

· 遗传与进化综合训练 ·

刷综合

1. D 考查点 ▶ 细胞色素 c

【解析】一般来说,不同生物的细胞色素 c 氨基酸序列差异越小,其亲缘关系越近,差异越大,其亲缘关系越远,故细胞色素 c 氨基酸序列的差异可以作为分子指标来判断不同种生物亲缘关系的远近,A 正确;多种生物体内都存在细胞色素 c,且其氨基酸序列具有高度保守性,这可作为当今生物具有共同的原始祖先的依据,B 正确;由题干“若细胞色素 c 从线粒体释放到细胞质基质中,会激活凋亡程序”可知,细胞色素 c 从线粒体释放到细胞质基质中后,会影响细胞代谢进而促进细胞凋亡,C 正确;细胞色素 c 氨基酸序列的比较属于分子水平的证据,但研究生物进化最直接的证据是化石,D 错误。

2. C 突破点 ▶ 信息提取—基因分离定律的应用

【解析】分析题意,基因型为 AA 和 aa 的欧洲麦蛾正反交,后代基因型都为 Aa,均能合成色素使幼虫皮肤有色、成虫复眼呈褐色,结果一致,A 错误。基因型为 Aa 的雌蛾和基因型为 aa 的雄蛾交配,子代的基因型为 aa 和 Aa,由于短暂的“母性影响”,基因型为 aa 的子代幼虫有色,成虫自身不能合成色素表现红色眼;基因型为 Aa 的子代能合成色素,幼虫有色,成虫褐色眼,B 错误。基因型为 Aa 的雄蛾和基因型为 aa 的雌蛾交配,由于雌蛾不含 A 基因,没有“母性影响”发生,所以基因型为 Aa 的子代幼虫有色,成虫褐色眼;基因型为 aa 的子代幼虫无色,成虫红色眼,即这两种表型各占 $\frac{1}{2}$,C 正确。分离定律适用于进行有性生殖的真核生物一对等位基因的遗传,“母性影响”只会存在于幼虫时期,因此欧洲麦蛾的该性状可以用来验证分离定律,D 错误。

3. D 考查点 ▶ 性染色体的起源

题图解读

从题图所示常染色体形成性染色体的过程来看,两条染色体经过这种变化后,形态结构出现了明显差别,但染色体数目没有发生变化,因此该变异类型属于染色体结构变异,经过这种变化后,X 染色体上可能出现重复基因,发生变异后,虽然染色体的形态大小有明显差异,但它们仍是同源染色体,在减数第一次分裂前期仍能正常联会。

【解析】X、Y 染色体虽然形态、大小有明显差异,但仍是同源染色体,在减数第一次分裂前期仍和其他同源染色体一样正常联会,该现象支持题述观点,A 不符合题意;同源染色体上可能携带完全相同的基因,经过题图变化后,X 染色体上可能出现重复基因,该现象支持题述观点,B 不符合题意;若性染色体是由常染色体分化来的,则果蝇的 X 和 Y 染色体上都存在控制刚毛(截刚毛)的基因,该现象支持题述观点,C 不符合题意;若控制雄果蝇红眼(白眼)的基因在体细胞中只有一个,而支持“性染色体是由常染色体分化来的”这一观点,理论上体细胞中应有等位基因,故该现象不支持题述观点,D 符合题意。

4. D 突破点 ▶ 信息提取—伴性遗传与配子致死

【解析】雄蝗虫只有一条性染色体,设其体细胞染色体数目为 $2n-1$,减数第一次分裂结束后,细胞中的染色体数目为 n 或 $n-1$,减数第二次分裂后期,由于着丝粒分裂,细胞中的染色体数目为

$2n$ 或 $2n-2$, 比体细胞中的多一条或少一条, A 正确; 基因 b 会使雄配子致死, 所以正常情况下子代蝗虫中不存在复眼异常雌蝗虫 (X^bX^b), 且该种群 b 基因频率逐渐降低, B 正确; 杂合复眼正常雌性个体基因型为 X^BX^b , 复眼异常雄性个体基因型为 X^bO , 由于基因 b 使雄配子致死, 因此两者杂交后代表型及比例为复眼正常雄性 (X^BO) : 复眼异常雄性 (X^bO) = 1 : 1, C 正确; 一般情况下, 不存在复眼异常雌蝗虫 (X^bX^b), 偶然发现一只复眼异常雌蝗虫, 这可能是由亲本雌蝗虫 (X^BX^b) 减数第二次分裂染色体分离异常 (着丝粒分开但两条 X^b 染色体移向同一极) 或基因突变所致, D 错误。

关键点拨

已知控制蝗虫复眼正常基因 (B) 和异常基因 (b) 位于 X 染色体上, 且基因 b 会使雄配子致死, 则正常情况下不会出现基因型为 X^b 的雄配子, 即不会出现复眼异常雌蝗虫 (X^bX^b)。

5. B 突破点 ▶ 实验探究—多倍体育种

【解析】骤然低温能够通过抑制纺锤体的形成引起染色体加倍, 并不影响着丝粒的分裂, A 错误; 芥菜 ($AABB$) 与甘蓝 (CC) 杂交, 子代体细胞含 3 个染色体组 (ABC), 其在有丝分裂后期时含有 6 个染色体组, B 正确; 培育出的甘蓝型油菜是杂交后再人为使染色体加倍的, 即杂交子代在染色体未加倍前是异源二倍体, 不可育, 染色体加倍后其可育不能说明芸薹和甘蓝之间没有生殖隔离, C 错误; 黑芥和甘蓝形成埃塞俄比亚芥的过程中发生了减数分裂、受精作用、染色体加倍, 减数分裂过程发生基因重组, 染色体加倍过程发生了染色体数目变异, D 错误。

6. A 考查点 ▶ 基因的表达及调控

【解析】由题图可知, 抑制 $CsrB$ 基因转录会使 $CsrB$ 减少, 使 $CsrA$ 更多地与 glg mRNA 结合形成不稳定构象, 最终核糖核酸酶会降解 glg mRNA, 而 glg 基因编码的酶在糖原合成中起关键作用, 故抑制 $CsrB$ 基因的转录能抑制细菌糖原的合成, A 错误, C 正确; 图中 $CsrA$ 蛋白可结合 glg mRNA 分子, 也可结合 $CsrB$, 因此, $CsrB$ 与 glg mRNA 竞争结合 $CsrA$ 蛋白, B 正确; 启动子是 RNA 聚合酶识别和结合的部位, 能驱动基因的转录, D 正确。

7. B 突破点 ▶ 图表分析—染色体数目的变异、减数分裂及自交

题图解读

据题意及题图分析可知, A 基因位于该三体玉米的 5 号染色体上, B 和 b 基因位于该三体玉米的 6 号染色体上。仅考虑 B 和 b 基因, 若 BBb 中的 B 分别用 B_1 、 B_2 表示, 则在减数分裂过程中, 若 B_1 、 b 移向同一极, 则另一极为 B_2 ; 若 B_2 、 b 移向一极, 则另一极为 B_1 ; 若 B_1 、 B_2 移向同一极, 则另一极为 b , 因此该三体玉米 $AABBb$ 能产生 4 种基因型的配子, 其基因型及比例为 $AB : ABb : ABB : Ab = 2 : 2 : 1 : 1$ 。

【解析】据题图解读可知, 该三体玉米减数分裂产生的雄配子种类有 4 种, 即 AB 、 ABb 、 ABB 和 Ab , A 错误; 该三体玉米产生的雄配子基因型及比例为 $AB : ABb : ABB : Ab = 2 : 2 : 1 : 1$, 所以基因型为 AB 的雄配子占 $\frac{1}{3}$, B 正确; 该三体玉米产生的染色体正常的配子 (AB 和 Ab) 的比例为 $\frac{1}{2}$, 若该三体玉米自交, 则后代中染色体数正常的个体占 $\frac{1}{4}$, C 错误; 该三体玉米自交, 子代中

只有 AAbb 个体与该三体玉米表型不同, AAbb 个体是由基因型为 Ab 的雌、雄配子结合而来的, 其比例为 $\frac{1}{6} \times \frac{1}{6} = \frac{1}{36}$, 因此表型与该三体玉米相同的个体所占比例为 $1 - \frac{1}{36} = \frac{35}{36}$, D 错误。

8. C 突破点 ▶ 信息提取—三体大豆

【解析】大豆的染色体数目为 40, 三体大豆含有 41 条染色体, 任意配对的两条染色体分离时, 另一条染色体随机移向细胞的一极, 在减数分裂过程中可形成 20 个正常的四分体, A 错误; 由题意可知, 染色体数目正常的花粉才能存活, 所以大豆产生的花粉均表现染色体数目正常, 而雌配子有染色体正常和染色体异常两种类型, B 错误; 若相关基因位于相应的染色体上, 则黄叶大豆与三体大豆杂交后代均为绿叶, 说明绿叶为显性, 假设相关基因用 A/a 表示, 则亲本的基因型可表示为 aa 和 AAA, F_1 的基因型为 Aa 和 AAa, F_1 三体大豆产生的雌配子类型及比例为 A : Aa : AA : a = 2 : 2 : 1 : 1, 雄配子类型及比例为 A : a = 2 : 1, 则子代中基因型为 aa 的个体占 $\frac{1}{3} \times \frac{1}{6} = \frac{1}{18}$, 若 A/a 不在呈三体的染色体上, 则亲本的基因型为 AA 和 aa, F_1 的基因型为 Aa, F_1 自交产生的后代表型及比例为绿叶 : 黄叶 = 3 : 1, 根据实验结果可推测控制大豆叶片颜色的基因位于 9 号染色体上, C 正确; 借助显微镜不能看到突变的基因, D 错误。

9. D 突破点 ▶ 图表分析—生物遗传变异的应用

题图解读

分析题图可知, 用 X 射线处理雌蚕甲, 其一个 B 基因突变成 b 基因得到乙, 再用 X 射线处理乙, 常染色体上含 B 基因的片段转移到 W 染色体上得到丙, 再经过杂交后鉴定和筛选得到了。

【解析】由题图解读可知, X 射线处理, 既可以引起基因突变, 也可以引起染色体结构变异, A 正确; 乙发生染色体结构变异后获得丙, 染色体结构变异可通过光学显微镜观察, 故使用光学显微镜观察细胞中的染色体形态, 可区分乙、丙个体, B 正确; 将突变体丁 ($bbZW^B$) 与基因型为 $bbZZ$ 的雄蚕杂交, 子代雄性 ($bbZZ$) 蚕卵呈白色, 雌性 ($bbZW^B$) 蚕卵呈黑色, 可实现对子代的大规模性别鉴定, C 正确; 丙个体 ($bOZW^B$, O 表示对应位置缺失) 与基因型为 $bbZZ$ 的雄蚕杂交, 子代基因型及概率为 $bbZW^B : bbZZ : bOZW^B : bOZZ = 1 : 1 : 1 : 1$, 因此子代中基因型为 $bbZW^B$ 的个体占 $\frac{1}{4}$, D 错误。

10. ABD 突破点 ▶ 图表分析—人类遗传病

【解析】题图 1 中 B_1 、 B_2 的基因型为 X_1X_2 或 X_1X_3 , 二者的概率相同, C_1 基因型及概率为 $X_1Y : X_2Y : X_3Y = 2 : 1 : 1$, C_2 基因型及概率为 $X_1X : X_2X : X_3X = 2 : 1 : 1$, 则题图 1 中 S 的基因型为 X_2X_2 的概率为 $\frac{1}{4} \times \frac{1}{4} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{64}$, 为 X_1X_1 的概率为 $\frac{1}{2} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{16}$, A 正确; 题图 2 中 B_1 为男孩, 则 P_1 只能将 Y 传给 B_1 , 故题图 2 中 P_1 的 X 传到 B_1 时中断, B 正确; 题图 2 中 C_1 的基因型为 XY, C_2 基因型及概率为 $X_2X : X_3X = 1 : 1$, 若 S 个体为男性则可能含有 X_2 或 X_3 染色体, 当该染色体上有隐性致病基因时, S 可能患伴 X 染色体隐性遗传病, C 错误; 题图

2 中 B_1 、 B_2 的基因型为 X_2Y 或 X_3Y , 二者的概率相同, C_1 的基因型为 XY , C_2 的基因型及概率为 $X_2X : X_3X = 1 : 1$, S 不会同时获得两条 X_1 或两条 X_2 , 近婚系数低, 因此对于 X 连锁基因, 堂兄妹婚配的近婚系数比姨表兄妹婚配小, D 正确。

11. ACD 考查点 ▶ 中心法则

【解析】过程①以 DNA 为模板形成 RNA, 为转录过程, 不是 DNA 复制过程, A 错误; 据题图分析可知 miR-153-3p 既可以与 PVT1 的部分片段互补, 也可以与 ERK mRNA 的部分片段互补, 说明 PVT1 和 ERK mRNA 中某些片段碱基序列相同, B 正确; 核糖体由短肽端往长肽端移动, 且沿着 mRNA 的 5' 端向 3' 端移动, 所以题图中 a 端为 ERK mRNA 的 5' 端, 而 5' 端有游离的磷酸基团, 即 a 端有游离的磷酸基团, C 错误; 由题干信息可知, 血液中 ox-LDL 含量升高, 则 VEC 中 PVT1 含量升高, 与 miR-153-3p 结合, 使翻译出的 ERK 蛋白增多, ERK 蛋白入核后调控基因表达, 刺激细胞炎症反应, 故血液中 ox-LDL 含量升高可使 ES 中炎症反应加重, D 错误。

12. BC 考查点 ▶ 多倍体育种

【解析】普通小麦 ($6n = 42$, AABBDD) 缺一对同源染色体 4D 称为 4D 缺体, 体细胞中含有 6 个染色体组, 染色体数为 $42 - 2 = 40$ (条), 配子中含 20 条染色体, 黑麦 ($2n = 14$, RR) 配子中含 7 条染色体, 因此 F_1 体细胞中含有 $20 + 7 = 27$ (条) 染色体, A 错误; F_1 体细胞中含有 27 条染色体, 由于不同物种的染色体无法配对, 因此使用秋水仙素处理使其染色体加倍从而可育, 经过显微观察, 选择含 54 条染色体的 F_1 植株进行回交, B 正确; 选择含 54 条染色体的 F_1 植株与普通小麦 4D 缺体进行回交, 含 54 条染色体的植株产生的配子中有 27 条染色体, 普通小麦 4D 缺体产生的配子中有 20 条染色体, 得到的 BC_1F_1 含 20 对同源染色体和 7 条非同源染色体, 利用 BC_1F_1 的花药观察减数分裂, 可观察到 20 对同源染色体配对形成的 20 个四分体, C 正确; 黑麦的优良性状基因在来自黑麦的染色体上, 因此应选择 BC_2F_1 中染色体数为 $40 + 0 \sim 7$ 的个体自交可获得染色体数恢复的异种染色体代换系小麦, D 错误。

13. (1) 基因在染色体上 (2) ①8 或 10 ②野生型: 隐性突变型 = 5 : 1 (3) 染色体(结构)变异 缺刻翅雌蝇: 正常翅雌蝇: 正常翅雄蝇 = 1 : 3 : 3 (4) X、Y 染色体的同源区段 $X^{AD}Y^D$ 和 $X^{ad}Y^D$ (5) 6 y-w-m (或 m-w-y)

突破点 ▶ 信息提取—染色体变异类型的判断与遗传规律关系分析

【解析】(1) 摩尔根的果蝇眼色遗传实验首次将特定基因定位于特定染色体上, 从而证明了基因在染色体上。

(2) ①题图 1 中三体 (Ⅲ) 野生型 2 的体细胞含有 9 条染色体, 减数第一次分裂形成的次级性母细胞中, 部分细胞含有 4 条染色体 (含姐妹染色单体), 部分细胞含有 5 条染色体 (含姐妹染色单体), 减数第二次分裂后期由于着丝粒断裂, 姐妹染色单体分离, 因此部分细胞内含有 8 条染色体, 部分细胞内含有 10 条染色体。故题图 1 中三体 (Ⅲ) 野生型 2 处于减数第二次分裂后期的性母细胞有 8 或 10 条染色体。

②若该隐性基因 (设为 a) 在 Ⅲ 号染色体上, 则亲本隐性突变体 1 的基因型为 aa, 三体 (Ⅲ) 野生型 1 的基因型为 AAA, F_1 三体 (Ⅲ) 野生型 2 基因型为 AAa, 与隐性突变体 1 (aa) 杂交, AAa

产生的配子基因型及比例为 $AA : a : Aa : A = 1 : 1 : 2 : 2$, 故 F_2 基因型及比例为 $AAa : aa : Aaa : Aa = 1 : 1 : 2 : 2$, 表型及比例为野生型 : 隐性突变型 = 5 : 1。

(3) 果蝇缺刻翅是由染色体上某个基因及其上下游 DNA 片段缺失引起的, 由于 DNA 片段的缺失导致基因数量减少, 因此该变异属于染色体结构变异。雄性个体中不存在缺刻翅个体, 说明缺失片段的遗传与性别相关, 由于该突变具有纯合致死效应, 故推测缺失片段位于 X 染色体上, 则缺刻翅果蝇的基因型为 X^0X , 和正常翅果蝇 XY 杂交得 F_1 , F_1 中雌、雄果蝇的基因型可表示为 X^0X 、 XX 、 XY , 比例为 $1 : 1 : 1$; F_1 自由交配, 产生的雌配子基因及比例为 $X^0 : X = 1 : 3$, 产生的雄配子基因及比例为 $X : Y = 1 : 1$, 由于 X^0 纯合致死, 则 F_2 的表型及比例为缺刻翅雌蝇 (X^0X) : 正常翅雌蝇 (XX) : 正常翅雄蝇 (XY) = 1 : 3 : 3。

(4) 单独分析果蝇的刚毛和截毛, 亲本为一只纯合截毛雌果蝇与一只纯合刚毛雄果蝇, 杂交产生 F_1 若干只, F_1 中雄、雌果蝇均为刚毛, 说明刚毛为显性性状, F_1 雌雄交配得到 F_2 , F_2 中雄果蝇均为刚毛, 雌果蝇中存在一定数量的刚毛个体和截毛个体, 说明该性状的遗传与性别有关; 亲本雄果蝇为刚毛, F_1 和 F_2 的雄性均为刚毛, 说明亲本雄果蝇的 Y 染色体上含有刚毛基因, 又因为子代雌性也存在刚毛和截毛这一性状, 因此可判断控制果蝇刚毛和截毛的基因位于 X 和 Y 染色体的同源区段上。单独分析眼色, 亲本表型为白眼雌果蝇和红眼雄果蝇, F_1 雄果蝇均为白眼, 雌果蝇均为红眼, 可判断控制眼色的基因位于 X 染色体上, 且红眼为显性性状, 则亲本基因型为 $X^{ad}X^{ad}$ 、 $X^{AD}Y^D$, F_1 基因型为 $X^{AD}X^{ad}$ 、 $X^{ad}Y^D$, F_1 自由交配, F_2 雄果蝇的基因型为 $X^{AD}Y^D$ 和 $X^{ad}Y^D$ 。

(5) 已知分别控制果蝇朱红眼、黄体、残翅的 3 种隐性突变基因 w 、 y 、 m 均位于 X 染色体上, 则将朱红眼黄体残翅雌果蝇 ($X^{wym}X^{wym}$) 和野生型雄果蝇 (野生型基因均用 “+” 表示, 即 $X^{+++}Y$) 杂交, 得到 F_1 。则 F_1 雌性个体基因型为 $X^{wym}X^{+++}$, 若减数分裂时不发生互换, 则产生两种雌配子, 即 X^{wym} 、 X^{+++} , 根据表格中配子类型可知, F_1 雌果蝇产生的重组配子有 6 种。由于双交换型的概率低于单交换型, 且双交换型是只将中间的一个基因进行交换, 结合表格中最下面两种配子数量最少可知, 其属于双交换得到的配子, 且交换的基因为 w 和 +, 因此可知 w 位于 y 和 m 之间, w 、 y 、 m 三种基因在 X 染色体上的顺序为 $y-w-m$ (或 $m-w-y$)。

14. (1) 编码序列错位 (或基因突变) 空间结构改变 替换或敲除

(2) 3 2 (3) 子代全部为野生型 野生型 : 突变型 = 1 : 1

(4) 基因突变导致 g 基因丢失了启动子, 无法转录出 mRNA, 逆转录没有产物, 检测不出结果 抑制毛发生长 (5) 该基因与小鼠的多对性状有关 (6) 体细胞核移植、早期胚胎培养

突破点 ▶ 图表分析—基因敲除

【解析】(1) 依据题意, 在 F 基因的编码区插入了一个非基因的 DNA 片段 P, 引起 F 基因产生编码序列错位, 即基因突变, 从而导致 mRNA 提前出现终止密码子, 使得合成的蛋白质中氨基酸序列变短, 蛋白质结构发生改变, 进而导致合成的蛋白质丧失活性。该基因突变是插入一个非基因的 DNA 片段引起的, 除此之外, 还可以敲除或者替换基因中的碱基, 从而导致基因突变。

(2) 从题图甲中可以看出, 野生型基因和 f 基因都含有 2 个限

制酶 *Hind*Ⅲ 的识别序列,但 *f* 基因在两个限制酶酶切位点之间含有 P 片段,因此限制酶 *Hind*Ⅲ 切割野生型基因和 *f* 基因后,野生型基因切出来能与探针结合的片段较短,*f* 基因切出来能与探针结合的片段较长,DNA 分子越长,其分子质量越大,在电泳时迁移速度越慢,因此推测第 1 泳道中只有野生型基因,第 2 泳道中既有野生型基因,又有 *f* 基因,第 3 泳道中只有 *f* 基因,因此 *f* 小鼠和 *f* 杂合子对应的 DNA 片段分别位于第 3 泳道和第 2 泳道。

(3) 据题意可知,野生型基因型用 ++ 表示,*g* 小鼠是长毛隐性突变体,基因型用 *gg* 表示,*f* 杂合子小鼠基因型用 +*f* 表示。*f* 基因和 *g* 基因位于同一条常染色体上,如果 *g* 和 *f* 是非等位基因,设 *g* 基因的等位基因为 *G*,*G* 对 *g* 为显性,*f* 杂合子小鼠 (+*f*/*GG*) 与 *g* 小鼠 (++)/*gg*) 杂交,后代为 ++/*Gg* 和 +*f*/*Gg*,全是野生型;如果 *g* 和 *f* 是等位基因,*f* 杂合子小鼠 (+*f*) 与 *g* 小鼠 (*gg*) 杂交,后代基因型及比例为 +*g* : *fg* = 1 : 1,即野生型与突变型比例为 1 : 1。

(4) 据题图丙可知,野生型基因突变成 *g* 基因以后,启动子区随着一部分 DNA 片段丢失,无法转录出 mRNA,也无法形成 cDNA,进行 PCR 时缺少模板,逆转录没有产物,导致最终无结果,因此 *g* 小鼠泳道没有条带。*g* 小鼠表型与 *f* 小鼠相同,表现出毛茸茸的样子,野生型和 *g* 杂合子表达 F 蛋白,*g* 小鼠不表达 F 蛋白,即没有 F 蛋白,表现出长毛,说明 F 蛋白在毛发生长中起抑制作用。

(5) *g* 小鼠除了表现出毛茸茸的样子外,还出现了其他新的表型改变。从基因与性状的关系角度分析,这可能是由于该基因与小鼠的多对性状有关。

(6) 研究人员以 *g* 基因敲除的成纤维细胞为起点,培养转基因克隆胚胎,还需要进行早期胚胎培养和体细胞核移植。