

## Start FlyLab

<http://www.biologylab.awlonline.com>

**Starten** Sie einen Browser und gehen Sie zu der obigen Internetadresse!

Geben Sie Ihren Benutzernamen und Ihr Passwort ein!

Das Applet wird heruntergeladen; auf der Informationsseite klicken Sie auf „Start“

**Man kreuzt Fliegen in zwei Schritten:**

1. **Anklicken von „Design“, Merkmalsgruppe, gewünschte Mutation und „Select“.**

Entsprechend geht man für den anderen Partner vor.

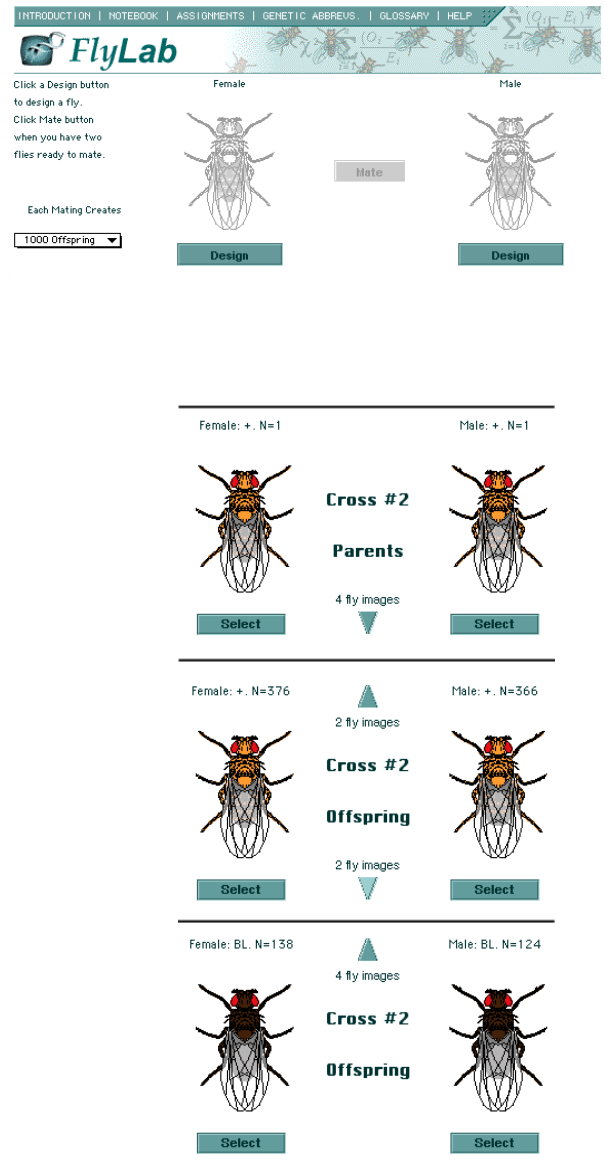
2. **Anklicken von „Mate“**

Das Ergebnis wird zunächst in Bildern angegeben, wobei je 2 Tiere zu sehen sind und man rauf- und runterblättern muss um die anderen zu sehen. Die Existenz weiterer Bilder kann man an den Pfeilen ablesen. Außerdem kann mit „Analyse Results“ eine tabellarische Darstellung mit oder ohne Geschlechtertrennung abrufen. Diese Tabelle kann in editierbarer Form in ein „Notebook“ übernommen und kommentiert werden.

Bei allen Kreuzungen heißen die gekreuzten Tiere „Parents“ und deren Nachkommen „Offspring“; während einer Arbeitssitzung werden alle Kreuzungen durchnummeriert.

Will man weiterkreuzen, kann man Tiere aus „Parents“ und aus „Offspring“ markieren. (Select)

Um eine neue Kreuzung anzusetzen, benutzt man Taste „New Mate“



# FlyLab

# Geninfos

## In FlyLab verwendete Gene und Informationen von Prof.Desharnais

Mutation		übliche Abkürz.	in FlyLab	Chromo- som	Position [cM]	dom/rez	letal
Yellow Body		y	Y	I-X	0,0	rec	no
White Eyes		w	W	I-X	1,5	rec	no
Crossveinless Wings	queraderlos	cv	CV	I-X	13,7	rec	no
Singed Bristles	versengt	sn	SN	I-X	21,0	rec	no
Tan Body	lohfarben	t	T	I-X	27,5	rec	no
Miniature Wings	kleine	m	M	I-X	36,1	rec	no
Sable Body	zobelfarben	s	S	I-X	43,0	rec	no
Scalloped Wings	mit Bogenrand	sd	SD	I-X	51,5	rec	no
Forked Bristles	gegabelt	f	F	I-X	56,7	rec	no
Bar Eyes	stabförmig	B	B	I-X	57,0	dom	no
Star Eyes	sternförmig	S	ST	II	1,3	dom	yes
Curly Wings	gerollt	Cy	CY	II	6,1	dom	yes
Dumpy Wings	plump	dp	DP	II	13,0	rec	no
Black Body		b	BL	II	48,5	rec	no
Purple Eyes		pr	PR	II	54,5	rec	no
Apterous Wings	flügellos	ap	AP	II	55,2	rec	no
Vestigial Wings	verkümmert	vg	VG	II	67,0	rec	no
Lobe Eyes	Ohrläppchen	L	L	II	72,0	dom	no
Curved Wings	gebogen	c	C	II	75,5	rec	no
Brown Eyes		bw	BW	II	104,5	rec	no
Sepia Eyes		se	SE	III	26,0	rec	no
Dichaete Wings	gespreizt	D	D	III	41,0	dom	yes
Radius Incompletus Wings		ri	RI	III	47,0	rec	no
Aristapedia Antennae	Bein statt Antenne	Ar	AR	III	47,5	dom	yes
Stubble Bristles	stoppelförmig	Sb	SB	III	58,2	dom	yes
Spineless Bristles	stachellos	ss	SS	III	58,5	rec	no
Ebony Body		e	E	III	70,7	rec	no
Eyeless Eyes		ey	EY	IV	2,0	rec	no
Shaven Bristles		sv	SV	IV	3,0	rec	no

## FlyLab

## Ergebnisse Mendel

### Mendel 1, Aufgabe 1

F<sub>1</sub>: L + + +

Interpretation:

- 1) Alle Tiere der F<sub>1</sub> sind gleich
- 2) Beim Merkmal lobe „dominiert“ die Mutation, bei allen anderen „dominieren“ die Wildvarianten
- 3) Die Ergebnisse sind unabhängig vom Geschlecht des mutierten Tieres.

1.Regel 1.Mendelsche Regel, Uniformitätsregel, Reziprozität

Kreuzt man reinerbige Individuen, die sich in einem Merkmal unterscheiden, so sind die Nachkommen in der Ausprägung dieses Merkmals gleich. Die Geschlechterverteilung spielt dabei keine Rolle. Die Variante, die sich ausprägt, nennt man „dominant“, die andere „rezessiv“

### Mendel 1, Aufgabe 2

dominant B, L  
rezessiv alle anderen  
abweichend letal: ST, CY, D, AR, SB. auf X: Y, W, CV, SN, T, M, S, SD, F

Die „abweichenden Ergebnisse“ aus Aufgabe 2 deuten auf letale Mutationen hin, bei denen keine homozygoten Tiere überleben können, oder auf geschlechtsgebundene (heute „gonosomale“) Vererbung. Morgan fand als erster diese Form der geschlechtsgebundenen Vererbung. Welche Gene liegen auf dem X-Chromosom, wenn Sie davon ausgehen, dass wie beim Menschen „XX“ ein Weibchen und „XY“ ein Männchen festlegt?

### Mendel 1, Aufgabe 3

1.Regel (**Aufspaltungsregel**)

Kreuzt man die Individuen der F<sub>1</sub> - Generation untereinander, so spalten die Merkmalsausprägungen im Verhältnis 3 : 1 auf.

Für jedes Merkmal liegt die Information („der Erbfaktor“, „das Gen“) zweifach vor.

Jede Keimzelle erhält (zufallsverteilt) nur 1 der 2 Gene des Elterntieres.

Die beiden Gene müssen nicht völlig identisch sein. Die möglichen Variationen nennt man „Allele“

### Mendel 1, Aufgabe 4

In F<sub>1</sub> sind alle „lobe“ „wildfarben“ (L +); In F<sub>2</sub> treten die Phänotypen im Verhältnis 9:3:3:1 auf.

Jede mögliche Allelkombination tritt mit gleicher Wahrscheinlichkeit auf.

Die Phänotypenverhältnisse ergeben sich aus der Dominanz von Allelen.

3. Regel (**Unabhängigkeitsregel**)

Die Gene für verschiedene Merkmale werden bei der Keimzellbildung unabhängig voneinander verteilt.

## FlyLab

## Ergebnisse Morgan

### Morgan 1, Aufgabe 5

#### Beobachtung und Interpretation

Die Phänotypen der F2 treten nicht im Verhältnis 9 : 3 : 3 : 1 auf.  
Neukombinationen treten seltener auf, als nach der Unabhängigkeitsregel zu erwarten wären.  
Die Unabhängigkeitsregel gilt offensichtlich nicht für alle Genpaare!!  
Gene, wie hier L und BL, die nicht unabhängig voneinander weitergegeben werden, nannte Th. H. Morgan (Forschungen 1910-1915; NP 1933) „gekoppelt“. Alle untereinander gekoppelten Gene bilden eine „Kopplungsgruppe“. Es zeigte sich, dass diese den Chromosomen entsprechen.

### Morgan 1, Aufgabe 6

#### Beobachtung

L und E: Alle Phänotypen sind gleich häufig.  
Die Gene mendeln unabhängig; das Geschlecht spielt keine Rolle.  
L und BL aus 6a: Keine Neukombination! Totale Kopplung bei der Spermatogenese  
L und BL aus 6b: Der Anteil der Rekombinanten „+“ und „L, BL“ beträgt ca. 0,187, also 18,7 %.  
Er ist kleiner als bei Unabhängigkeit zu erwarten gewesen wäre:  
Es gibt eine „Kopplung“, sie wird aber zu 18,7% aller Fälle durchbrochen. Wie??

#### Hypothese

Wir vermuten, dass die Stärke der Kopplung etwas mit dem Abstand der Gene zu tun hat.  
Wir definieren die Rekombinationshäufigkeit als Abstandsmaß („Morganeinheit“).  
Die Morganeinheiten zwischen allen Genpaaren liefern eine Information über die Anordnung der Gene, eine Genkarte. Erste Annahme: lineare Anordnung

Morgan 2, Aufgabe 7: siehe Geninfos

Morgan 2, Aufgabe 8: siehe Hafner, Hoff: Genetik. Schroedel 1995

## FlyBase

## Infos 1

**Gehen Sie in Ihrem Browser zu oben genannter Adresse.**

Von der Vielfalt der wissenschaftlichen Informationsangebote nicht irritieren lassen!!!

### Suchmethode 1:

Im Teilfenster den Gennamen eintragen:

### Ergebnis:

#	SymbolName	Map Location	Alleles	Stocks	Refs	DNA acc.	Match	Rept. size
1	<a href="#">b</a> black	<a href="#">34D1</a>	<a href="#">215</a>	<a href="#">306</a>	<a href="#">99</a>	<a href="#">23</a>	Full name= <b>black</b>	163420
2	<a href="#">BBV</a> Black Beetle Virus	-	-	-	<a href="#">21</a>	<a href="#">1</a>	Full name= <b>Black</b> Beetle Virus	1881
3	<a href="#">Bc</a> Black cells	<a href="#">54F5</a>	<a href="#">10</a>	<a href="#">34</a>	<a href="#">52</a>	<a href="#">15</a>	Full name= <b>Black</b> cells	21107
4	<a href="#">bleg</a> black leg	-	<a href="#">2</a>	-	<a href="#">3</a>	-	Full name= <b>black</b> leg	700
5	<a href="#">blp</a> black pearl	<a href="#">89A8</a>	<a href="#">7</a>	<a href="#">1</a>	<a href="#">7</a>	<a href="#">6</a>	Synonyms= <b>black</b> pearl	8801
6	<a href="#">r</a> rudimentary	<a href="#">14F5--15A1</a>	<a href="#">263</a>	<a href="#">4</a>	<a href="#">163</a>	<a href="#">38</a>	Synonyms=Su(b): Suppressor of <b>black</b>	302198
7	<a href="#">su(b)</a> suppressor of black	<a href="#">&lt;1B8</a>	<a href="#">13</a>	<a href="#">1</a>	<a href="#">11</a>	-	Full name=suppressor of <b>black</b>	13424

### Suchmethode 2:

„Search Genes“ anklicken und unter „field name“ nach „Symbol/synonym/name“ den Gennamen eintragen. (Diese Suchmethode ist im Schülermaterial zu FlyBase am Beispiel „vestigial“ ausführlich dargestellt)

### Weitersuche (in beiden Fällen ähnlich):

„Rep. DNA Sequence“ liefert die DNA-Sequenz.

„Map Location“ liefert eine zoombare Karte (s.u.) in der man mit den blauen Pfeilen navigieren kann und in der man mit dem Mauszeiger nach dem Gen sucht.

Dazu muss man sich die MapLocation bzw. die Angabe in Cytological Map gemerkt haben.

In diesem Fall (black) ist das Gen so klein, dass man erst zoomen und dann nach dem Locus 34D1 suchen muss.

Unten sieht man das kleine b-Gen, oben das ganze Chromosom mit Rekombinationsmaßen in cM und einer Gesamtlänge von 24 Mb, d.h. 24 Mio Basenpaaren.

### Zusatzinformationen:

- Bei „black“ gibt es verschiedene Lokalisierungen: 34D1 und 34D5-6
- Man beachte die Angabe zu Allelen: In der Schule gehen wir i.a. immer noch von 2 Allelen pro Gen aus.
- Unter „Rep. proteine sequence“ findet man die Sequenzen der exprimierten Gene im 1-Buchstaben-Code (Aminosäuren, 3- und 1-Buchstabencode auf der nächsten Seite)  
Welche Triplets werden bei Drosophila genutzt?

