

# 果蝇小翅·残翅基因作用探究

郭彦 杨洪双 于威 (聊城大学生命科学学院, 山东聊城 252059)

**摘要** [目的] 探究果蝇小翅与残翅基因间的作用关系。[方法] 利用果蝇2种不同翅型的突变体进行杂交, 找出小翅、残翅基因同时存在个体, 观察其翅的表型, 同时对翅的分离比进行推测, 研究果蝇小翅与残翅基因间的作用关系。[结果] 正反交果蝇的表现型不相同。果蝇的小翅品系和残翅品系的正交组合的杂交后代F<sub>1</sub>雌、雄全部为长翅, 而反交组合的雌蝇为长翅, 雄蝇为小翅。F<sub>2</sub>的翅型有长翅、小翅、残翅3种, 小翅、残翅基因同时存在的个体表型为残翅, 并且翅型分离比均为长翅:小翅:残翅=3:3:2。[结论] 残翅基因对小翅基因具有遮盖作用。

**关键词** 果蝇; 小翅; 残翅

中图分类号 Q963 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2009)05-02012-02

## Exploration on Function of Winglet Gene and Vestigial Wing Gene of *Drosophila melanogaster*

GUO Yan et al (College of Life Science, Liaocheng University, Liaocheng, Shandong 252059)

**Abstract** [Objective] The aim was to explore the action relation between the winglet gene and vestigial wing gene of *Drosophila melanogaster*. [Method] The *D. melanogaster* mutants with 2 different wing types were hybridized and the phenotype of the individuals with winglet gene and vestigial wing gene were observed. Moreover, the segregation ratio of the wings was conferred and the action relation between the winglet gene and vestigial wing gene of *D. melanogaster* was studied. [Result] The phenotype of *D. melanogaster* hybrids from the orthogonal and reciprocal combination were different. The females and males of the hybrid progeny F<sub>1</sub> from the orthogonal combination of the winglet strains and vestigial wing strains of *D. melanogaster* all had long wings, but the *D. melanogaster* females of the reciprocal combination had long wings and the males had winglet. The wing types of F<sub>2</sub> were 3 species and they were long wing, winglet and vestigial wing. The phenotype of the individuals with winglet gene and vestigial wing gene was vestigial and the segregation ratios of the phenotype were all long wing:winglet:vestigial wing=3:3:2. [Conclusion] The vestigial wing gene had shaded effect on the winglet gene.

**Key words** *Drosophila melanogaster*; Winglet; Vestigial wing

果蝇是遗传学研究中较好的实验材料, 果蝇有很多突变型, 并且大多数都是形态方面的变异, 若能较好地利用这些突变体进行果蝇杂交实验, 既可以验证遗传定律, 又可使学生发挥想象, 通过一次实验设计进行多个遗传定律的验证, 尤其是对基因互作方面的研究具有重大意义。笔者利用2种不同翅型的突变体进行杂交, 借助其他性状找出小翅(*msnw*)、残翅(*wevg*)基因同时存在个体, 观察其翅的表型, 同时对翅的分离比进行推测, 最终找出小翅、残翅基因的作用。

### 1 材料与方 法

**1.1 供试材料** *msnw* 和 *wevg* 品系均来自于聊城大学生命科学学院遗传学实验室。

**1.2 果蝇杂交后代的培养** 光照培养箱中, 温度25℃, 湿度60%~75%, 光照12 h/d 条件下培养。遗传杂交试验方法参照刘祖洞等方法<sup>[1]</sup>。

正交 (*wevg* × *msnw*) → F<sub>1</sub> 自交 → F<sub>2</sub> 数据观测  
反交 (*msnw* × *wevg*) → F<sub>1</sub> 自交 → F<sub>2</sub> 数据观测

图1 遗传杂交试验正反交方法

Fig.1 The reciprocal crosses methods of hereditary cross experiments

对计算实际观察值与理论观察值进行卡方检验<sup>[2]</sup>。

### 2 结果与分析

**2.1 *wevg* × *msnw* 及 *msnw* × *wevg* 正反交 F<sub>1</sub> 分析** 通过观察果蝇的体色、翅型、刚毛等形态特征, 发现正交组合 F<sub>1</sub> 雌、雄果蝇全部为灰体白眼长翅; 而反交组合的雌蝇为灰体白眼长翅, 雄蝇为灰体白眼小翅。正反交果蝇的表现型不相同。

**2.2 *wevg* × *msnw* 及 *msnw* × *wevg* 正反交 F<sub>2</sub> 分析** 正反交的 F<sub>2</sub> 共观察到12种表现型, 具体见表1。

**2.2.1 F<sub>2</sub> 的体色分析。** *wevg* 突变体的体色是黑檀体, 而

*msnw* 的体色表现为野生型的灰体, 这2个品系杂交, 只看体色, 理论上在 F<sub>2</sub> 中应表现为一对等位基因的分离, 即灰体:黑檀体为3:1。

表1 果蝇杂交 F<sub>2</sub> 的表型及数目

Table 1 The phenotype and number of F<sub>2</sub> *Drosophila* hybrid 只

类型 Types	正交 Obverse cross			反交 Reverse cross		
	合计 Total			合计 Total		
灰、长、直	102	57	162	55	37	82
灰、长、焦	1	4	4	9	6	15
灰、小、直	2	6	8	8	13	21
灰、小、焦	0	31	31	33	36	69
灰、残、直	31	9	40	24	23	47
灰、残、焦	0	7	7	13	10	23
黑、长、直	21	20	41	8	14	22
黑、长、焦	0	3	3	7	4	11
黑、小、直	0	1	1	3	6	9
黑、小、焦	0	6	6	8	13	21
黑、残、直	12	4	14	5	6	11
黑、残、焦	0	1	1	4	4	8

黑檀体白眼残翅 × 白眼小翅焦刚毛突变型的正反交 F<sub>2</sub> 结果列入表2。查卡方表可知: 正交的卡方值为 2.71 <  $\chi^2_{0.10, 1} < 3.84$ , 0.10 < P < 0.05, 与 3:1 分离比差异不显著 (P > 0.05), 符合分离规律; 反交卡方值为 0.0039 <  $\chi^2_{0.95, 1} < 0.46$ , 0.95 < P < 0.50, 与 3:1 分离比差异不显著 (P > 0.05), 也符合分离规律;

表2 F<sub>2</sub> 体色  $\chi^2$  表

Table 2  $\chi^2$  table of F<sub>2</sub> body color 只

参数 Parameters	正交 Obverse cross		反交 Reverse cross	
	灰 Gray	黑 Black	灰 Gray	黑 Black
观察值 Observed value	253.00	66.00	257.00	82.00
预测值 Predicted value	239.75	79.75	254.25	84.75
$\chi^2$	3.103		0.1189	

**作者简介** 郭彦(1974-), 女, 吉林松原人, 副教授, 从事遗传育种研究。

收稿日期 2008-12-03

由于反交数据发生的概率更大,因此,在以下翅型分析中主要分析反交数据。

**2.2.2 反交组合 F<sub>2</sub> 翅型分析。**小翅基因位于X 染色体上,残翅基因位于第II 染色体,小翅基因和残翅基因位于不同的染色体所以符合自由组合定律。理论上F<sub>2</sub> 中的雄蝇翅型表现更简单一些,首先分析F<sub>2</sub> 的雄蝇(图2)。

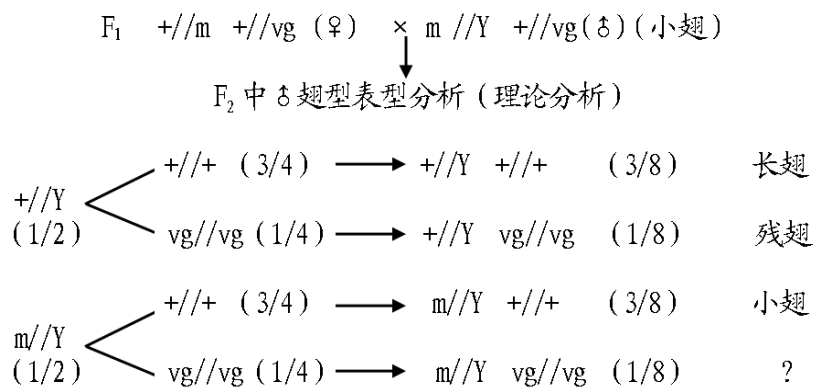


图2 *nsnw* × *wevg* F<sub>2</sub> 雄蝇表型及比例

Fig 2 The phenotype and proportion of male *Drosophila* in *nsnw* × *wevg* F<sub>2</sub>

表3 *nsnw* × *wevg* F<sub>2</sub> 翅型<sup>2</sup>表

Table 3 <sup>2</sup>table of wing types in *nsnw* × *wevg* F<sub>2</sub>

参数 Parameters	F <sub>2</sub> 总体 F <sub>2</sub> collectivity		
	长 Long	小 Small	残 Deformed
观察值 Observed value	61.0	68.0	43
预测值(3 3 2) Predicted value	64.5	64.5	43
<sup>2</sup>		0.379 8	
			5.583 7
			1.574 9

有诱惑力。

小翅、残翅的杂交后代F<sub>2</sub> 的翅型有长翅、小翅、残翅3种,依据实验观察得到的数据,发现小翅、残翅基因同时存在的个体表型为残翅,并且翅型比长 小 残=3 3 2。表明残翅

(上接第1990 页)

从太京美国原种猪场(46 头)猪粪便中检测出RV 阳性11 头份,阳性率为23.91%;从农户规模笼养(109 头)猪粪便中检测出RV 阳性19 头份,阳性率为17.43%,其中仔猪(86 头)检测出阳性15 头份,占笼养仔猪的17.44%;中猪(23 头)检测出4 头份,占笼养中猪的17.39%;从农户圈养(63 头)猪粪便中检测出RV 阳性20 头份,阳性率为31.75%,其中仔猪(38 头)检测出阳性14 头份,占圈养仔猪的36.84%;中猪(25 头)检测出6 头份,占圈养中猪的24.00%。

### 3 结论与讨论

(1) 该流行病学调查和试验结果表明,猪轮状病毒性腹泻多为隐性感染,且感染率较高,为22.94%,采样时未发现腹泻、呕吐、厌食等症状。个别圈养10 日龄至断奶仔猪腹泻、消瘦症状明显,用抗生素类药物治疗后效果不明显,但不能肯定该病是由猪轮状病毒引起的,建议在仔猪疫病防治过程中考虑RV 的防治和治疗。

(2) 家庭小规模分散饲养普遍存在养殖基础设施差、良种化程度低、饲养技术落后等问题,导致散户圈养模式下猪的RV 感染率高达36.84%,明显高于笼养模式及养殖方式

由图2 可知,雄蝇翅型应出现4 种表型,即长 小 残 ?,分离比为3 3 1 1;但实际中只有3 种表型,并且比值为3 3 2,由此可以推测出小翅基因和残翅基因同时存在的 *m/Y vg/vg* ( ) 类型的果蝇应表现为残翅,翅型比为长 小 残 = 3 3 2。为验证这一推测进行卡方检验。

经查表反交雄蝇卡方值为0.103 <  $\chi^2 < 1.39$ , 0.95 < P < 0.50,与3 3 2 分离比差异不显著(P > 0.05),卡方检验的结果符合分离规律,实际观测值与理论值相符,即推测的翅型比长 小 残=3 3 2 是正确的。同时,还对F<sub>2</sub> 雌蝇和F<sub>2</sub> 果蝇总数进行卡方检验,与3 3 2 分离比差异均不显著(P > 0.05),再次验证推测的翅型比长 小 残=3 3 2 是正确的。

### 3 结论与讨论

该杂交实验采用的 *wevg* 和 *nsnw* 2 个品系进行正反交实验,可以验证多个遗传定律,主要涉及到分离法则、自由组合法则、基因互作、伴性遗传、两点基因定位,对学生实验具有一定的指导意义。另外探索相近表型基因间的互作,可以调动学生的学习积极性,尤其是对书本以外知识的探索,更具

基因对小翅基因具有遮盖作用。

### 参考文献

- [1] 刘祖洞,江绍慧.遗传学实验[M].北京:高等教育出版社,1987.
- [2] 张勤,张启能.生物统计学[M].北京:中国农业大学出版社,2002.

相对先进的规模养殖户和大型养猪场。因此,采用笼养方式可减少猪接触粪便、地面的机会,使其感染轮状病毒的机会大大减小。从农户圈养猪粪便的检测结果显示,仔猪对轮状病毒的感染率明显高于中猪,这可能是仔猪抵抗力差、免疫力低等所致,随着仔猪生长发育及其自身免疫力的增强,感染率有所下降。

(3) RV 流行病学调查通过采集、检测天水市7 个不同乡镇猪场病样,对发病相关因素进行了初步分析,发现RV 在不同地区都有不同程度的感染,且多呈隐性感染,即带毒感染。农户圈养方式下猪的感染率明显高于笼养模式,仔猪对RV 的感染率与饲养管理有很大关系。因此,对猪轮状病毒的防治首先是要加强饲养管理,其次是增强仔猪抵抗力。此外,考虑到各地区仔猪腹泻的病原复杂,且不同病原的混合感染率较高,在临床防治实践中,应对腹泻进行具体分析,弄清主要致病因子,区分混合感染和单纯感染,从而采取针对性的防治措施,把疫病造成的损失降至最低。

### 参考文献

- [1] ZHANG HT,JIANG J Q,DENG R G,et al. Development and performance measurement of rapid detection dEIIISA kit for rotovirus[J]. Agricultural Science & Technology, 2008,9(5):124-129.