

Aufgabe 1a:

Kreuzen Sie ein **Wildtyp**-Tier mit einem **in einem Merkmal mutierten Tier!**

Führen Sie auch die reziproken Kreuzungen durch! (d.h. male und female getauscht)

Beginnen Sie mit folgenden Mutationen:



Lobe Eyes

„lobe“

L



Vestigial

„verkümmert“

VG



Ebony

„ebenholzfarben“

E



Eyeless

„augenlos“

EY



Sepia

„sepiafarben“

SE

Kreuzung:

P x P:

L x +

VG x +

E x +

EY x +

SE x +

Beobachtung:

F₁:

Interpretation:

- 1)
- 2)
- 3)

1. Regel: (.....)

Begriffe / Schreibweisen:

Phänotyp – Genotyp

Merkmal – Merkmalsausprägung

Gen – Allel

dominant – rezessiv

Schreibweisen: phänotypisch: L x +
genotypisch: LL x ll oder LL x ++

Ein Buchstabe bezeichnet also ein Gen **oder** (seltener) einen Phänotyp!

Aufgabe 1b:

Kontrollieren Sie die Gültigkeit der 1. Regel mit anderen Mutanten!
 Notieren Sie die Dominanzverhältnisse (Mutation dominant oder rezessiv)
 und **die** Mutationen, die bei der Kreuzung andere Ergebnisse liefert als nach der Regel zu erwarten!

Einordnung der Mutationen:

- 1) „nach Mendel“ dominant:
- 2) „nach Mendel“ rezessiv:
- 3) mit „abweichenden Ergebnissen“

Aufgabe 2:

Kreuzen Sie die Nachkommen einer Kreuzung, die den Mendelschen Vorhersagen entspricht, untereinander:
 $F_1 \times F_1$! Hier wählt man für Männchen und Weibchen „Offspring“.

Die Ergebnisse lassen sich für diese und die folgenden Aufgaben besser analysieren,
 wenn man den Reiter „Analyse“ anklickt und in der Tabelle „**ignore sex of flies**“ wählt.

Beobachtung Tragen Sie die entsprechenden Zahlen aus Ihrer Simulation ein:

Ignore sex of flies
 Include a test of hypothesis

Results for Cross

Phenotype	Observed	Proportion
+		
BL		
Total		

aus Aufgabe 1 oder 2: \longrightarrow

2. Regel: (.....)

Interpretation:

Dihybride Kreuzungen = Kreuzungen mit 2 Merkmalen

Aufgabe 3:

Kreuzen Sie ein **lobe - Weibchen** mit einem **ebony - Männchen!** (Genotypen, Dominanz?)

Kreuzen Sie die erhaltenen Nachkommen untereinander ($F_1 \times F_1$)!

Beobachtung:

Interpretation:

3. Regel (.....)

Mendelsche Regeln nach Gregor Mendel, 1822-84, Klostermönch in Brünn; Publ. 1868; „wiederentdeckt“ 1900

Die „abweichenden Ergebnisse“

Aufgabe 4:

a) Unterteilen Sie die Mutationen mit „abweichenden“ Ergebnissen aus AG 1b nach der Art der „Abweichung“. Stellen Sie Hypothesen über die Ursachen der „Abweichungen“ auf!

b) Führen Sie die jeweils reziproken Kreuzungen durch. Beobachtung? Hypothesen?

1a) Mutation beim ♂

1b) Mutation beim ♀

2) Mutation beim ♂ oder ♀

Auswertung: **Thomas Hunt Morgan (1886-1945) fand als erster diese Form der Vererbung Welche Gene liegen auf dem X-Chromosom?**

Aufgabe 5:

Kreuzen Sie ein **lobe** - Weibchen mit einem **black** - Männchen! (Genotypen, Dominanz?)

Kreuzen Sie die erhaltenen Nachkommen untereinander! ($F_1 \times F_1$)

Beobachtung:

Interpretation:

Genauere Informationen liefert eine „Rückkreuzung“:

Man kreuzt ein **heterozygotes** Individuum mit einem **homozygot rezessiven** Individuum.
Dadurch wird die Verteilung der dominanten und rezessiven Allele **phänotypisch sichtbar**.

Aufgabe 6:

Führen Sie die Rückkreuzungen für die heterozygoten Tiere der F_1 - Generation aus den Kreuzungen **lobe** ♀ x **black** ♂ und **lobe** ♀ x **ebony** ♂ durch.

Aufgabe 6a: Das Männchen ist der heterozygote Kreuzungspartner!!**Aufgabe 6b: Das Weibchen ist der heterozygote Kreuzungspartner!!**

Bei welchen Tieren der F_2 ist zu erkennen, dass in ihren Eltern F_1 bei der Keimzellbildung eine Neukombination der Gene stattgefunden hat? Diese nennt man **Rekombinanten**, die anderen **Parentaltypen**.

Wieviel Prozent der „Offspring“ aus Aufgabe 6 sind Rekombinanten?

Wieviele wären nach Mendel zu erwarten?

Beobachtung:

Hypothese:

Die „Chromosomentheorie der Vererbung“ formuliert:

Die (abstrakten) Kopplungsgruppen von Th. H. Morgan entsprechen den (sichtbaren) Chromosomen!

Die Kopplung entspricht einer tatsächlichen physikalischen Molekülverbindung.

Der Kopplungsbruch wurde später molekular aufgeklärt und heißt dann „Crossover“

Die Analyse von Rekombinationshäufigkeiten liefert keinen Widerspruch zu der Hypothese, dass die Gene linear angeordnet sind!!

Aufgabe 7 (Gruppenarbeit):

Bestimmen Sie die Rekombinationshäufigkeiten weiterer Genpaare!

Benutzen Sie nur Merkmale / Gene, die in Aufgabe 2 uniforme F₁-Nachkommen hervorbrachten!

Falls die Rekombinationshäufigkeit bei 50% liegt, gehen Sie von Genen auf verschiedenen Chromosomen aus.

Kreuzung:

Eltern: (Phänotyp) _____ X _____
 (Genotyp) _____ X _____

Nachkommen:

Phänotyp	Genotyp	Anzahl	Anteil	Verhältnis

Daraus ergibt sich eine erste (relative) **Genkarte** von Drosophila - eine „Rekombinationskarte“!!

Aufgabe 8:

Vergleicht man bei der vermuteten Reihenfolge von drei Genen a - b - c die Abstände, so ergibt sich, dass a-b plus b-c größer ist als a-c!

Das Phänomen kann durch doppelte Kopplungsbrüche zwischen a und c erklärt werden, die bei der Rekombinationsanalyse von a-c nicht bemerkt werden.

(Vergleiche dazu Hafner, Hoff: Genetik (Schroedel-Verlag) oder andere Genetik-(Schul-)Bücher.)

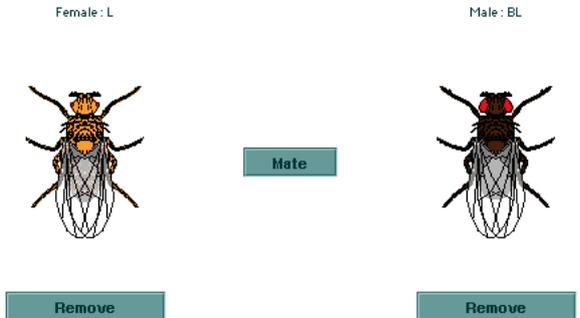
Präzisieren Sie Ihre Genkarte durch Einbeziehung von 3-Faktor-Kreuzungen! Vergleichen Sie Ihre Ergebnisse mit denen aus der Literatur oder Gendatenbanken wie <http://flybase.bio.indiana.edu>

Ergänzung:

Der Hinweis in Aufgabe 6 deutet daraufhin, dass bei Drosophila-Männchen (d.h. bei der Spermatogenese) **keine** Rekombination erfolgt, also eine **totale Kopplung** vorliegt. Nach der mir vorliegenden Literatur und der Einführung der Autoren von Virtual Fly Lab gibt es dafür bisher (2007) noch keine Erklärung.

Lösung zu Aufgabe 5: Kopplungsanalyse Lobe - Black

P x P



Beide homozygot ,
vom Programm vorgegeben

F1 aus (Female L) x (Male BL)

Phenotype	Number	Proportion	Ratio
Female: L	492	0.4876	1.000
Male: L	517	0.5124	1.051
TOTAL	1009		

Uniformität der F1 bestätigt,
auch bei dihybrider Betrachtung

F2 aus (Female L) x (Male BL)

Phenotype	Number	Proportion	Ratio
+	46	0.0481	1.000
L	670	0.7001	14.565
BL	192	0.2006	4.174
L, BL	49	0.0512	1.065
TOTAL	957		

Keine „Mendel-Aufspaltung“, sondern 14:4:1:1
Also Rückkreuzung zur Analyse erforderlich!

reziproke Rückkreuzungen

W heterozygot

Female: L, N=1



Cross #11

Parents

M homozygot rezessiv

Male: BL, N=1



W homozygot rezessiv

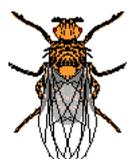
Female: BL



Mate

M heterozygot

Male: L



Rück L,Bl x l,bl (M)

Phenotype	Number	Proportion	Ratio
+	98	0.0953	1.000
L	404	0.3930	4.122
BL	423	0.4115	4.316
L, BL	103	0.1002	1.051
TOTAL	1028		

0,1955 = 19,55 % Rekombinanten.

Also Kopplung mit Genabstand ~ 19,55 cM

Rück bl,l x Bl,L (M)

Phenotype	Number	Proportion	Ratio
Female: L	252	0.2603	1.105
Male: L	243	0.2510	1.066
Female: BL	228	0.2355	1.000
Male: BL	245	0.2531	1.075
TOTAL	968		

Keine Rekombinanten.

Also totale Kopplung: In der Spermatogenese von Drosophila erfolgt kein Crossover.