

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:

L

+

+

+

+

Interpretation:

- 1) Alle Tiere der F₁ sind gleich
- 2) Beim Merkmal lobe „dominiert“ die Mutation, bei den anderen 4 „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“

Begriffe / Schreibweisen:

Phänotyp – Genotyp

Der Phänotyp beschreibt die erkennbare Auswirkung eines Gens: „Lobe“, „Black“
Der Genotyp besteht aus 2 Erbanlagen: L l oder L L oder bl bl

Merkmal – Merkmalsausprägung

Diese Begriffe beschreiben den Phänotyp!!
Die Merkmale sind „Augenform“, „Körperfarbe“, „Flügeladerung“ usw.
Merkmalsausprägung (MAP) ist die jeweilige Erscheinungsform: Lobe, Black usw.

Gen – Allel

Diese Begriffe beschreiben den Genotyp.
Ein Gen ist die Erbanlage für ein Merkmal, hier also L, bl, e: also „ein Buchstabe“
Ein Allel ist die „Version“, in der das Gen vorliegt: also groß- oder kleingeschrieben

dominant – rezessiv

Dominant kann nur ein Allel (genotypisch) oder eine MAP (phänotypisch) sein!!!
Die MAP Lobe ist dominant über die Wildform; L ist dominant über l (trivial nach Großschreibung)

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: **L**
 - 2) „nach Mendel“ rezessiv: **AP, BL, BW, C, DP, E, EY, PR, RI, SE, SS, SV, VG**
 - 3) mit „abweichenden Ergebnissen“ **letal: AR, CY, D, SB, ST.**
- auf X: B (dom), CV, F, M, S, SD, SN, T, W, Y**

Aufgabe 2:

Kreuzen Sie die Nachkommen einer Kreuzung, die den Mendelschen Vorhersagen entspricht, untereinander:
F₁ x F₁ ! Hier wählt man für Männchen und Weibchen „Offspring“.

Die Ergebnisse lassen sich für diese und die folgenden Aufgaben besser analysieren,
wenn man den Reiter „Analyze“ 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: **→**

2. Regel: (.....)

.....

.....

Interpretation: **(Aufspaltungsregel)**

Kreuzt man die Individuen der F₁ - 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“

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: In F_1 sind alle „lobe“ „wildfarben“ (L +); In F_2 treten die Phänotypen im Verhältnis 9:3:3:1 auf.

Interpretation: 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.

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 ♂ **gonosomal : uniforme F1**

1b) Mutation beim ♀ **gonosomal: weibliche Wildtypen und männliche Mutanten**

2) Mutation beim ♂ oder ♀ **homoz. letal; dominant; Mutanten der P-Gen. sind heterozygot!!**

..... **Ergebnis: 1 : 1 Wildtyp (rez.) und Mutanten**

Auswertung:

..... **Thomas Hunt Morgan (1886-1945) fand als erster diese Form der geschlechtsgebundenen Vererbung.**

..... **Welche Gene liegen auf dem X-Chromosom, wenn Sie davon ausgehen, dass „XX“ ein Weibchen und „XY“ ein Männchen festlegt? (wie beim Menschen)**

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: Die Phänotypen der F_2 treten nicht im Verhältnis 9 : 3 : 3 : 1 auf.

Interpretation: 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.

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:

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

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.)

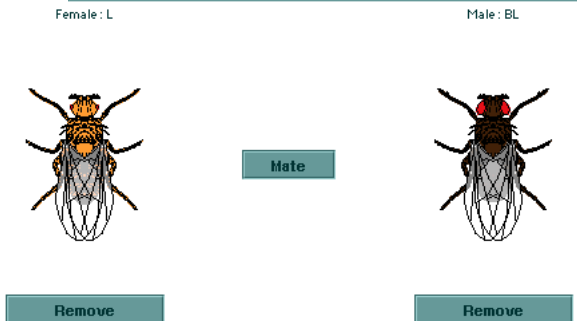
Präzisieren Sie Ihre Genkarte durch Einbeziehung von 3-Faktor-Kreuzungen! Vergleichen Sie Ihre Ergebnisse mit denen aus der Literatur oder Gendatenbanken wie <http://flybase.bio.indiana.edu>

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



M homozygot rezessiv

Male: BL, N=1



Cross #11

Parents

W homozygot rezessiv

Female: BL



M heterozygot

Male: L



Mate

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.