldt: $V_m = 24,5 \text{ dm}^3 \text{ mol}^{-1}$ (zie tabel 7).

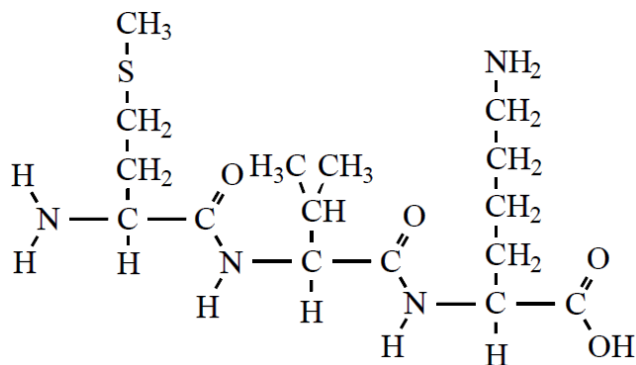
$$\text{Aantal mol O}_2: \frac{5,0 \text{ dm}^3}{24,5 \text{ dm}^3 \text{ mol}^{-1}} = 0,20 \text{ mol} \rightarrow \text{aantal mol dwarsverbindingen: } 0,41 \text{ mol}.$$

Creutzfeldt-Jakob

1. Zet een verticale streep in het prioneiwit na iedere Arg, Lys, Phe, Tyr en Trp. Hiermee geef je aan waar trypsine en chymotrypsine de keten ‘doorknippen’. Je krijgt dan:



De kortste oligopeptide is dan H₂N-Met-Val-Lys met de volgende structuurformule:



2. In de opgave staat dat de secundaire en tertiaire structuur veranderd is. Het gaat hier om de ruimtelijke structuur. Door deze verandering passen de prioneiwitten niet meer in het actieve centrum van het enzym.

3. *LET OP: de verwijzing naar binas in de opgave moet zijn naar tabel 71G.*

Volgens tabel 71G zijn de codons in het m-RNA voor Ile: AUA, AUU en AUC. De codons voor Val die één base hiervan verschillen zijn: GUA, GUU en GUC. De eerste base is anders. De basen op in m-RNA en op de coderende streng zijn identiek (behalve dat een T op de coderende streng een U wordt op het m-RNA, maar dat speelt hier niet). De basen op de matrijsstreng zijn complementair aan de basen op de coderende streng.

	coderend	matrijs	m-RNA
normaal (met Val)	G	C	G
Afwijkend (met Ile)	A	T	A

4. Gegeven is dat het gaat om aminozuur 210. Bij aminozuur 209 zijn er $209 \times 3 = 627$ basenparen gebruikt. Voor aminozuur 210 gaat het om het eerste basepaar. Dat heeft dan nummer 628.