

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

Sie sehen eine Seite mit einer Fülle wissenschaftlicher Links, die meisten nur für Spezialisten.

„If you are new to flies“ liefert eine Liste von Projekten, unter denen sich Virtual FlyLab befindet.

Darüberhinaus könnten sich ein Ausflug zu <http://www.ceolas.org/fly/intro.html> lohnen.

Dort wird u.a. ein sehr kurzer, verständlicher Überblick über Drosophila geboten.

Vorgeschlagene Suchmethode: (andere Vorgehensweisen führen auf anderen Wegen zu denselben Daten)

1 „Search Genes“ anklicken; es erscheint:

- Wählen Sie als „field name“ „Symbol/synonym/name“ und tragen Sie den Gennamen ein.

FlyBase Gene Query Form

Select field name and enter values: ?

Symbol/synonym/name matches ebony
 AND ?
 Symbol/synonym/name matches

- „submit“ liefert den Überblick „FlyBase Genes query results“:

FlyBase Genes query results

[Batch download](#)

Query: ([libs={FBgn PFgn}-syn:ebony] or [libs-gen:ebony]) and [libs-org:Dmel], No. matches= 3
 Bookmark [FBquery: \(\[libs={FBgn PFgn}-syn:ebony\] | \[libs-gen:ebony\]\) & \[libs-org:Dmel\]](#)

#	Symbol	Name	Map	Alleles	Stocks	Refs	DNA acc.	Date
1	e	ebony	93D1	41	730	127	13	15 Oct 03
2	eap	ebony activating protein	68F6	1	-	3	7	15 Oct 03
3	l(3)e	lethal on ebony	-	2	15	2	-	15 Oct 03

- Ein Klick auf „e“ liefert die Geninformation „FlyBase Report“:

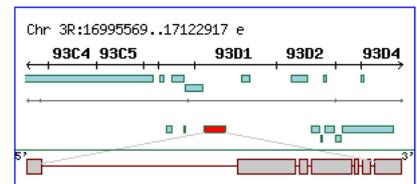
FlyBase Report

Synopsis of Gene *e*

Symbol *e* Full name *ebony* FlyBase ID FBgn0000527
 other [Synonyms](#) Date 15 Oct 03

GENOMIC ORGANIZATION

Chromosome arm 3R
 Cytogenetic map [93D1](#)
 Scaffold [AF003734](#)
 Recomb. map [3-70.7](#)



[Gene region map](#)

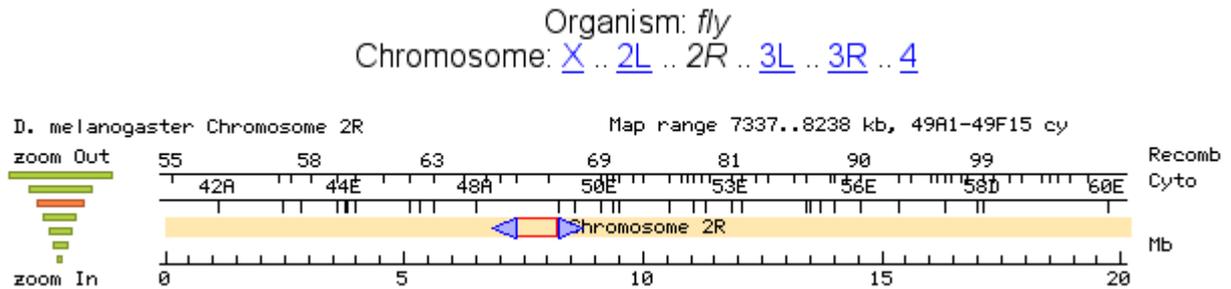
GENE PRODUCT

[Proteins & Transcripts](#)

Polypeptides [e⁺P879](#) (87) aa
 Transcripts [e⁺R3.2](#)

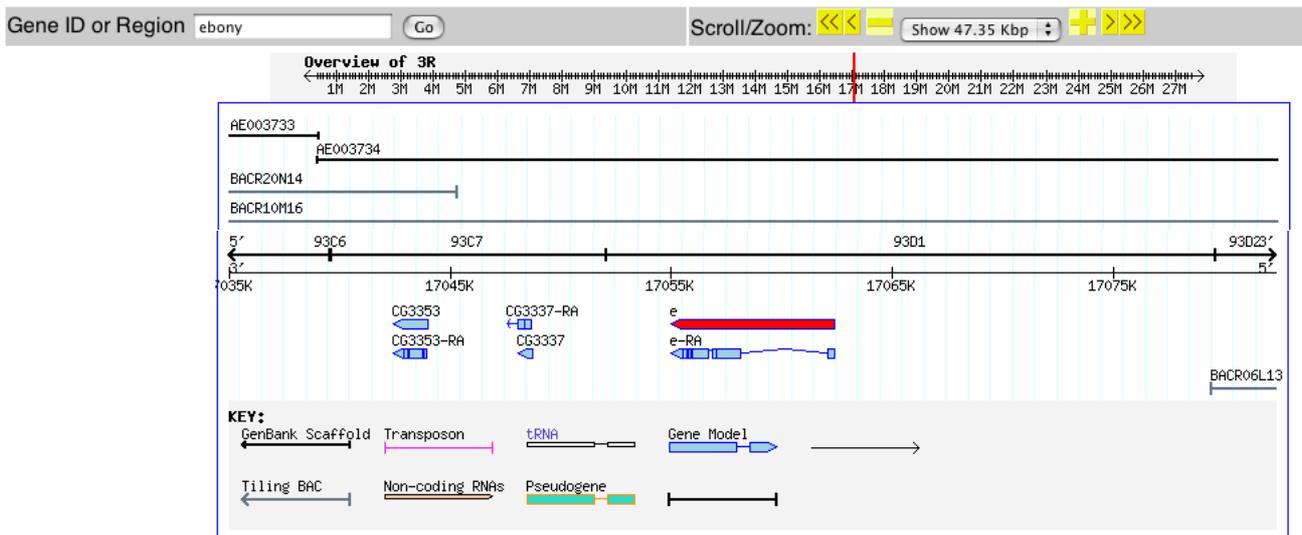
- Unter „Genomic Organization“ und „Recomb. map“ wird Ihr Lokalisierungsergebnis aus FlyLab bestätigt oder widerlegt.
- Ein Klick auf „Proteins & Transcripts“ und/oder das Polypeptidkürzel und dann auf „DNA accessions“ liefert genaue Daten über DNA-Sequenz, charakteristische Abschnitte wie TATA-Boxes, Exons und Introns sowie ggfs. die Polypeptidsequenz des Transkripts.
- Weiter unten - hier nicht gezeigt - finden Sie
 - unter „Expression & Phenotypes“ Informationen über die Gewebe bzw. Organe, in deren Zellen das Gen exprimiert wird.
 - unter „Mutants affect“ die betroffenen Organe.

2 Klicken Sie auf die Angabe zur „Cytogenetical Map“, so erhalten Sie folgendes Bild:

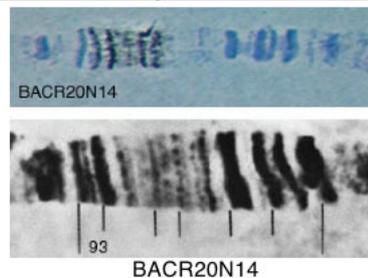


- Das ist ein Überblick über den entsprechenden Chromosomenabschnitt, hier 2R, also „2 right“. Die blauen Pfeile grenzen den darunter vergrößerten Chromosomenteil ab und dienen zum Scrollen.
- Unter dem Mauszeiger werden die Kerndaten jeden Gens vergrößert dargestellt. Auf diese Weise finden Sie schnell das gesuchte Gen.

3 Alternativ können Sie unter der kleinen Genkarte im Report eine „Gene Region Map“ aufrufen. Sie liefert eine ähnliche Grafik wie oben, aber zusätzlich Fotos von Riesenchromosomen mit einzelnen Genregionen:



Tiling BAC in situ Image:



3 Beliebige viele Informationen sind abrufbar; vielleicht suchen Sie einmal nach dem zugehörigen Protein? (unter „Rep. proteine sequence“ im FlyBase Report oder wie oben angegeben) Deren Sequenzen sind allerdings im „Ein-Buchstaben-Code“ angegeben, der in der Schule i.a. nicht benutzt wird. Eine Übersetzung aus dem „Drei-Buchstaben-Code“ (z.B. Tyr) finden Sie in den meisten Genetikbüchern oder im Netz.

Aufgabe 1:

Suchen Sie die Gene, die Sie in FlyLab (oder im Schulbuch) bearbeitet haben!

Vergleichen Sie die Loci (Rec Map) mit denen in FlyBase (Recomb. Map)!

Versuchen Sie ggfs. in FlyLab die Abstände durch 3-Faktor-Kreuzungen genauer zu bestimmen!

Aufgabe 2:

Vergleichen Sie die Längen der bearbeiteten Gene, die Anzahl der codierten Proteine und die Lage zu anderen Genen!

Wie einheitlich, d.h. „sicher“ oder wie heterogen sind die Daten?

Lässt sich alleine aus diesen Quellen etwas über die Bedeutung einzelner Gene aussagen?

Aufgabe 3:

Suchen Sie zu einzelnen Genen die zugehörigen DNA-Sequenzen.

Können Sie Abschnitte erkennen, deren Bedeutung aus dem Unterricht bekannt ist?
(TATA-Boxen, Schnittstellen für Restriktionsenzyme o.ä.)

Aufgabe 4:

Überprüfung des von Drosophila benutzten genetischen Codes.

- Besorgen Sie sich im Netz oder einem Buch die Übersetzung des „Einbuchstabencodes“ in den „Dreibuchstabencode“ von Aminosäuren sowie den „genetischen Code“ DNA \leftrightarrow Aminosäuren.
- Übersetzen Sie per Hand einige Dutzend Aminosäuren des Proteins (Genproduktes) in eine DNA-Sequenz.
- Suchen Sie den entsprechenden Abschnitt in der DNA-Sequenz:

Dazu müssen Sie erste Schritte der Bioinformatik anwenden:

(Falls die Anfänge nicht übereinstimmen - wovon man nicht ausgehen kann!!)

Kopieren Sie die komplette DNA-Sequenz des Gens in Ihr Textverarbeitungsprogramm per „Copy and Paste“

Geben Sie 3 - 10 Nucleotide Ihrer „Handübersetzung“ in einen Suchstring ein und lassen Sie suchen. Lassen Sie weitersuchen, um eventuelles mehrfaches Auftreten Ihrer Suchsequenz zu erkennen.

Wie lang muss Ihre Suchsequenz sein um eindeutige Ergebnisse zu liefern?

Welche der möglichen Triplets werden von Drosophila genutzt?

Erläutern Sie den Zusammenhang zur PCR!

(Polymerase-Chain-Reaction zur Vervielfältigung einzelner DNA-Abschnitte)

Aufgabe 5:

Suchen Sie selbst nach weiteren Fragen, die von FlyBase beantwortet werden können!