

# 果蝇杂交实验设计

专    业：           生物技术            
姓    名：           董承志            
学    号：           19331027

## 果蝇的单因子杂交实验

### 一、实验原理

孟德尔分离定律即一对基因在杂合状态下互不影响，各自保持相对的独立性，而在形成配子时，就互相分开，并按原样分配到不同的配子中。

一般情况下，理论上配子的分离比是 1:1，子二代分离比是 1:2:1，若显性完全，F<sub>2</sub> 表型分离比是 3:1。杂种后代分离出来的隐性基因纯合体和原来隐性亲本在表型上是一样的。

单因子杂交是指一对等位基因间的杂交。野生型果蝇翅形为长翅（+/+），突变型果蝇翅形为残翅（vg/vg）。vg 的基因座位于第二染色体 67.0，对长翅（+）完全隐性。

用长翅果蝇与残翅果蝇杂交，子一代（F<sub>1</sub>）都是长翅。子一代系内交配，子二代（F<sub>2</sub>）产生形状分离，长翅:残翅为 3:1。F<sub>1</sub> 的基因型为  $\frac{1}{2}^{+}_{e}$ （长翅），雌雄均可产生两种配子 + 和 vg，并各占 1/2。用棋盘格表示杂交实验的配子（表 1-1），由于长翅对残翅完全显性，在表 1 中基因型  $\frac{1}{4}^{+}_{+}$  和  $\frac{1}{4}^{+}_{e}$  的表型均为长翅，基因型  $\frac{1}{4}^{e}_{e}$  则为残翅，所以在 F<sub>2</sub> 群体中，长翅与残翅理论比值为 3:1，F<sub>2</sub> 群体数越大越接近理论比值。

表 1 果蝇单因子杂交实验的配子及双翅形状遗传

F1♀配子 \ F1♂配子	$\frac{1}{2}^{+}$	$\frac{1}{2}vg$
$\frac{1}{2}^{+}$	$\frac{1}{4}^{+}_{+}$ 长翅	$\frac{1}{4}^{+}_{vg}$ 长翅
$\frac{1}{2}vg$	$\frac{1}{4}^{+}_{vg}$ 长翅	$\frac{1}{4}^{vg}_{vg}$ 残翅

## 二、实验方法步骤

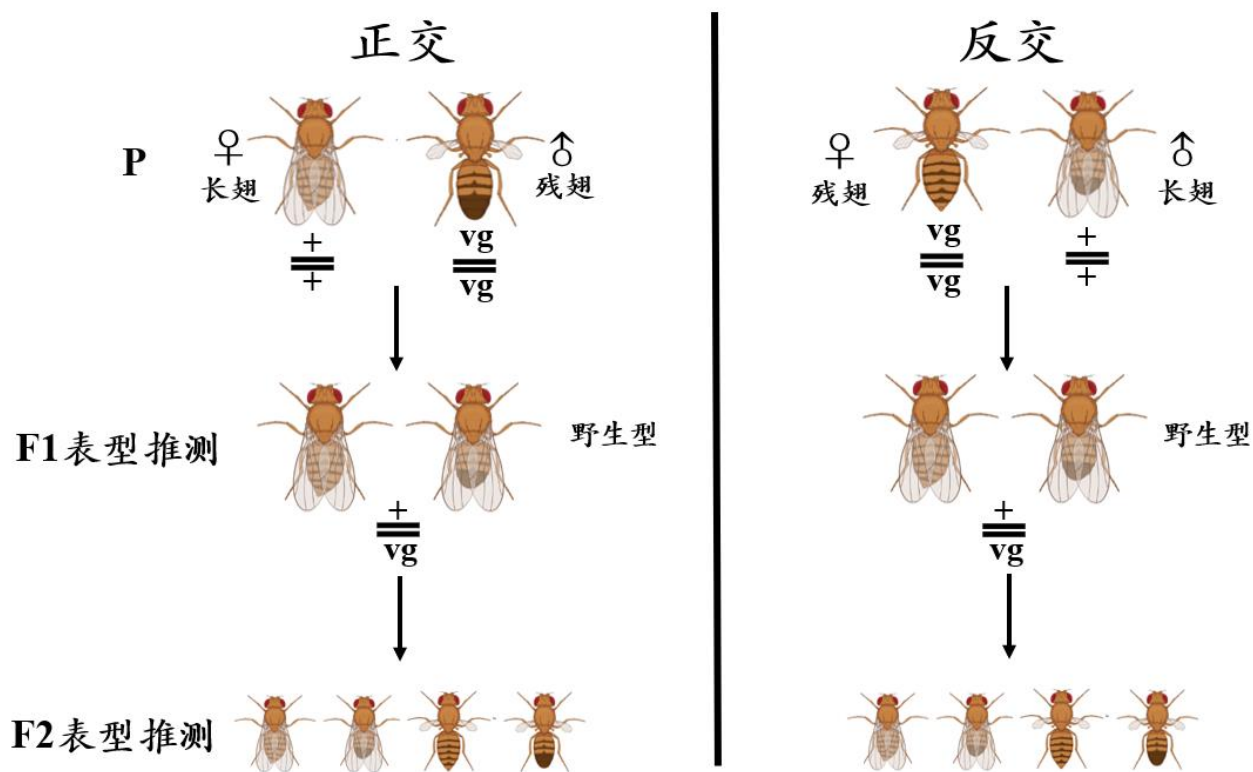


图1 果蝇单因子杂交实验设计

- 1) 选用 18#野生型长翅和 2#突变型残翅果蝇为杂交亲本（雌蝇一定要选处女蝇）。亲本饲养 2 周后倒掉成虫，并在 12h 内把新羽化的成虫倒出来，麻醉后放在白瓷板或硬纸板上把雌、雄蝇分别挑出。
- 2) **正交组合：**野生型长翅（♀）×突变型残翅（♂）。  
**反交组合：**野生型长翅（♂）×突变型残翅（♀）。
- 3) 培养 7d 后把亲本果蝇成虫全部倒出处死。
- 4) 再过 7d 把 F1 成蝇转移到经过消毒的空瓶进行适度麻醉，观察 F<sub>1</sub> 翅形变化，并记录观察结果。把 5-6 对麻醉的 F1 成虫倒入另一培养瓶，正反交各转一瓶，标明 F1 雌性品系号×雄性品系号。
- 5) 过 7d，把 F1 成虫全部倒出处死，已有卵和幼虫的培养基放回培养箱中继续培养。
- 6) 再过 7d 开始观察 F2 代成虫，可以连续观察 7d 左右，记录观察结果。

## 三、实验结果预测

正、反交 F<sub>1</sub> 代果蝇的表型翅形均为长翅，证明果蝇的单因子杂交实验中长翅基因（+）表现为显性，而残翅基因（vg）则表现为隐性。

正、反交 F<sub>2</sub> 代果蝇的表型翅形既有长翅，也有残翅，表示 F<sub>2</sub> 代发生性状分离。且在 F<sub>2</sub> 群体中，长翅与残翅的实际比值接近 3:1， $\chi^2$  测验中  $P > 0.05$ ，理论值与观察值无显著差异，说明观察值符合假设。

## 果蝇两对基因的自由组合实验

### 一、实验原理

由非同源染色体上的两对基因所决定的两对相对性状，在杂种第二代是自由组合的。根据孟德尔第二定律，一对基因的分离与另一对（或另几对）基因的分离是独立的。一对基因所决定的性状在杂种第二代 3:1，两对不连锁的基因所决定的性状，在杂种第二代就呈 9:3:3:1。黑檀体果蝇（*e*）的体色乌黑，*e* 的基因座位是 3 号染色体 70.7。与 *e* 相对应的野生型是体色灰黄。残翅果蝇 *vg* 的双翅几乎没有，只能看到少量残迹，*vg* 的基因座位是 2 号染色体 67.0。与 *vg* 相对应的野生型是长翅。由于 *e* 和 *vg* 在非同源染色体上，两对基因杂种在形成生殖细胞时，会产生 4 种不同类型的配子，其比例为 1:1:1:1。如子一代系内近交，4 种 ♂ 配子和 4 种 ♀ 配子可形成 16 种组合的合子。其中 9 种组合为灰身长翅，3 种组合为黑身长翅，3 种组合为灰身残翅，1 种组合为黑身残翅。

表 2 果蝇两对基因自由组合实验的配子组合类型

	<i>+/+</i>	<i>+/e</i>	<i>vg/+</i>	<i>vg/e</i>
<i>+/+</i>	<i>+/+ +/+</i> 灰身长翅	<i>+/+ +/e</i> 灰身长翅	<i>+/vg +/+</i> 灰身长翅	<i>+/vg +/e</i> 灰身长翅
<i>+/e</i>	<i>+/+ +/e</i> 灰身长翅	<i>+/+ e/e</i> 黑身长翅	<i>+/vg e/+</i> 灰身长翅	<i>+/vg e/e</i> 黑身长翅
<i>vg/+</i>	<i>+/vg +/+</i> 灰身长翅	<i>+/vg e/+</i> 灰身长翅	<i>vg/vg +/+</i> 灰身残翅	<i>vg/vg +/e</i> 灰身残翅
<i>vg/e</i>	<i>+/vg +/e</i> 灰身长翅	<i>+/vg e/e</i> 黑身长翅	<i>vg/vg +/e</i> 灰身残翅	<i>vg/vg e/e</i> 黑身残翅

## 二、实验方法步骤

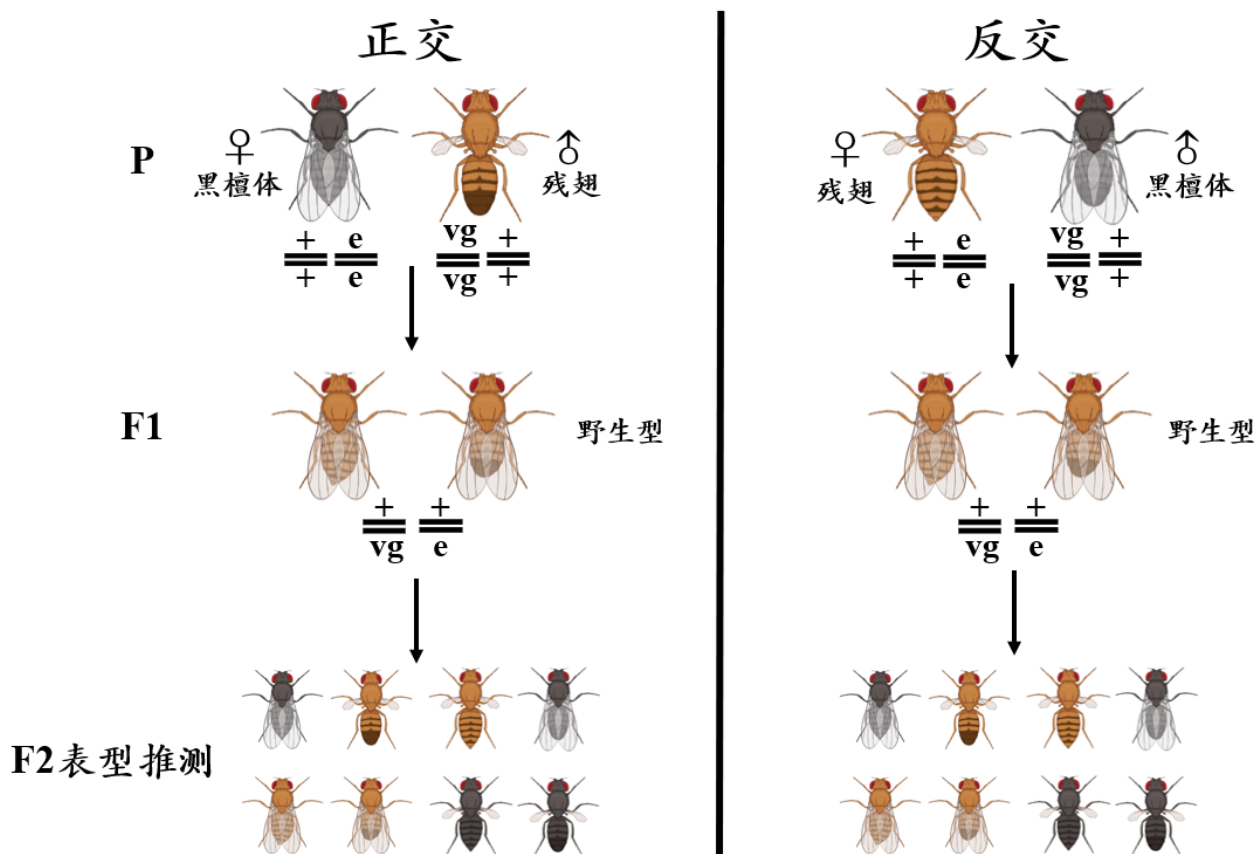


图2 果蝇两对基因的自由组合实验设计

- 1) 本实验选用e黑檀体突变型和2#残翅突变型果蝇为杂交亲本。亲本饲养2周后倒掉成虫，并在12h内把新羽化的成虫倒出来，麻醉后放在白瓷板或硬纸板上把雌、雄蝇分别挑出。
- 2) 正交：黑檀体突变型（♀）×残翅突变型（♂）。  
反交：残翅突变型（♀）×黑檀体突变型（♂）。
- 3) 过7d后观察到F1幼虫出现，将亲本倒出处死。
- 4) 再过7d，观察F1成虫的性状。如果杂交成功，正、反交F1成虫均是灰身長翅。若性状不符，则为假杂种。在成功的组合中挑选 5~6 对 F1 成蝇转到新培养瓶中继续培养。
- 5) 过7d后将F1成虫倒出处死，再过7d，F2成虫出现，麻醉后连续观察性状7d，将每次观察的结果记录到表格中。

## 三、实验结果预测

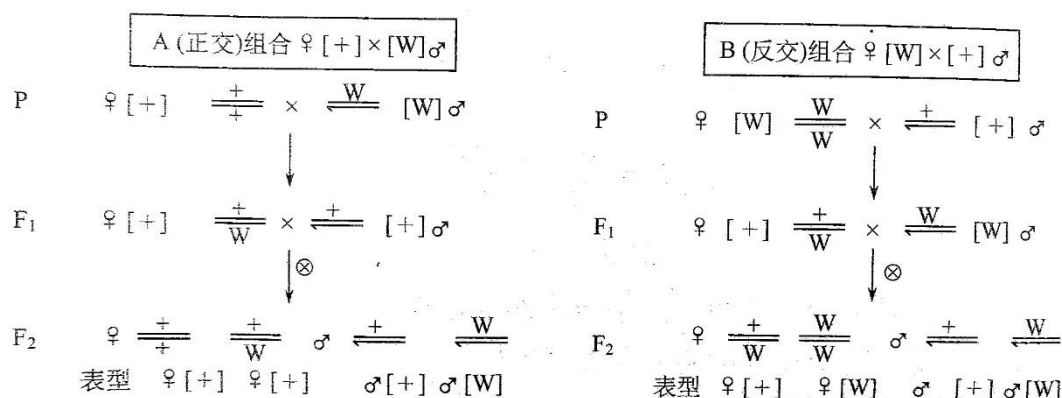
结果预测为 F2 代表型比例为：灰身長翅:黑身長翅:灰身残翅:黑身残翅 = 9:3:3:1，且  $P > 0.05$ ，实验结果符合两对因子自由组合假说。

## 果蝇的伴性遗传实验

### 一、实验原理

位于性染色体上的基因所控制的性状遗传方式叫伴性遗传。果蝇的性染色体是 XY 型，雄蝇是 XY，雌蝇是 XX。通过对果蝇眼色的研究，可以观察到果蝇眼色性状的遗传和性别有密切的关系，可以知道控制果蝇眼色的基因位于 X 染色体上。选取野生型红眼和突变型白眼的杂交结果如下：

由遗传图解可以看出，正交和反交后代 F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 的形状表现是不同的，表明性染色体和常染色体基因遗传方式的差别。而且从结果可以看出，子代雄性个体的 X 染色体均来自母本，父本的 X 染色体总传递给雌性个体，这是伴性遗传一个重要的特征。



### 二、实验方法步骤

- 1) 本实验选用 e 野生型红眼和 22# 突变型白眼果蝇为杂交亲本。
- 2) **正交：**红眼 (♀) × 白眼 (♂)。  
**反交：**白眼 (♀) × 红眼 (♂)。
- 3) 把正反交组合放在 25℃ 培养箱中培养，7d 后见到 F<sub>1</sub> 幼虫出现，倒干净亲本果蝇成虫并处死。
- 4) 再过 7d，观察 F<sub>1</sub> 成虫性状，记录观察结果，注意分析正反交后代眼色和性别的关系。正反交组合各挑选 3-5 对 F<sub>1</sub> 成虫转入新的培养瓶中饲养。
- 5) 7d 后倒干净 F<sub>1</sub> 的成虫并处死。
- 6) 再过 7d 后 F<sub>1</sub> 成虫出现，把成虫转到另一空瓶，麻醉后观察眼色和性别，把观察结果记录下来。可连续观察和累积 7d 的数据。

### 三、实验结果预测

正交组合:F<sub>1</sub> 代雌雄均为野生型红眼，F<sub>1</sub> 系内近交得 F<sub>2</sub>，雌性全是野生型红眼，雄性野生型红眼:白眼=1:1。

反交组合:F<sub>1</sub> 代雌性为野生型红眼，雄性为白眼。F<sub>1</sub> 系内近交得 F<sub>2</sub>，雌性野生型红眼:白眼=1:1，雄性野生型红眼:白眼=1:1。

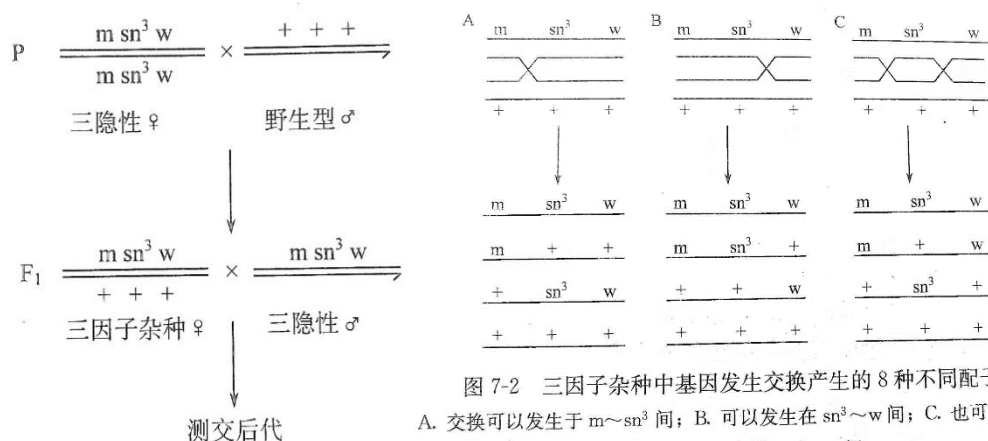
进行  $\chi^2$  检验， $P > 0.05$ 。

## 果蝇的三点测交与遗传作图实验

### 一、实验原理

基因间的连锁互换使子代出现一定数量的重组型，重组型出现的多少反映基因间发生交换的频率高低。根据基因在染色体上直线排列的原理，基因间距离越远，期间发生交换的可能性越大，即交换频率越高；反之则小，交换频率低。因此可用交换值的大小来表示基因间距离长短。

本实验通过对同一染色体上 3 个非等位基因的交换行为来验证基因在染色体上直线排列。选取野生型果蝇（长翅、直刚毛、红眼）和三隐性果蝇（短翅、卷刚毛、白眼）杂交，制成三因子杂种，再把雌性杂种和三隐性个体测交，在测交后代中由于基因交换可得到 8 种不同表型。这样一次实验可测出 3 个连锁基因在染色体上的距离和顺序，叫做三点测交。测交方式及产生配子的类型：



### 二、实验方法步骤

- 1) 本实验选用 18# 野生型果蝇 (+++) 红眼、长翅、直刚毛和 6# 三隐性果蝇 ( $m sn^3 w$ ) 白眼、短翅、卷刚毛为杂交亲本。
- 2) 将挑选到的三隐性雌蝇和野生型雄蝇各 3~5 只放入同一培养瓶中，贴好标签，放入 25℃ 培养箱培养。
- 3) 过 7d 后观察到 F1 幼虫出现，将亲本倒出处死。
- 4) 再过 7d，F1 成虫出现，适度麻醉后观察 F1 成虫的性状。可发现 F1 雌蝇都是野生型表型，雄蝇都是三隐性。选 20-30 对果蝇放到新的培养瓶中继续杂交，每瓶 5-6 对。
- 5) 过 7d 后 F2 幼虫出现，将 F1 成虫倒出处死。
- 6) 再过 7d，F2 成虫出现，麻醉后观察眼色、翅形、刚毛，可持续观察 7d，记录观察结果。

### 三、实验结果预测

根据基因连锁和基因重组定律预测结果，大部分测交后代果蝇性状为亲本性状，长翅红眼直刚毛和短翅白眼卷刚毛，而且两种性状的雌雄数量比约为 1:1。同时，有少量重组性状的出现，共有 6 种重组的性状组合，可能出现其中几种或全部，根据性状重组的果蝇数量可以计算三个基因的位置与距离。