**Fruitvliegen**

**Het achterhalen van het evolutietraject tussen twee fruitvliegsoorten   
met behulp van het xxx algoritme**

Iris de Vries Mark Landkroon Victor den Haan

Universiteit van Amsterdam Hogeschool van Amsterdam Universiteit van Amsterdam

[Iris.devries@student.uva.nl](mailto:Iris.devries@student.uva.nl) [Mark.landkroon@hva.nl](mailto:Mark.landkroon@hva.nl) [Vdenhaan@gmail.com](mailto:Vdenhaan@gmail.com)

**1. Inleiding**

De Drosophila Melanogaster en de Drosophila Miranda zijn fruitvliegsoorten waarvan het genoom goed bestudeerd is (Bachtrog &Andolfatto, 2006; Hoskins et al., 2015). De genen van de twee fruitvliegen zijn identiek, maar staan in een andere volgorde. Het is mogelijk dat het ene genoom in het andere verandert door middel van mutaties. Dat gebeurt als er generaties lang mutaties plaatsvinden waarbij het ene genoom toevalligerwijs op een manier verandert waarbij de volgorde van de genen ook identiek aan elkaar worden. De mutaties zijn bij de Drosophila beperkt tot het in zijn geheel omkeren van de subdelen van het genoom (Afbeelding 2).

In dit artikel wordt besproken welke achtereenvolgende mutaties verantwoordelijk zijn voor het veranderen van het ene genoom in het andere. Dat is op verschillende manieren mogelijk. Dat wordt duidelijk bij het “muteren” van onderstaande getallenreeks[[1]](#footnote-1):



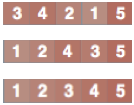
Reeks (1)

Om deze reeks om te zetten naar onderstaande reeks:



Reeks (2)

Kan je de volgende stappen doorlopen:



Reeks (1) kan worden omgezet in reeks (2) in twee stappen. Echter, deze manier is niet de enige manier waarop dat mogelijk is. Het ook mogelijk om de volgende stappen te doorlopen:



Een vraag die zou kunnen worden gesteld is of er een “beste pad” bestaat. In de biologie is het kortste pad vaak relevant, omdat dat de best beschikbare weergave is van de realiteit. Het is niet mogelijk om met zekerheid het daadwerkelijke verloop van de evolutie te reconstrueren, maar korte en directe paden zijn waarschijnlijker dan zigzagpaden (Hayes, 2007).

Vanwege dit principe is het doel niet om een willekeurig pad te vinden. Het doel is om het pad te vinden dat het genoom in zo min mogelijk stappen omzet en om het pad te vinden dat zo min mogelijk genen verplaatst bij het omzetten van het genoom. In dit artikel wordt dat specifiek onderzocht voor het veranderen van het genoom van de Drosophila Melanogaster in dat van de Drosophila Miranda. Daarnaast wordt dit getest bij het omzetten van 100 willekeurige genomen in dat van de Drosophila Miranda.

Het genoom van de fruitvliegen bestaat uit een reeks van 25 genen.

**2. Methodes**

**3. Resultaten**

In dit artikel is onderzocht wat het kortste pad en wat het kleinste pad is om het genoom van de Drodophila om te zetten in het genoom van Drosophila.

Case a: kortste pad van gegeven genoom 🡪 13 stappen + tijd +hoeveel dingen checkt ie

Case b: min, max, gemiddelde, SD (van stappen en tijd + hoeveel dingen checkt ie)

Case c: kleinste pad 🡪 88 (?) + tijd + hoeveel dingen checkt ie

Case d: min, max, gemiddelde, SD (van stappen en tijd + hoeveel dingen checkt ie)

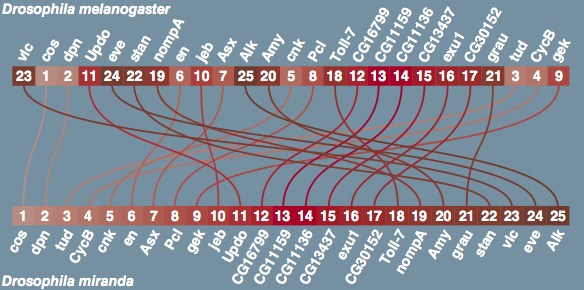
**4. Conclusie en Discussie**

**5. Referenties**

Hayes, B. (2007). Sorting out the genome. American Scientist, 95(5), 386.

Hoskins, R. A., Carlson, J. W., Wan, K. H., Park, S., Mendez, I., Galle, S. E., ... & Krzywinski, M. (2015). The Release 6 reference sequence of the Drosophila melanogaster genome. *Genome research*, *25*(3), 445-458.

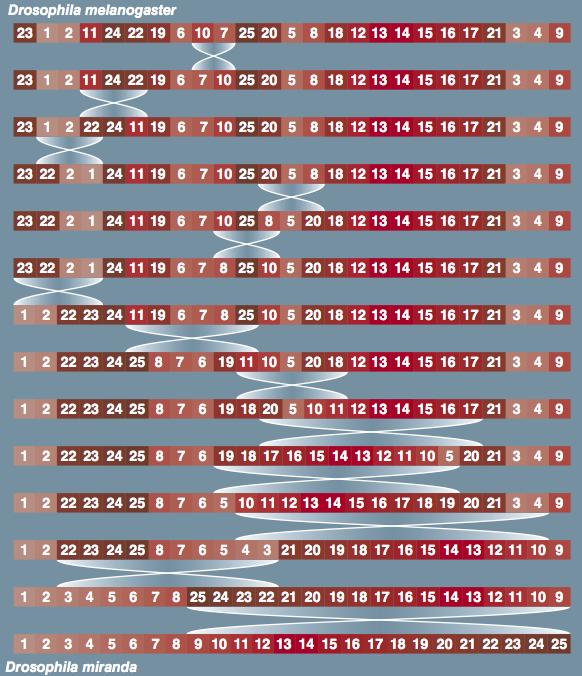
Bachtrog, D., & Andolfatto, P. (2006). Selection, recombination and demographic history in Drosophila miranda. *Genetics*, *174*(4), 2045-2059.



Afbeelding 1.



Afbeelding 2.



1. *Vanuit praktische overwegingen worden genen gerepresenteerd als getallen en daarom het genoom als een getallenreeks.* [↑](#footnote-ref-1)