



In der Simulation „FlyLab“ kann man virtuell 29 Mutanten von **Drosophila** miteinander kreuzen (Nachkommen erzeugen) und aus der Anzahl der resultierenden Phänotypen die zugrundeliegende Genetik erschließen.

Drosophila melanogaster ist auch bekannt als Fruchtfliege, Schwarzbäuchige Taufliege

Die *Drosophila melanogaster* ist einer der am besten untersuchten Organismen der Welt. Denn die Taufliege gilt als ideales Versuchstier für genetische und entwicklungsphysiologische Forschungen.

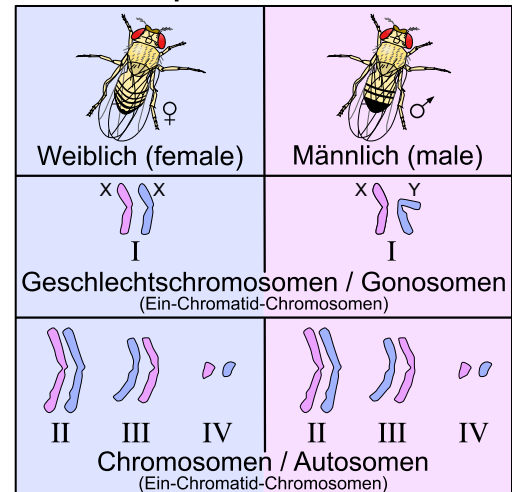
Voraussetzungen dafür sind ihre leichte Züchtbarkeit (in kleinen Gläsern), eine geringe Generationsdauer von etwa 10 Tagen und eine hohe Nachkommenzahl von etwa 400 pro Generation.

Das Erbmateriale besteht nur aus 4 Chromosomenpaaren, die in den Speicheldrüsen besonders groß als Riesenchromosomen ausgebildet sind.

(siehe Abbildung links)

Genetische Forschungen werden dadurch wesentlich vereinfacht.

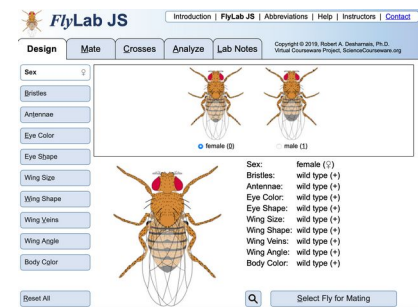
Drosophila Chromosomen



A.Spielhoff, [Drosophila Chromosomen](#), CC 0

Start der Drosophila-Kreuzungssimulation:

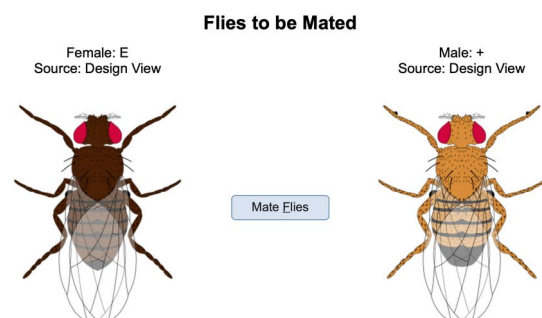
Zum Starten der Simulation musst du mit einem Browser und die Internetadresse: „www.sciencecourseware.org/FlyLabJS“ öffnen.



Taufliege in der Simulation kreuzen:

Man kreuzt die Taufliegen in der Simulation in vier Schritten:

1. Anklicken von „**Design**“, dort die Merkmalsgruppe mit der gewünschte Mutation auswählen und „**Select Fly for Mating**“ anklicken. (Die Mutation wird im Fliegenbild angezeigt)
2. Unter den zweiten Fliege „**Design Fly**“ auswählen.
3. Die zweite Fliege mit den gewünschten Merkmalen auswählen und wieder „**Select Fly for Mating**“ anklicken.
4. Klicke anschließend auf „**Mate Flies**“ um die beiden Fliegen zu kreuzen.

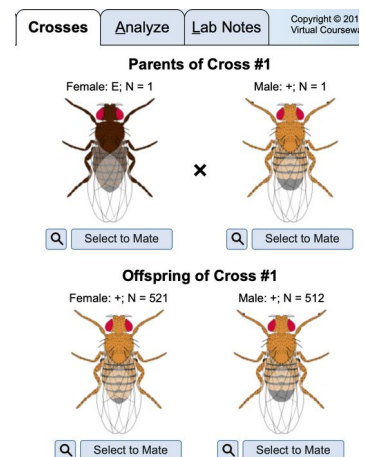


Ergebnis der Kreuzung ansehen:

Unter „**Crosses**“ kann das Ergebnis als Bilder angesehen werden, wobei die Eltern (**Parents**) (P-Generation) und zwei Nachkommen (**Offspring**) (F₁-Generation) zu sehen sind. Bei vielen verschiedenen Nachkommen muss man rauf- und runterblättern, um alle Nachkommen ansehen zu können.

Hinter Female (weiblich) und Male (männlich) steht die Anzahl N der Nachkommen der F₁-Generation mit den dargestellten Aussehen (Phänotyp).

Während einer Arbeitssitzung werden alle Kreuzungen durchnummeriert.

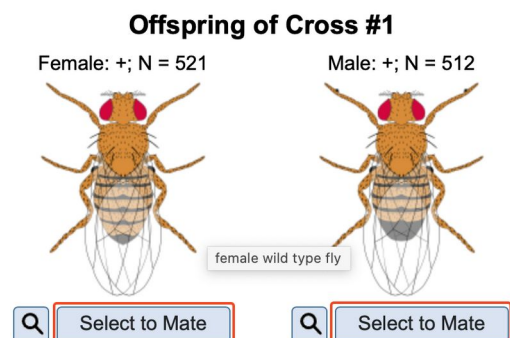


Rückkreuzung (Die Nachkommen der ersten Kreuzung untereinander kreuzen):

Die Nachkommen der F₁-Generation kreuzt man, indem man bei den entsprechenden Tieren „**Select to Mate**“ (rot umrandet) anklickt.

Anschließend kreuzt man die Nachkommen F₁-Generation der indem man wieder „**Mate Flies**“ anklickt.

Bei vielen verschiedenen Nachkommen der Rückkreuzung muss man eventuell rauf- und runterblättern, um alle Nachkommen ansehen zu können.



Ergebnisse der Rückkreuzung leichter Analysieren:

Unter „**Analyze**“ kann man eine tabellarische Darstellung mit oder ohne Geschlechtertrennung abrufen.

Um das Geschlecht auszublenden, wähle

„☒ Ignore sex of flies“.

☒ Ignore sex of flies ☐ Include a test of hypothesis

Results for Cross #2

Phenotype	Observed	Proportion
+	743	0.7482
E	250	0.2518
Total	993	1.0000

Add Results to Lab Notes

Ergebnisse in einem Laborjournal speichern:

Unter dem Punkt

„**Add Results to Lab Notes**“ kann man die Ergebnisse in einem Laborjournal übernehmen, kommentiert und als Website abgespeichert werden.

Export as Web Page Lab Notes for February 18, 2022

Results for Cross #2

Phenotype	Observed	Proportion
+	743	0.7482
E	250	0.2518
Total	993	1.0000

Rückkreuzung Wildtyp und ebony. Zahlenverhältnis ca. 3:1

Einordnung der Mutationen:

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

