

第三部分 限时训练

限时训练 1

1. A

思路分析

根据题意,经 X 射线照射的纯合紫株 (PP) 的部分花粉发生了染色体结构变异,使这部分花粉细胞中 P 基因丢失,因此纯合紫株花粉分为两种类型:未发生染色体结构变异仍存在 P 基因的花粉和发生染色体结构变异丢失 P 基因的花粉,用这些花粉给正常绿株 (pp) 授粉,则子代基因型为 Op 或 Pp (O 表示相应基因缺失),分别表现为绿株和紫株。

【解析】X 射线诱导染色体变异发生的概率较低,所以 F_1 中紫株和绿株的比例不接近 1 : 1, A 错误; X 射线照射可导致部分花粉 6 号染色体外端缺失,属于染色体结构变异, B 正确;若不考虑致死, F_1 绿株为亲本绿株产生的含 p 基因的卵细胞与发生染色体变异的不含 P/p 基因的亲本紫株花粉受精形成的受精卵发育而来,因此其体细胞中一对 6 号染色体中一条含 p 基因,另一条不含 P/p 基因,经减数分裂形成的配子中含有 p 基因的比例为 50%, C 正确;参与形成 F_1 紫株的花粉未发生 P 基因相关的染色体变异, F_1 紫株的基因型为 Pp, 自交后代中绿株占 $\frac{1}{4}$, D 正确。

2. C

思路分析

根据题干信息分析小鼠的体色与基因型之间的关系为:小鼠浅灰色基因型为 $A_bbC_$, 黑色基因型为 $aaB_C_$, 深灰色基因型为 $A_B_C_$, 银灰色基因型为 $aabbC_$, 白色基因型为 $____cc$ 。

【解析】由题意可知,现有四个纯合品系:深灰色野生型 ($AABBCC$)、黑色品系甲、浅灰色品系乙和白色品系丙,并且品系甲、乙、丙分别只有一对基因与野生型不同,则甲的基因型为 $aaBBCC$ 、乙的基因型为 $AAbbCC$ 、丙的基因型为 $AABBcc$, 当乙 \times 丙杂交得到 F_1 时, F_1 基因型为 $AABbCc$, F_2 不会出现银灰色个体 ($aabbC_$), A 错误;甲 ($aaBBCC$) \times 丙 ($AABBcc$) 杂交组实验可以说明 A/a 和 C/c 遵循基因的自由组合定律,乙 ($AAbbCC$) \times 丙 ($AABBcc$) 杂交组实验可以说明 B/b 和 C/c 遵循基因的自由组合定律,但上述实验不能说明 A/a 和 B/b 遵循基因的自由组合定律, B 错误;两组杂交组合的 F_2 中白色个体的基因型均有 3 种 ($\frac{1}{4}AABBcc$ 、 $\frac{1}{2}AaBBcc$ 、 $\frac{1}{4}aaBBcc$ 或 $\frac{1}{4}AABBcc$ 、 $\frac{1}{2}AaBbcc$ 、 $\frac{1}{4}Aabbcc$), 其中纯合子占 $\frac{1}{2}$, C 正确;甲 ($aaBBCC$) \times 丙 ($AABBcc$) 杂交组合中的 F_2 的深灰色个体 ($\frac{1}{9}AABBCC$ 、 $\frac{2}{9}AaBBCC$ 、 $\frac{2}{9}AABBCc$ 、 $\frac{4}{9}AaBBCc$) 自由交配 (可产生配子的基因型及概率为 $\frac{4}{9}ABC$ 、 $\frac{2}{9}ABc$ 、 $\frac{2}{9}aBC$ 、 $\frac{1}{9}aBc$), 白色 ($____cc$) 在子代中的比例是 $\frac{2}{9} \times \frac{2}{9} + \frac{1}{9} \times \frac{1}{9} + 2 \times \frac{2}{9} \times \frac{1}{9} = \frac{1}{9}$, D 错误。

3. C 【解析】由于子代雌果蝇全是灰体,雄果蝇中灰体:黄体=1 : 1,可知灰体和黄体的遗传和性别相关,即基因 B/b 位于 X 染色体上, A 正确;长翅灰体的雌雄果蝇杂交,得到的雌果蝇中长翅灰体:残翅灰体=3 : 1,雄果蝇中长翅灰体:长翅黄体=1 : 1,说明长翅、灰体是显性性状,故亲本雄果蝇的基因型为 AaX^BY ,亲本雌果蝇的基因型为 AaX^BX^b , F_1 雄果蝇无残翅 (aa) 出现,且长翅灰体:长翅黄体=1 : 1,说明亲本 (雄性) 产生的致死配子的基因型是 aY, B 正确;亲本雄果蝇的基因型为 AaX^BY ,亲本雌果蝇的基因型为 AaX^BX^b ,且亲本 (雄性) 产生的致死配子的基因型是 aY,故 F_1 中雄性长翅灰体个体的基因型为 AaX^BY 或 AAX^BY , C 错误; F_1 中长翅灰体雄果蝇的基因型及概率为 $\frac{1}{2}AaX^BY$ 、 $\frac{1}{2}AAX^BY$,产生的配子基因型及比例为 $AX^B : AY : aX^B = 3 : 3 : 1$, D 正确。

4. B 【解析】由题意可知,黄花的基因型为 aaB_dd ,红花的基因型为 $aaB_D_$,白花的基因型为 $A_ ____ ____$ 、 $aabb_ ____$ 。纯合红色植株甲的基因型为 $aaBBDD$,实验一中 F_2 表型及比例为白花:红花=13 : 3,由于后代无黄花,故推测乙的基因型为 $AAbbDD$;实验二中 F_2 表型及比例为白花:红花:黄花=12 : 3 : 1,推测丙的基因型为 $AABBdd$, A 正确。实验一亲本的基因型为 $aaBBDD \times AAbbDD$, F_1 的基因型为 $AaBbDD$, F_2 白花植株的基因型及概率为 $\frac{4}{13}AaBbDD$ 、 $\frac{2}{13}AaBBDD$ 、 $\frac{2}{13}AABbDD$ 、 $\frac{1}{13}AABBDD$ 、 $\frac{1}{13}aabbDD$ 、 $\frac{2}{13}AabbDD$ 、 $\frac{1}{13}AAbbDD$,自交后代不发生性状分离的有 $AABbDD$ 、 $AABBDD$ 、 $aabbDD$ 、 $AAbbDD$ 、 $AabbDD$,共占 $\frac{7}{13}$, B 错误。实验二

亲本的基因型为 $aaBBDD \times AABbDd$, F_1 的基因型为 $AaBBDd$, F_2 红花的基因型及概率为 $\frac{1}{3}aaBBDD$ 、 $\frac{2}{3}aaBBDd$, 产生配子的种类及比例为 $aBd : aBD = 1 : 2$, F_2 红花随机交配后代中黄花 (aaB_dd) 占 $\frac{1}{3} \times \frac{1}{3} = \frac{1}{9}$, C 正确。白色植株乙 ($AAbbDD$)、丙 ($AABbDd$) 杂交, 子代的基因型为 $AABbDd$, 后代全部表现为白花, D 正确。

5. D

思路分析

分析题意可知, 基因型为 $c^b c^s$ 的是缅甸色猫, 说明 c^b 对 c^s 为显性, 基因型为 Cc^s 的是黑色猫, 说明 C 对 c^s 为完全显性, 基因型为 $c^b c^s$ 的缅甸色猫与基因型为 Cc^s 的黑色猫杂交, 后代中一半为黑色猫 (Cc^b 、 Cc^s), $\frac{1}{4}$ 为缅甸色猫 ($c^b c^s$), $\frac{1}{4}$ 为暹罗色猫 ($c^s c^s$), 可知 C 对 c^b 为显性, 复等位基因 C 、 c^b 、 c^s 的遗传遵循分离定律。

【解析】复等位基因 C 、 c^b 、 c^s 控制猫的毛色, 其遗传遵循分离定律, A 正确; 根据思路分析可知, C 对 c^b 、 c^s 为完全显性, c^b 对 c^s 为显性, B 正确; 不考虑突变和染色体互换, 基因在细胞中成对存在, 因此每个个体最多只含 C 、 c^b 、 c^s 中的两种基因, C 正确; 若 Cc^s 与 Cc^b 杂交, 后代基因型及比例为 $CC : Cc^b : Cc^s : c^b c^s = 1 : 1 : 1 : 1$, C 对 c^b 、 c^s 为完全显性, c^b 对 c^s 为显性, 因此后代表型及比例为黑色 : 缅甸色 = 3 : 1, D 错误。

6. C

思路分析

分析甲病: 根据 II-5、II-6 正常, 而他们的女儿 III-10 患甲病, 可推知甲病的遗传方式为常染色体隐性遗传。分析乙病: II-7 和 II-8 正常, 生出一个患乙病的 III-13, 故乙病为隐性遗传病, 分析电泳图谱可知, II-7 为纯合子, II-6 为杂合子, III-13 也是纯合子, 若乙病为常染色体隐性遗传病, 则 II-7 应为杂合子, 与电泳图谱不符, 故乙病为伴 X 染色体隐性遗传病, II-7 为纯合子, 表型正常。

【解析】根据思路分析可知, 甲、乙两病的相关基因位于非同源染色体上, 遗传遵循基因的分离定律和自由组合定律, A 错误; 甲病为常染色体隐性遗传病, 乙病为伴 X 染色体隐性遗传病, II-6 的父亲患乙病, 女儿患甲病, 故 II-6 的基因型只能为 $AaX^D X^d$, B 错误; III-13 同时患甲、乙两病, 故 II-8 基因型为 $AaX^D X^d$, II-7 基因型为 $AaX^D Y$, III-12 的表型正常, 所以 III-12 基因型为 Aa 的概率为 $\frac{2}{3}$, 为 $X^D X^d$ 的概率为 $\frac{1}{2}$, III-12 基因型为 $AaX^D X^d$ 的概率为 $\frac{2}{3} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{3}$, 即 II-8 与 III-12 基因型相同的概率为 $\frac{1}{3}$, C 正确; III-10 患有甲病, 基因型为 aa , 正常人群中甲病基因携带者即 Aa 占 $\frac{1}{100}$, 他们生育一个患甲病女孩子的概率为 $\frac{1}{100} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{400}$, D 错误。

限时训练 2

7. (1) 遵循

(2) $AabbCc$ 不相同 $\frac{1}{3}$

(3) A 基因与 C 基因位于同一条染色体上 (与 b 不在同一条染色体上) 若 A 基因与 b 基因位于同一条染色体上, 或 A 基因与 b 基因及 C 基因均不在同一条染色体上, F_1 深黄色个体测交结果应为深黄色 : 浅黄色 : 白化 = 1 : 1 : 2

(4) $\frac{1}{9}$ 黑色 : 深黄色 : 浅黄色 : 白化 = 3 : 2 : 1 : 2

思路分析

由题干可知, 基因 B 控制黑色, b 控制浅黄色, A/a 基因不影响 B 基因的表达, 但 A 基因可以使浅黄色加深, C 基因不影响 A/a、B/b 基因的功能, 但 c 基因纯合的个体由于隐性上位作用会遮蔽 A/a、B/b 的功能而表现为白化, 故黑色个体基因型为 $__ B_ C_$, 白化个体基因型为 $__ __ cc$, 深黄色个体基因型为 $A_ bb C_$, 浅黄色个体基因型为 $aabb C_$ 。

【解析】(1) 根据思路分析可知, 品系乙的基因型为 $aabbCC$, 品系丙的基因型为 $AABBcc$ 或 $AAbbcc$ 或 $aaBBcc$ 或 $aabbcc$, 丁的基因型为 $AabbCC$, 杂交组合一中, 乙与丙杂交, F_1 为黑色 ($__ B_ C_$), F_1 相互交配, F_2 表型比出现了 9 : 3 : 3 : 1 的变式, 说明杂交组合一中丙的基因型为 $aaBBcc$, F_1 基因型为 $aaBbCc$, B/b 与 C/c 这两对等位基因的遗传遵循基因自由组合定律。

(2) 杂交组合二丁 ($AabbCC$) 与丙 ($AABBcc$ 或 $AAbbcc$ 或 $aaBBcc$ 或 $aabbcc$) 杂交, F_1 出现浅黄色个体 ($aabb C_$) 与深黄色个体 ($A_ bb C_$), 说明杂交组合二中丙的基因型为 $aabbcc$, 杂交组合二 F_1 深黄色个体的基因型为 $AabbCc$, 杂交组合一和杂交组合二

所用的亲本丙基因型不相同。杂交组合一中, F_1 基因型为 $aaBbCc$, F_2 浅黄色个体 ($aabbC_$) 中纯合子 ($aabbCC$) 占 $\frac{1}{3}$ 。

(3) 杂交组合二中, F_1 深黄色个体基因型为 $AabbCc$, 与 $aabbcc$ 测交, 后代中深黄色 ($AabbCc$) : 白化 ($_abbcc$) = 1 : 1, 说明 F_1 深黄色个体 ($AabbCc$) 产生的配子种类及比例为 $AbC : abc = 1 : 1$, 说明 A 基因与 C 基因位于同一条染色体上 (与 b 不在同一条染色体上), 若 A 基因与 b 基因位于同一条染色体上, 或 A 基因与 b 基因及 C 基因均不在同一条染色体上, 产生配子种类及比例应为 $AbC : Abc : aBc : abc = 1 : 1 : 1 : 1$, F_1 深黄色个体测交结果应为深黄色 : 浅黄色 : 白化 = 1 : 1 : 2。

(4) 杂交组合一 F_1 基因型为 $aaBbCc$, F_2 浅黄色小鼠基因型为 $aabbC_$, 只考虑 C/c 基因, 则其基因型及概率为 $\frac{1}{3}CC$ 、 $\frac{2}{3}Cc$, 产生的配子种类及概率为 $\frac{2}{3}C$ 、 $\frac{1}{3}c$, 自由交配后代中, 基因型为 cc 的个体占比为 $\frac{1}{3} \times \frac{1}{3} = \frac{1}{9}$ 。杂交组合二 F_2 中深黄色个体基因型为 $AabbCc$, 产生配子种类及比例为 $AbC : abc = 1 : 1$, 杂交组合一 F_1 黑色个体 ($aaBbCc$) 产生配子种类及比例为 $aBC : aBc : abC : abc = 1 : 1 : 1 : 1$, 雌雄配子随机结合, 后代的表型及比例为黑色 : 深黄色 : 浅黄色 : 白化 = 3 : 2 : 1 : 2。

限时训练 3

8. (1) ①显性 三/3 杂交组合三 F_2 中落粒品系个体占全部个体的比例为 $\frac{27}{64} = \left(\frac{3}{4}\right)^3$, 依据 n 对等位基因自由组合且完全显性

时, F_2 中全显性个体的比例是 $\left(\frac{3}{4}\right)^n$, 可判断此杂交组合至少涉及 3 对等位基因 ②AABBCC $\frac{1}{64}$

(2) 测交方案: 取杂交组合三的 F_1 与非落粒品系 3 测交, 观察及统计后代表型及比例; 预期结果: 测交后代中落粒 : 非落粒 = 1 : 7

【解析】(1) ①分析题表中杂交组合二可知, F_1 自交得到 F_2 , F_2 中落粒 : 非落粒 $\approx 3 : 1$, 进而判断荞麦的落粒是显性性状。该性状至少由三对基因控制, 理由如下: 杂交组合三 F_2 中落粒品系个体占全部个体的比例约为 $\frac{27}{64} = \left(\frac{3}{4}\right)^3$, 依据 n 对等位基因自由组合且完全显性时, F_2 中全显性个体的比例是 $\left(\frac{3}{4}\right)^n$, 可判断此杂交组合至少涉及 3 对等位基因。②杂交组合三所得 F_2 中, 落粒占比约为 $\frac{27}{27+37} = \frac{27}{64} = \left(\frac{3}{4}\right)^3$, 进而判断出落粒个体的基因型为 $A_B_C_$ 。所以, 纯合落粒个体的基因型为 $AABBCC$, 所占比例为 $\left(\frac{1}{4}\right)^3 = \frac{1}{64}$ 。

(2) 根据题意, 杂交组合三所得 F_2 中, 落粒占比约为 $\frac{27}{27+37} = \frac{27}{64} = \left(\frac{3}{4}\right)^3$, 进而判断出 $A_B_C_$ 为落粒, 故控制落粒性状的基因对数为 3 对。进而判断出杂交组合三中的 F_1 落粒品系基因型为 $AaBbCc$, 且亲本为基因型为 $AABBCC$ 的落粒品系和基因型为 $aabbcc$ 的非落粒品系 3。为了进一步验证控制落粒性状的基因对数, 设计测交方案: 取杂交组合三的 F_1 与非落粒品系 3 测交, 观察并统计后代表型及比例; 预期结果: 测交后代中落粒 ($AaBbCc = \frac{1}{2} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{8}$) : 非落粒 ($1 - \frac{1}{8} = \frac{7}{8}$) = 1 : 7。

限时训练 4

9. (1) 栗羽 : 不完全黑羽 = 1 : 1

(2) Z 染色体 实验二的 F_2 中只有雌性个体中出现白羽

(3) $HhZ^B W$ $\frac{1}{8}$

(4) 白羽雄鹌鹑 子代中白羽个体均为雌性, 不完全黑羽和黑羽个体为雄性

思路分析

实验一中, 多对栗羽个体与黑羽个体进行正反交, 产生的 F_1 均为不完全黑羽, F_2 中雌雄个体表型及比例相同, 表现为性状与性别无关, 由于 b 基因可使细胞不能合成色素, H 基因控制合成黑色素, 可推测实验一中亲本均不含 b 基因, H/h 基因位于常染色体上, 且 H 对 h 表现为不完全显性, 故亲本的基因型分别为 HH (黑色)、 hh (栗色)。

实验二中 F_2 的性状表现与性别有关, 即白羽仅为雌性, 又因为 b 基因可使细胞不能合成色素, 因此白羽雌性个体不含 B 基因, 说明控制色素合成的 B/b 基因位于 Z 染色体上。

【解析】(1) 根据思路分析可知, 实验一中个体均不含 b 基因, F_1 的基因型为 Hh (不完全黑羽), F_2 的表型及比例为栗羽 (hh) : 不完全黑羽 (Hh) : 黑羽 (HH) = 1 : 2 : 1, 因此, 若 F_2 中的栗羽个体与不完全黑羽个体杂交, 子代的表型及比例为栗羽 : 不完全黑羽 = 1 : 1。

羽=1:1。

(2) 由思路分析可知,根据实验二的 F_2 中只有雌性个体中出现白羽,可判断出控制色素合成的 B/b 基因位于 Z 染色体上。

(3) 实验二中,多对黑羽雄性(HHZ^BZ^B)与白羽雌性(hhZ^bW)杂交,产生的 F_1 表型均为不完全黑羽(HhZ^BZ^b 、 HhZ^BW), F_2 中栗羽雄性个体的基因型及概率为 $\frac{1}{2}hhZ^BZ^B$ 、 $\frac{1}{2}hhZ^BZ^b$,栗羽雌性个体基因型为 hhZ^BW ,它们相互交配,子代中白羽个体所占的比例为 $\frac{1}{2} \times \frac{1}{4} = \frac{1}{8}$ 。

(4) 生产实践中若需根据羽色区分子代性别,常选择黑羽雌鹌鹑(HHZ^BW)与白羽雄鹌鹑($__Z^bZ^b$)进行杂交,则子代中白羽个体均为雌性,不完全黑羽和黑羽个体为雄性,据此可对其加以辨别。

限时训练 5

10. (1) D+基因控制灰红色,D 基因控制蓝色,d 基因控制巧克力色 9 灰红色 巧克力色

(2) $Z^{D+}Z^d$ 或 $Z^{D+}W$ 相同

(3) 蓝色雄性:蓝色雌性:巧克力色雌性=4:3:1 $Z^dZ^d \times Z^{D+}W$ 或 $Z^dZ^d \times Z^DW$

思路分析

由实验一可知, F_1 出现的新性状巧克力色相对灰红色、蓝色为隐性,灰红色相对蓝色为显性,因此 D+基因控制灰红色,D 基因控制蓝色,d 基因控制巧克力色。

【解析】(1) 根据思路分析可知,D+基因控制灰红色,D 基因控制蓝色,d 基因控制巧克力色。在一个染色体数目均正常的鸚鵡种群中,D+、D、d 能组成 $Z^{D+}Z^{D+}$ 、 $Z^{D+}Z^D$ 、 $Z^{D+}Z^d$ 、 Z^DZ^D 、 Z^DZ^d 、 Z^dZ^d 、 $Z^{D+}W$ 、 Z^DW 、 Z^dW 共 9 种基因型。群体中灰红色个体的基因型有 4 种,种类最多,在雄性中一定为纯合子的鸚鵡的羽毛颜色是巧克力色。

(2) 根据实验一 F_1 的表型及比例可知,甲的基因型是 $Z^{D+}Z^d$ 或 $Z^{D+}W$ 。两个杂交实验的 F_1 中羽毛颜色为巧克力色个体的基因型相同,都是 Z^dW 。

(3) 让实验二 F_1 中羽毛为蓝色的雌(Z^DW)雄($\frac{1}{2}Z^DZ^D$ 、 $\frac{1}{2}Z^DZ^d$)鸚鵡随机交配,雌配子基因型及概率为 $\frac{1}{2}Z^D$ 、 $\frac{1}{2}W$,雄配子基因型及概率为 $\frac{3}{4}Z^D$ 、 $\frac{1}{4}Z^d$, F_2 的基因型及概率为 $\frac{3}{8}Z^DZ^D$ (蓝色雄性)、 $\frac{1}{8}Z^DZ^d$ (蓝色雄性)、 $\frac{3}{8}Z^DW$ (蓝色雌性)、 $\frac{1}{8}Z^dW$ (巧克力色雌性),表型及比例为蓝色雄性:蓝色雌性:巧克力色雌性=4:3:1。若杂交后代中雌性鸚鵡的羽毛颜色都是巧克力色、雄性鸚鵡的羽毛颜色都和母本相同且不是巧克力色,则可以选择的杂交亲本组合是 $Z^dZ^d \times Z^{D+}W$ 或 $Z^dZ^d \times Z^DW$ 。

限时训练 6

11. (1) 不相同 5 $\frac{1}{3}$ 0

(2) 对实验二中 F_2 个体的眼色和体色同时进行调查统计 F_2 中深红眼粉红体色:橙黄眼深红体色:深红眼白体色:黄眼白体色=6:3:3:4

(3) ① $\frac{1}{4}$ ② K_3 和 K_4 的两个抗病基因均位于两对同源染色体上,且与 A/a 和 B/b 所在的同源染色体均不同

思路分析

9:3:4 以及 3:6:7 均是 9:3:3:1 的变式,说明 A/a 和 B/b 的遗传遵循基因的自由组合定律, A/a 和 D/d 的遗传也遵循基因的自由组合定律。实验一 F_2 中深红眼:橙黄眼:黄眼=9:3:4,只考虑眼色,则 F_1 深红眼基因型为 $AaBb$,纯合 X_1 深红眼基因型为 $AABB$,纯合 X_3 黄眼基因型为 $aabb$,且红色素的合成由等位基因 A/a 控制(AA 、 Aa 的效应相同),则深红眼的基因型为 $A_B_$,橙黄眼的基因型为 A_bb ,黄眼的基因型为 $aaB_$ 、 $aabb$ 。实验二 F_2 中深红体色:粉红体色:白体色=3:6:7,只考虑体色,则 F_1 粉红体色基因型为 $AaDd$, X_2 和 X_3 均为纯合白体色,且 X_3 黄眼基因型为 $aabb$,则 X_3 白体基因型为 $aaDD$, X_2 白体基因型为 $AAdd$,故深红体色的基因型为 A_DD ,粉红体色的基因型为 A_Dd ,白体色的基因型为 A_dd 、 $aaD_$ 、 $aadd$ 。135:45:60:9:3:4 的数字之和为 $135+45+60+9+3+4=256=4^4$,说明抗病性状和眼色由 4 对等位基因控制,且这 4 对等位基因独立遗传。

【解析】(1) 结合思路分析判断, X_1 的基因型是 $AABBDD$ 、 X_2 的基因型是 $AABBdd$ 、 X_3 的基因型是 $aabbDD$ 。实验一中 F_1 深红眼

个体基因型是 AaBbDD, 实验二中 F₁ 粉红体色个体基因型是 AaBbDd, 两者基因型不相同。实验二中 F₂ 白体色基因型有 A_dd、aaD_、aadd, 共五种。只考虑体色, 则 F₂ 的粉红体色个体基因型及概率为 $\frac{1}{3}$ AADd、 $\frac{2}{3}$ AaDd, 随机交配后代中白体色个体占 $\frac{1}{3}$ [利用分离定律分别分析两对基因, 只考虑 A/a, F₂ 的粉红体色个体基因型及概率为 $\frac{1}{3}$ AA 和 $\frac{2}{3}$ Aa, 随机交配, 产生的雌雄配子基因型及概率均为 $\frac{2}{3}$ A、 $\frac{1}{3}$ a, 则后代基因型及概率为 $\frac{4}{9}$ AA、 $\frac{4}{9}$ Aa、 $\frac{1}{9}$ aa; 只考虑 D/d, F₂ 的粉红体色个体基因型均为 Dd, 随机交配, 产生的后代基因型及概率为 $\frac{1}{4}$ DD、 $\frac{1}{2}$ Dd、 $\frac{1}{4}$ dd, 故后代白体色个体 (aa_ _+A_dd) 占比为 $\frac{1}{9}+\frac{8}{9}\times\frac{1}{4}=\frac{1}{3}$]。只考虑眼色, 黄眼个体基因型为 aa_ _ , 深红体色个体含有 A 基因, 所以不会出现黄眼深红体色个体。

(2) 判断基因 B/b 和 D/d 在染色体上的位置关系的调查方案是对实验二中 F₂ 个体的眼色和体色同时进行调查统计, 若位于一对同源染色体上, 则 F₁ 产生的配子是四种, 分别为 ABd、AbD、aBd、abD, 四种配子随机结合, 后代 F₂ 中深红眼粉红体色: 橙黄眼深红体色: 深红眼白体色: 黄眼白体色 = 6:3:3:4。

(3) ①若 K₁、K₂ 中各含有一个抗病基因, 且 K₁ 的抗病基因与 B 基因在同一条染色体上, K₂ 的抗病基因与 A 基因在同一条染色体上, 由思路分析可知 A/a 和 B/b 的遗传遵循基因的自由组合定律, 则假设 K₁ 的抗病基因是 E, K₂ 的抗病基因是 F, K₁ 与 K₂ 杂交, 只考虑抗病基因, 则 K₁ 产生的配子基因型及比例为 EO:OO=1:1 (O 表示没有抗病基因), K₂ 产生的配子基因型及比例为 FO:OO=1:1 (O 表示没有抗病基因), 则所得子代中有 $\frac{1}{4}$ 没有抗病基因, 表现为不抗病。②根据思路分析可知, 抗病性状和眼色由 4 对等位基因控制, 且这 4 对等位基因独立遗传, 故 K₃ 和 K₄ 的抗病基因在染色体上的分布情况是 K₃ 和 K₄ 的 2 个抗病基因位于 2 对同源染色体上, 且与 A/a 和 B/b 所在的同源染色体均不同。

限时训练 7

12. (1) 长翅 MM Z MmZ^NZⁿ、MmZ^NW

(2) $\frac{1}{2}$

(3) 选取纯合的有鳞毛和纯合的无鳞毛的家蚕蛾雌、雄个体进行正反交实验 得到 F₁ 正反交均只出现一种性状 正反交结果不同

【解析】(1) F₁ 雌雄个体中关于翅型的表型及比例均为长翅:短翅=2:1, 所以该家蚕的长翅对短翅为显性性状, 基因 M、m 位于常染色体上, 根据实验结果可推测基因型为 MM 的个体不能存活; F₁ 雄性的触角都为黑色, 雌性中关于触角颜色的表型及比例为黑色:红色=1:1, 家蚕触角颜色的遗传与性别相关, 故基因 N、n 位于 Z 染色体上, 故亲本基因型为 MmZ^NZⁿ、MmZ^NW。

(2) F₁ 长翅黑色雄蚕 ($\frac{1}{2}$ MmZ^NZ^N、 $\frac{1}{2}$ MmZ^NZⁿ) 与短翅红色雌蚕 (mmZⁿW) 交配, 只考虑触角颜色, 雄配子类型及概率为 $\frac{3}{4}$ Z^N、

$\frac{1}{4}$ Zⁿ, 雌配子类型及概率为 $\frac{1}{2}$ Zⁿ、 $\frac{1}{2}$ W, 后代中基因 n 的频率与其亲本相同, 即 $\frac{\frac{1}{2}+\frac{1}{4}}{\frac{1}{2}+\frac{1}{4}+\frac{3}{4}}=\frac{1}{2}$ 。

(3) 要通过实验来探究控制有鳞毛和无鳞毛的基因是位于常染色体上还是 Z 染色体上 (不考虑 Z、W 同源区段), 但由于不知道这对相对性状的显隐关系, 可以利用正反交实验来探究

即选取纯合的有鳞毛和纯合的无鳞毛的家蚕蛾雌、雄个体进行正反交实验, 观察并统计 F₁ 个体的表型及比例 (假设相关基因为 A 和 a)。

若控制有鳞毛和无鳞毛的基因位于常染色体上, 则正反交实验均为 AA×aa, F₁ 基因型都为 Aa, 故只出现一种性状, 且 F₁ 表现出来的性状为显性性状; 若控制有鳞毛和无鳞毛的基因位于 Z 染色体上, 正反交实验分别为 Z^AZ^A×ZⁿW (后代雌雄个体全表现显性性状)、ZⁿZⁿ×Z^AW (后代雄性个体全表现显性性状, 雌性个体全表现隐性性状), 则正反交结果不同, 且 F₁ 中雄性个体表现出来的性状为显性性状。

限时训练 8

13. (1) 常染色体隐性遗传 I-1 个体与 I-2 个体正常, 其女儿 II-4 患病

(2) BB $\frac{2}{3}$

(3) II-4、II-5 $\frac{7}{8}$

【解析】(1) 根据题图 1 可知, 甲家系中 I-1 个体与 I-2 个体正常, 但其女儿 II-4 患病, 符合“无中生有为隐性, 隐性遗传看女病, 女病父正非伴性”的规律, 故甲家系的 ND 遗传方式为常染色体隐性遗传。

(2) 根据题图 1 中甲家系 II-4 患病, 遗传方式为常染色体隐性遗传, 可知其基因型为 bb, 根据 II-4 的电泳条带可知, 位置靠上的电泳条带为基因 b, 位置靠下的电泳条带为基因 B。II-5 的电泳条带只有下面一种, 故 II-5 的基因型是 BB; 同理可知 II-6 和 II-7 的基因型均为 Bb, III-10 表型正常, 故其基因型及概率为 $\frac{1}{3}BB$ 或 $\frac{2}{3}Bb$, 携带致病基因的概率是 $\frac{2}{3}$ 。

(3) 根据题图 1 乙家系中 II-5 和 II-6 表型正常, III-10 患病, 可知该家系 ND 为隐性遗传病, 由于各家系都不携带其他家系的 ND 基因, 即不同家系的 ND 遗传方式不同, 甲家系的 ND 遗传方式为常染色体隐性遗传, 因此乙家系的 ND 遗传方式为伴 X 染色体隐性遗传, 假设致病基因为 a, 根据 I-2 患病 (其基因型为 X^aY) 可知, 其表型正常的女儿基因型均为 X^AX^a , 即 II-4 和 II-5 一定是杂合子, 而其他表型正常的女性没有患病的父亲, 不能判断是否为杂合子, 因此乙家系女性中一定为杂合子的个体是 II-4 和 II-5。已知各家系都不携带其他家系的 ND 基因, 乙家系中的 II-5 为杂合子, 则乙家系中的 III-9 可能的基因型及概率为 $\frac{1}{2}BBX^AX^A$ 、 $\frac{1}{2}BBX^AX^a$, 甲家系中的 III-9 一定含有基因 B, 其基因型为 BbX^AY , 因此若乙家系中的 III-9 和甲家系中的 III-9 婚配, 生育一个患病孩子的概率是 $\frac{1}{2} \times \frac{1}{4} = \frac{1}{8}$, 故生育一个正常孩子的概率为 $1 - \frac{1}{8} = \frac{7}{8}$ 。

限时训练 9

14. (1) 其体细胞中含 B、b 基因的两条 X 染色体随机失活, 导致不同细胞中分别表达 B 或 b 基因 $\frac{1}{6}$

(2) ① X^AX^a 来自父方的 X 染色体失活, 来自母方的 X 染色体上含 a 基因且正常表达 ②2.5% ③310 bp、118 bp 3 310

【解析】(1) 正常情况下, 一只黑色雌猫 (X^BX^B) 与一只黄色雄猫 (X^bY) 交配, 子代的基因型是 X^BX^b 或 X^bY , 若生下一只毛色黄黑相间的雄猫 (X^BX^bY), 则该雄猫毛色形成的原因是其体细胞中含 B、b 基因的两条 X 染色体随机失活, 导致不同细胞中分别表达 B 基因或 b 基因。若该雄猫与正常黄色雌猫 (X^bX^b) 杂交, 由于三条性染色体联会后, 任意两条染色体分别移向两极, 第三条染色体随机移向一极, 则该雄猫形成的雄配子类型及比例为 $X^B : X^b : Y : X^BY : X^bY : X^BX^b = 1 : 1 : 1 : 1 : 1 : 1$, 与雌配子 X^b 结合, 由于不论一个细胞中有几条 X 染色体, 只有一条不失活, 其余的都失活并以巴氏小体形式出现, 且 1 条 X 染色体形成 1 个巴氏小体, 则后代中毛色为黄黑相间 (即同时存在 B 基因和 b 基因) 且细胞中能观察到 2 个巴氏小体 (即细胞中有 3 条 X 染色体) 的个体 ($X^BX^bX^b$) 所占的比例是 $\frac{1}{6}$ 。

(2) ①已知该病是伴 X 染色体隐性遗传病, 则 II-2 的基因型为 X^AX^- , 由题可知 A 基因含一个限制酶切割位点, a 基因新增了一个酶切位点, 根据题图 2 可推测 II-2 的基因型为 X^AX^A 。I-1、II-3、II-4 含有与 II-2 相同的电泳条带, 说明他们都含有 A 基因, 另外不同的电泳条带是 a 基因被切割产生的, 故 I-1、II-3、II-4 的基因型均为 X^AX^a 。因为 I-2 的基因型为 X^AY , 故 II-3 的 X^A 来自其父亲, X^a 来自母亲, II-3 含 X^A 仍表现为患病, 因此可推测其患 ALD 的原因可能是来自父方的 X 染色体失活, 来自母方的 X 染色体上含 a 基因且正常表达。

② II-1 (X^aY) 和一个与 II-2 (X^AX^A) 基因型相同的女性婚配, 后代的基因型为 X^AX^a 或 X^AY , 又因为男孩均不含致病基因, 女孩均为杂合子, 根据题干“女性杂合子中有 5% 的个体会患病”可知, 后代患 ALD 的概率为 $\frac{1}{2} \times 5\% = 2.5\%$ 。

③由电泳结果结合系谱图可知, A 基因经限制酶切割后得到的两个片段长度分别是 310 bp、118 bp; a 基因新增了一个酶切位点, 经限制酶切割后应该得到 3 个大小不同的 DNA 片段, 由电泳结果可知, 新增的两个电泳条带长度分别为 217 bp 和 93 bp, 长度之和为 310 bp, 故 a 基因中新增的酶切位点位于长度为 310 bp 的 DNA 片段中。

限时训练 10

15. (1) 分离 F_2 中控制该性状的基因型及比例为 $TT : Tt : tt \approx 1 : 2 : 1$ (F_2 中耐缺氮植株的概率为 $\frac{3}{4}$)

(2) 不符合 以 F_1 为母本, 品种乙为父本, 子代性状及比例为抗病 : 不抗病 = 1 : 1; 以 F_1 为父本, 品种乙为母本, 子代性状及比例为抗病 : 不抗病 = 1 : 5

(3) ①减数第一次 次级精母细胞或精 (或花粉) ②自身的遗传信息 (或自身的遗传物质, 或自身的 DNA)

(4) 应保留含 P_1 、 P_2 基因的植株, P_1 、 P_2 基因能够保持品系的优良性状 (或应保留无 P_1 、 P_2 基因的个体, 无 P_1 、 P_2 基因有利于进

一步杂交进行性状改良) (答案合理即可)

【解析】(1) 从题中表格可看出 F_2 中控制是否耐缺氮性状的基因型及比例为 $TT : Tt : tt \approx 1 : 2 : 1$, 遵循基因的分离定律。

(2) F_2 中控制是否抗病性状的基因型及比例为 $HH : Hh : hh \approx 1 : 6 : 5$, 典型的单基因遗传比例应该是 $1 : 2 : 1$ 。推测 F_1 产生的雌配子育性正常, 而带有 H 基因的花粉成活率很低, 即雌、雄配子的育性不同, 可用正、反交实验验证上述推测。 F_2 中基因型为 HH 的个体是由基因型均为 H 的雌、雄配子结合而来的, 依据该推测, $F_1(Hh)$ 产生的雌配子基因型及概率为 $H = h = \frac{1}{2}$, 而 F_2

中基因型为 HH 的概率为 $\frac{1}{12}$, 所以 $F_1(Hh)$ 产生的雄配子基因型及概率分别为 $H = \frac{1}{6}, h = 1 - \frac{1}{6} = \frac{5}{6}$ 。以 $F_1(Hh)$ 为母本, 品种乙 (hh) 为父本, 产生的雌配子基因型及比例为 $H : h = 1 : 1$, 雄配子基因型为 h , 故子代性状及比例为抗病 : 不抗病 = $1 : 1$; 以 F_1 为父本, 品种乙为母本, 产生的雄配子基因型及比例为 $H : h = 1 : 5$, 雌配子基因型为 h , 子代性状及比例为抗病 : 不抗病 = $1 : 5$ 。

(3) ①据题干信息可知, 品种乙的 7 号染色体上同时具有 P_1 和 P_2 基因, 当品种乙和品种甲杂交后, F_1 基因型为 HhP_1P_2 , F_1 中带有 H 基因的花粉成活率低, 说明减数第一次分裂结束之前 P_1 基因就进行了表达, 减数第一次分裂结束后, 随着同源染色体的分离, H 基因与 hP_1P_2 基因分开, 含 H 基因的花粉受 P_1 基因表达产物的影响, 发育被抑制, 而 P_2 基因在次级精母细胞或精 (或花粉) 细胞中表达, 解除该毒性蛋白对含有 h 基因的花粉发育的影响。

②从①的分析可以看出, P_1 和 P_2 之所以被称为“自私”基因, 是由于 P_1 基因可影响其他品种个体基因的传递, 而 P_2 基因又能够解除 P_1 基因对自身品种的影响, 使自身的遗传信息 (或自身的遗传物质, 或自身的 DNA) 更多地传递给子代, “自私”地维持了物种自身的稳定性。

(4) 应该辩证看待: 有 P_1 、 P_2 基因能够保持品系的优良性状, 即能保留更多优良性状; 无 P_1 、 P_2 基因有利于进一步杂交进行性状改良。

限时训练 11

16. (1) 雄性小鼠的 A 基因发生甲基化, 抑制了该基因的表达, 雌性小鼠的 A 基因没有发生甲基化, 正常表达

(2) 分离 父本

(3) ①(或②) ⑤ 子代全为生长缺陷鼠 (答案合理即可)

(4) $3 : 3 : 1 : 1$

【解析】(1) 雌、雄小鼠的基因型相同, 但表型不同, 原因是雄性小鼠的 A 基因发生甲基化, 抑制了该基因的表达, 雌性小鼠的 A 基因没有发生甲基化, 正常表达。

(2) A 和 a 基因为一对等位基因, 遵循基因的分离定律。由题可知, 在雄鼠形成配子时遗传印记重建发生去甲基化, 在雌鼠形成配子时遗传印记重建发生甲基化, 又由题图可知, 该雌鼠的 A 基因未发生甲基化, 由此可以断定该雌鼠的 A 基因来自它的父本。

(3) 为验证雌配子形成过程中 A 基因印记重建发生了甲基化, 可以选择含有未甲基化的 A 基因的雌鼠, 如基因型为 AA 的生长正常雌鼠 (即①) 或基因型为 Aa 的生长正常雌鼠 (即②), 与基因型为 aa 的生长缺陷雄鼠 (即⑤) 杂交得到 F_1 , 观察并统计 F_1 的表型及比例, 若 F_1 全为生长缺陷鼠, 则说明雌配子形成过程中 A 基因印记重建发生了甲基化。

(4) 将基因型为 AaBb 的雌、雄小鼠杂交, 分别考虑两对基因的遗传, 雌鼠产生的配子中 A 基因不能表达, 雄鼠产生含 A 和 a 基因的两种数量相等的配子, 则子代生长正常 : 生长缺陷 = $1 : 1$; 控制小鼠毛色的基因 B、b 没有遗传印记现象, 遵循基因的分离定律, 子代中褐色 : 黄色 = $3 : 1$, 即若子代表型及比例为生长正常褐色鼠 : 生长缺陷褐色鼠 : 生长正常黄色鼠 : 生长缺陷黄色鼠 = $3 : 3 : 1 : 1$, 则说明基因 B、b 不在 7 号染色体上。

限时训练 12

17. (1) 减数第一次分裂 非等位基因自由组合 (等位基因位置互换)

(2) $\frac{4}{5}$

(3) 12 染色体数目变异 在紫茎植株形成花粉的过程中, B 所在的染色体在减数分裂 I 后期未与其同源染色体分离 (或 B 所在的染色体在减数分裂 II 后期姐妹染色单体分开后移向同一极) $\frac{5}{6} \quad \frac{1}{2}$

【解析】(1) 番茄的花粉母细胞经减数分裂产生配子时, 染色体数目的减半发生在减数第一次分裂 (减数分裂 I) 时期, 在四分体时期, 同源染色体上的非姐妹染色单体间的互换会导致非等位基因自由组合 (等位基因位置互换), 发生基因重组。

- (2) 缺刻叶杂合子植株 (Aa) 自交并淘汰马铃薯叶植株 (aa), F_1 的基因型及概率为 $\frac{1}{3}AA$ 、 $\frac{2}{3}Aa$, 继续自交并淘汰马铃薯叶植株, F_2 的基因型及概率为 $\frac{3}{5}AA$ 、 $\frac{2}{5}Aa$, 继续自交, F_3 的基因型及概率为 $\frac{7}{10}AA$ 、 $\frac{1}{5}Aa$ 、 $\frac{1}{10}aa$, A 的基因频率为 $\frac{7}{10} + \frac{1}{5} \times \frac{1}{2} = \frac{4}{5}$ 。
- (3) ①若不考虑同源染色体之间的差异, 理论上番茄 ($2n=24$) 共有 12 种单体。
- ②利用纯合紫茎植株给绿茎植株授粉, F_1 中出现了基因型为 BBb 的三体植株, 该三体植株的出现是发生了染色体数目的变异, 产生原因可能是在紫茎植株形成花粉的过程中, B 所在的染色体在减数分裂 I 后期未与其同源染色体分离, 或 B 所在的染色体在减数分裂 II 后期姐妹染色单体分开后移向同一极, 导致形成了基因型为 BB 的配子。
- ③若乙烯形成酶基因位于 5 号染色体上, 假设乙烯形成酶基因用 T 表示, 乙烯形成酶基因缺失 (用 O 表示) 突变体与人工构建的纯合野生型 5 号染色体三体杂交, F_1 中三体的基因型为 TTO, 其产生的配子基因型及比例为 TT : TO : T : O = 1 : 2 : 2 : 1, 与缺失突变体测交, 子代中野生型占 $1 - \frac{1}{6} = \frac{5}{6}$; 若乙烯形成酶基因不在 5 号染色体上, F_1 中三体的基因型为 TO, 与缺失突变体测交, 子代中野生型占 $\frac{1}{2}$ 。

限时训练 13

18. (1) 叶绿素含量: TAGL1 敲除株系 > gs > TAGL1 超表达株系

- (2) 相同 通过 RdDM 途径抑制 (四种) 去甲基化酶的表达, 使 TAGL1 启动子的甲基化程度较高, 从而抑制 TAGL1 的表达, 对叶绿素合成的抑制作用减弱
- (3) 隐性 实验思路: 将 7 份条斑状株系分别两两杂交, 观察 F_1 果实表型。预期结果: 若 F_1 果实表现为野生型, 则杂交亲本不是同一基因突变的结果; 若 F_1 果实表现为条斑状, 则杂交亲本是同一基因突变的结果

【解析】(1) 番茄果实颜色受 TAGL1 的调控, 若 TAGL1 的表达抑制叶绿素合成, 则 TAGL1 超表达株系叶绿素含量最少, TAGL1 敲除株系叶绿素含量最多, 条斑状株系 gs 中叶绿素含量介于两者之间, 即若发现叶绿素含量: TAGL1 敲除株系 > gs > TAGL1 超表达株系, 则表明 TAGL1 的表达抑制叶绿素合成。

(2) 由图 1 可知 GS 和 LGS 中 TAGL1 的启动子的甲基化程度不同, 导致在浅绿条斑中 TAGL1 的表达量高于绿条斑, 但浅绿条斑和绿条斑中 TAGL1 的碱基序列相同。由图 2 可知, LGS 中四种去甲基化酶的相对表达量均高于 GS, GS 的甲基化水平更高, 因此 TAGL1 转录形成 siRNA 和 scaffold RNA, 通过 RdDM 途径抑制 (四种) 去甲基化酶的表达, 使 TAGL1 启动子的甲基化程度增加, 从而抑制 TAGL1 的表达, 对叶绿素合成的抑制作用减弱, 表现为绿条斑。

(3) 野生型番茄与条斑状株系杂交, F_1 均表现为野生型, 说明野生型为显性性状, 条斑状为隐性性状。若想通过一代杂交实验确认 7 份条斑状株系是否为同一基因突变的结果, 可将 7 份条斑状株系分别两两杂交, 观察 F_1 果实表型。若 F_1 果实表现为野生型 (双杂合子), 则杂交亲本不是同一基因突变的结果; 若 F_1 果实表现为条斑状, 则杂交亲本是同一基因突变的结果。

限时训练 14

19. (1) 花多且花小、花粉存活时间短

- (2) $N(r1r1r2r2)$
- (3) F_2 株数理论比例为 1 : 4 : 6 : 4 : 1, 符合 9 : 3 : 3 : 1 的变式 $S(R1r1R2r2)$ 、 $S(R1R1r2r2)$ 、 $S(r1r1R2R2)$
- (4) 基因的选择性表达 实现一系两用, 不存在三系法中的“恢保”问题, 降低了育种成本和劳动强度; 冲破不育系和恢复系种质资源的束缚, 提高选到优良组合的概率

【解析】(1) 由于水稻花多且花小、花粉存活时间短, 所以不能通过人工去雄的方法大量生产杂交种。

(2) 基因型为 $S(r1r1r2r2)$ 的水稻表现为雄性不育, 只能作为母本, 可以提供细胞质基因 S, 需要与雄性可育植株杂交, 又由题意可知, 雄性不育系通过与保持系杂交维持雄性不育品系且保持系和恢复系能够通过自交进行自身品系的保持, 故保持系为纯合子, 核基因型为 $r1r1r2r2$, 由于保持系雄性可育则保持系基因型为 $N(r1r1r2r2)$ 。

(3) ①科研人员用基因型为 $S(r1r1r2r2)$ 和 $N(R1R1R2R2)$ 的亲本杂交得到 F_1 , F_1 的核基因型为 $R1r1R2r2$, F_1 自交得到 F_2 , 根据表格中 F_2 株数理论比例“1 : 4 : 6 : 4 : 1”为“9 : 3 : 1 : 1”的变式可知, $R1/r1$ 和 $R2/r2$ 的遗传遵循自由组合定律。

②表格中 F_2 株数理论比例为“1 : 4 : 6 : 4 : 1”, 该比例是由显性基因的叠加作用导致的, 即“1 : 4 : 6 : 4 : 1”可以展开为 $1(1r1r1r2r2) : 4(2R1r1r2r2, 2r1r1R2r2) : 6(4R1r1R2r2, 1R1R1r2r2, 1r1r1R2R2) : 4(2R1r1R2R2, 2R1R1r2r2) : 1(1R1R1R2R2)$; F_1 的细胞质基因来自母本 $S(r1r1r2r2)$, 则 F_1 的基因型为 $S(R1r1R2r2)$, 自交得 F_2 , F_2 中 $30\% \leq f < 70\%$ 的植株 (对应理论比例为 6) 基因型共有 $S(R1r1R2r2)$ 、 $S(R1R1r2r2)$ 、 $S(r1r1R2R2)$ 这三种。

(4) 两系杂交中光温敏(对光照温度敏感)水稻在不同条件下育性不同的根本原因是基因的选择性表达,即在不同条件下表达的基因不同;水稻两系法利用光温敏不育系在一定的光照或温度条件下育性发生转换的特性,可在具有育性时繁种,不育时制种,实现一系两用,不存在三系法中的“恢保”问题,降低了育种成本和劳动强度,冲破了不育系和恢复系种质资源的束缚,提高选到优良组合的概率。

限时训练 15

20. (1) 染色体(数目)变异 21

(2) $40W$ 、 $40W+2E$ 白

(3) 去雄 27 秋水仙素

【解析】(1) 单体小麦比正常小麦个体少一条染色体,缺体小麦比正常小麦个体少一对同源染色体,二者都属于染色体(数目)变异。缺体小麦比正常小麦个体少一对同源染色体,二倍体普通小麦含有 42 条染色体,即有 21 对同源染色体,故共有 21 种缺体小麦。

(2) 蓝粒单体小麦缺少一条染色体,染色体组成可表示为 $40W+E$,由于 E 染色体不能配对,只考虑该染色体,可产生 E 和 O(不含 E 染色体)两种配子,故后代染色体组成有 $40W+E$ 、 $40W+2E$ 、 $40W$ 三种。缺体小麦比正常小麦个体少一对同源染色体,即染色体组成为 $40W$ 的小麦为缺体小麦,表现为白粒。

(3) 杂交实验中应对母本进行人工去雄后授以父本花粉,4D 缺体小麦含有 40 条染色体,黑麦含有 14 条染色体,则 F_1 幼苗含有 27 条染色体。秋水仙素可以抑制纺锤体的形成,达到使细胞染色体数目加倍的目的。

限时训练 16

21. (1) 显性 突变基因位于 X 染色体上且在后代中显性纯合致死

(2) 常染色体隐性遗传 亮红眼 1 或 2 $\frac{3}{28}$

(3) 近 4 增添

【解析】单基因纯合突变指突变体只有 1 对等位基因发生了基因突变,并且为纯合子。

(1) 由题意可知,褐色的雌性突变体 C 与纯合野生型雄果蝇杂交, F_1 体色的表型及比例为褐色雌:野生型雄:野生型雌=1:1:1,由于野生型雄果蝇为纯合子, F_1 体色出现两种表型(褐色和野生型),因此褐色的雌性突变体 C 为杂合子,即突变体 C 发生的是显性突变。与理论上应得到体色表型相比少了褐色雄性,原因可能是题中体色的遗传方式为伴性遗传,且显性纯合致死。

(2) 通过正、反交实验可以判断基因的位置,亮红眼品系 A 与野生型果蝇进行正、反交, F_1 均为野生型,说明基因位于常染色体上,且野生型为显性性状,亮红眼为隐性性状,因此控制亮红眼基因的遗传方式为常染色体隐性遗传。假设野生型中控制眼色的基因为 D,纯合突变品系 A 中控制眼色的基因为 d,纯合突变品系 B 中控制眼色的基因为 D' ,若品系 A、B 的突变仅涉及一对等位基因,则 D、d、 D' 为复等位基因,且 D 相对于 d 和 D' 均为显性,品系 A 的基因型为 dd,品系 B 的基因型为 $D'D'$,则将品系 A、B 杂交,子代的基因型为 $D'd$,表型为亮红眼。若品系 B 的亮红眼由控制品系 A 为亮红眼的基因之外的另一对基因控制,则两对等位基因可能位于 1 对同源染色体上,也可能位于 2 对同源染色体上。在(1)的基础上,假设褐色突变体 C 的基因型为 $DDX^H X^h$ (假设基因 H、h 控制体色),品系 A 的雄果蝇基因型为 $ddX^h Y$,选择品系 A 的雄果蝇($ddX^h Y$)与突变体 C($DDX^H X^h$)杂交, F_1 基因型为 $DdX^H X^h$ 、 $DdX^h X^h$ 、 $DdX^H Y$ (致死)和 $DdX^h Y$, F_1 相互交配,计算 F_2 中体色为褐色且眼色正常雌蝇($D_X^H X^H$)的比例, F_2 基因型为 $D_$ 的概率是 $\frac{3}{4}$ (由 F_1 的基因型 Dd 和 Dd 交配产生)。由于基因型为 $X^H Y$ 个体致死, F_1 中的雌性个体基因

型及概率为 $\frac{1}{2} X^H X^h$ 和 $\frac{1}{2} X^h X^h$,与雄性个体($X^h Y$)进行交配,可用配子法进行计算。雌性个体产生的配子基因型及概率为 $\frac{1}{4} X^H$ 、 $\frac{3}{4} X^h$,雄性个体产生的配子基因型及概率为 $\frac{1}{2} X^h$ 、 $\frac{1}{2} Y$ 。相互交配产生的子代基因型及概率为 $\frac{1}{8} X^H X^h$ 、 $\frac{1}{8} X^H Y$ 、 $\frac{3}{8} X^h X^h$ 、 $\frac{3}{8} X^h Y$,其中基因型为 $X^H Y$ 个体致死,所以子代中基因型为 $X^H X^H$ 的概率为 $\frac{1}{7}$,因此 F_2 中体色为褐色且眼色正常的雌果蝇的概率 = $\frac{3}{4} \times \frac{1}{7} = \frac{3}{28}$ 。

(3) 由题图可知,引物 5 扩增的区间是 6 对引物中扩增的区间片段长度最大的,引物 5 扩增的产物相对分子质量最大,对应电泳条带与点样处的距离最小,即相对分子质量较大的扩增产物的电泳条带与点样处的距离较近。根据野生型和突变品系 A 经引物 4 扩增的产物不同可知,突变区域位于 3 号染色体上第 4 对引物对应的区间。品系 A 经引物 4 扩增产物的电泳条带比野生

型经引物 4 扩增产物的电泳条带更靠近点样处,说明突变后的基因相对分子质量更大,故突变性状产生的根本原因可能是 *scarlet* 基因内部发生了碱基对的增添。

限时训练 17

22. (1) ①相对性状 显 ②非同源染色体上的非等位基因 ③短芒品系 1 携带的显性基因表达,抑制细胞的伸长生长,麦芒的长度变短
- (2) ①引物 ②品系 2 中短芒基因 ③2 和 5
- (3) I、II,①
- (4) 环境影响表型;存在其他基因影响表型;存在表观修饰现象(答出两点即可)
- 【解析】(1) ①相对性状是指同种生物同一性状的不同表现类型,据杂交 1 可知,小麦的短芒和长芒互为相对性状。杂交 1 中,短芒品系 1×长芒品系, F_1 均为短芒,说明品系 1 中的短芒基因为显性基因。
- ②由杂交 2 结果可知, F_1 为双杂合子, F_2 出现了 $(9+3+3):1$ 的性状分离比,说明相关基因的遗传遵循自由组合定律,即短芒品系 1 和短芒品系 2 中控制短芒的基因在染色体上的位置关系是非同源染色体上的非等位基因。
- ③由图 1 可知,纵切片中深色的结构应该是细胞核,长芒品系的纵切片细胞核排列疏松,说明细胞比较长,而短芒品系 1 的纵切片细胞核排列紧密,说明细胞比较短,所以短芒形成的原因可能是短芒品系 1 携带的显性基因表达,抑制细胞的伸长生长,麦芒的长度变短。
- (2) ①PCR 需要根据待扩增 DNA 的序列设计不同引物,以启动 DNA 的复制。
- ②由杂交 2 可知,麦芒的长短受两对等位基因的控制,结合杂交 1 的 F_2 结果可知,短芒品系 1 只含两对等基因中的一对显性基因,短芒品系 2 只含有另一对等位基因的显性基因,故选择杂交 1 的 F_2 个体进行 SNP 分析,可以排除品系 2 中短芒基因对芒长的影响。
- ③根据图 2 可知, F_2 个体 1 和 F_2 个体 2 的 SNP 位点重合处在位点 2 和 5 之间,故控制短芒的基因应位于位点 2 和 5 之间。
- (3) 芒属于变态叶,出现短芒相当于叶发育不完全。根据提供的方案,若选择芒发育起始期的穗部和芒发育终止期的穗部为实验材料,预期结果为芒发育起始期穗部 A 基因表达水平高于发育终止期,可能是因为芒发育起始期穗部 A 基因表达水平高于发育终止期,导致芒变短,则可以证实“A 基因是导致芒变短的原因”。
- (4) 表型受基因型和环境共同控制。表型变异原因除基因差异外,可能还有环境、存在其他基因或存在表观修饰现象等。

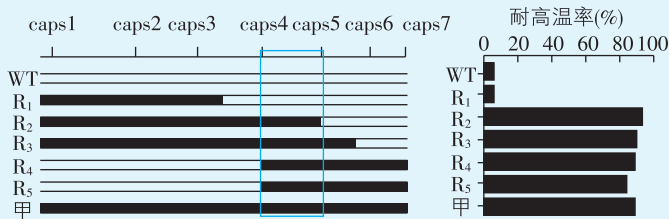
限时训练 18

23. (1) 粳稻
- (2) ①染色体结构 C 单基因去除的植株花粉形态均正常,其他单基因去除的植株有约一半花粉粒形态异常 ②中和或抑制 C 基因编码的蛋白质的毒害作用
- (3) ① $\frac{8}{15}$ ②caps4 和 caps5 F_1 在减数分裂过程中,3 号染色体因存在不同部位的染色体片段互换而产生多种重组类型

思路分析

在分别去除 A、B、C、E 基因的实验中,发现 C 单基因去除植株在显微镜下观察到的花粉形态均正常,其他单基因去除的植株有约一半花粉粒形态异常,说明被去除的 C 基因是导致花粉败育的基因。

突变位点确定的实验中,耐高温水稻的共有片段(同时是和不耐高温水稻的差异片段)位置在 caps4 和 caps5 之间,故耐高温突变基因位于 caps4 和 caps5 之间。



注: caps 为 3 号染色体上的分子标记。

- 【解析】(1) 据题意推断,纯合粳稻和纯合籼稻杂交,则 F_1 的染色体一半来自粳稻,一半来自籼稻,正常情况下, F_1 自交子代表型应有粳稻、籼稻、粳—籼杂交种 3 种,而 F_2 中仅有的表型及比例为粳—籼杂交种: 籼稻 = 1:1,推测含有粳稻某条染色体的花粉败育。
- (2) ①分别敲除 A、B、C、E 基因,造成的是染色体片段的缺失,属于染色体结构的变异。在显微镜下观察这些 A、B、C、E 的单基

因去除植株的花粉粒形态,若 C 单基因去除的植株花粉形态均正常,其他单基因去除的植株有约一半花粉粒形态异常,说明 C 基因导致花粉败育,其他基因不影响花粉育性。

②对 C、D 基因双去除的花粉可育植株来说,增加 C 基因花粉均不育,再增加 D 基因部分花粉可育,说明真正令花粉不育的是 C 基因及其表达产物,推测 C 基因编码的蛋白质有毒害作用,D 基因编码的蛋白质可中和或抑制 C 基因编码的蛋白质的毒害作用。

(3)①由题意可知,水稻甲基因型为 hh,设该染色体缺失一个 H 基因的耐高温的野生型水稻(WT)的基因型为 HO,则 F₁ 的基因型及比例为 Hh : hO = 1 : 1, F₁ 产生的配子基因型及比例为 H : h : O = 1 : 2 : 1; F₁ 随机交配, F₂ 基因型及比例为 HH : Hh : HO : hh : hO : OO(不能发育) = 1 : 4 : 2 : 4 : 4 : 1(不能发育),因此 F₂ 中某个体为耐高温水稻(hh、hO)的概率是 $\frac{8}{15}$ 。

②对 WT、突变体甲和 R₁ ~ R₅ 进行分子标记及耐高温性检测,如题图 3、题图 4,耐高温的植株共有的片段位于 caps4 和 caps5 之间,所以推测耐高温突变基因位于分子标记 caps4 和 caps5 之间。F₁ 在减数分裂过程中,3 号染色体可能因存在不同部位的染色体互换而产生多种重组类型,从而形成了 R₁ ~ R₅ 的 DNA 片段差异。