

· 遗传与进化综合训练 ·

刷综合

1. C 考查点 基因频率

【解析】初始种群中 BB 的基因型频率为 25%，Bb 的基因型频率为 50%，bb 的基因型频率为 25%，因化工厂污染，水体变暗，深蓝色个体存活率为 80%，浅蓝色为 50%，白色为 20%，若该种群中基因型为 BB、Bb、bb 个体的数量分别为 25、50、25，则污染后，基因型为 BB 的个体数量为 $25 \times 80\% = 20$ ，基因型为 Bb 的个体数量为 $50 \times 50\% = 25$ ，基因型为 bb 的个体数量为 $25 \times 20\% = 5$ ，则污染后 bb 的基因型频率为 $5 \div (20 + 25 + 5) = 10\%$ ，污染治理完成时，B 基因频率为 81%，则 b 基因频率为 $1 - 81\% = 19\%$ ，此时 bb 的基因型频率为 $19\% \times 19\% = 3.61\%$ ，bb 的基因型频率逐渐降低，因此污染后治理完成前白色个体占比小于 10%，A 正确；迁入事件会使种群数量增加，有利于个体间基因交流，会降低迁入前种群与迁入种群的遗传差异，B 正确；设本地种群数为 N ，迁入部分个体数为 $0.2N$ ，本地种群中 B 基因数 $= N \times 2 \times 0.81 = 1.62N$ ，外地 B 基因数 $= 0.2N \times 2 \times 0.6 = 0.24N$ ，迁入后 B 基因频率 $= (1.62N + 0.24N) \div 2.4N = 77.5\%$ ，C 错误；该过程中斑马鱼种群基因频率发生了改变，发生了进化，D 正确。

2. C 突破点 信息提取—细胞增殖与 DNA 分子的半保留复制

【解析】含有 XY 染色体的异常精细胞，是减数分裂 I 时同源染色体 XY 未正常分离导致的，若其基因型为 AX^bY ，则同时产生的另外 3 个精细胞的基因型为 AX^bY 、a、a，A 错误；由于 DNA 的半保留复制，经过 1 次有丝分裂后，产生的精原细胞中，16 个核 DNA 均有一条 ^{15}N 标记的链和一条 ^{14}N 的链，再经过 DNA 的半保留复制后依然有 16 条染色体被标记但只有一半核 DNA 分子含 ^{15}N ，B 错误；产生该异常精细胞的次级精母细胞在减数第二次分裂前、中期含 9 条染色体，每条染色体上含 2 个 DNA，其中一个 DNA 双链均含 ^{14}N ，另一个 DNA 一条链含 ^{14}N 、一条链含 ^{15}N ，因此被标记的核 DNA 共 9 条，C 正确；减数分裂前的精原细胞中的 16 个核 DNA 均有一条 ^{15}N 标记的链和一条 ^{14}N 的链，DNA 复制后 16 个 DNA 双链均含 ^{14}N ，还有 16 个 DNA 一条链含 ^{14}N 一条链含 ^{15}N ，有可能分裂产生的某个精细胞中的核 DNA 都含 ^{15}N ，D 错误。

3. D 突破点 信息提取—肺炎链球菌的转化实验

【解析】R 型菌为原核生物，无染色体，A 错误；格里菲思只提出了转化因子的存在，但不清楚其本质，B 错误；艾弗里加入蛋白酶没有影响转化，说明蛋白质不是转化因子，C 错误；转化 S 型菌与 S 型菌的碱基序列不同，转化的本质是基因重组，D 正确。

易错警示

格里菲思的体内转化实验的两个易错点

- (1) 并非所有的 R 型细菌都能被转化，只有少部分 R 型细菌被转化成 S 型细菌。
- (2) 格里菲思的转化实验仅能证明 S 型细菌中含有某种“转化因子”，但“转化因子”的本质不确定。

4. A 突破点 信息提取—伴性遗传

【解析】由题意推测种群中雄鼠的基因型有 3 种，即 XX^{SRY} 、 $X^{SRY}Y$ 、 XY^{SRY} ，A 正确；Y 染色体上带有 SRY 基因的片段转接到 X 染色体上属于染色体变异，B 错误；若雌鼠为 XX，其与 XX^{SRY} 杂交所得 F_1 小鼠中，XX 表现为雌性， XX^{SRY} 表现为雄性，雌雄比例为 1 : 1，若雌鼠基因型为 XY，其与 XX^{SRY} 杂交所得 F_1 小鼠中，XX、XY 表现为雌性， XX^{SRY} 、 $X^{SRY}Y$ 表现为雄性，雌雄比例为 1 :

1, C 错误; 若雌鼠基因型为 XY , 其与 XX^{SRY} 杂交所得 F_1 小鼠中, XX 、 XY 表现为雌性, XX^{SRY} 、 $X^{SRY}Y$ 表现为雄性, F_1 随机杂交得 F_2 , F_2 小鼠基因型及比例为 $XX : XY : XX^{SRY} : X^{SRY}Y = 3 : 4 : 6 : 2$, 雌雄比例为 $7 : 8$, D 错误。

5. C 考查点 ▶ 染色体变异及育种

思路分析

三体 ($2n+1$) 细胞减数分裂时, 3 条染色体任意两条染色体移向细胞一极, 另一条染色体随机移向细胞的另一极, 因此, 三体产生的配子有两种类型, 正常配子与异常配子的比例为 $1 : 1$ 。

【解析】大豆的染色体数目为 40, 三体大豆含有 41 条染色体, 在减数分裂过程中可形成 20 个正常的四分体, A 错误; 由题可知, 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为染色体数目正常, 而雌配子有染色体正常和染色体异常两种类型, 故 F_1 三体大豆经过减数分裂不会产生相同种类的雌、雄配子, 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, 若相关基因用 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 的植株占比为 $\frac{1}{3} \times \frac{1}{6} = \frac{1}{18}$, 故子代表型及比例为绿叶 : 黄叶 = $17 : 1$, 若 A/a 不在三体染色体上, 则亲本的基因型为 AA 和 aa , F_1 的基因型为 Aa , F_1 自交产生的后代的表型及比例为绿叶 : 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; 借助显微镜不能观察到突变的基因, D 错误。

6. A 突破点 ▶ 信息提取—分离定律的实质、生物进化的机制

【解析】“配子杀手”是某类基因, 模型一通过影响染色体的分配, 使“配子杀手”进入卵细胞, 而不进入极体, 那么模型一的实现可能依赖于初级和次级卵母细胞的不对称分裂, 使携带“配子杀手”的染色体进入大的子细胞(卵细胞)而不进入小的子细胞(极体), A 错误; 目标基因是“配子杀手”的等位基因, 二者不会位于同一条染色体上, B 正确; 模型三在减数分裂完成之前可能已经开始进行毒药的合成, 如果是在减数分裂完成之后合成, 那么毒药就不会在所有配子中发挥作用了, C 正确; 生物进化的实质是基因频率的定向改变, “配子杀手”可以让自身被传递给子代的概率增加, 必然使基因频率发生改变(即使此时没有环境选择压力), D 正确。

7. D 突破点 ▶ 信息提取—焦磷酸测序法进行 DNA 测序

【解析】在 DNA 合成过程中, 脱氧核苷三磷酸能够通过磷酸二酯键把脱氧核苷酸接到多核苷酸链的 $3'-OH$ 末端, A 正确; PPi 经过一系列的酶促反应后, 释放出的能量一部分可转化为光能, 从而发出荧光, B 正确; 根据碱基互补配对原则, 胞嘧啶(C)与鸟嘌呤(G)配对, 若胞嘧啶脱氧核苷三磷酸进入后能发出荧光, 说明模板链上此位置为 G, C 正确; 若将四种脱氧核苷三磷酸同时加入反应体系中, 就无法根据碱基配对产生荧光的情况来确定模板链上的碱基顺序, 不能提高 DNA 测序的效率, D 错误。

8. C 突破点 ▶ 信息提取—桥接 RNA

【解析】RNA 的合成需要 RNA 聚合酶的催化, 而 RNA 聚合酶结合在 DNA 的特定部位(启动子)才能启动转录过程, 所以控制重组酶和桥接 RNA 合成的 DNA 上有 RNA 聚合酶结合位点, A 正确; 根据题干信息“第二、三茎环将靶标序列和供体序列结合在

一起,使其在空间上相互靠近”,可以推断桥接 RNA 的第二、三茎环用于识别靶标序列和供体序列,B 正确;由题干可知是重组酶—桥接 RNA 复合物最终实现基因重组,从题图中及题干描述来看,是重组酶切割靶标序列和供体序列,然后实现 DNA 重组,C 错误;由题干可知该复合物主要实现基因重组,没有提及能实现基因突变或染色体变异,所以重组酶—桥接 RNA 复合物不能实现基因突变,D 正确。

9. C 突破点 ▶ 图表分析—双脱氧测序法

【解析】在进行序列时,模板链的数量需要足够多,以确保测序的准确性和可测性,如果模板链的数量不足,可能会导致测序结果不准确或无法进行,A 正确。患者的测序结果为 5'-CTACCTGTGAT-3',对比患者和对照个体的测序结果可知,患者该段序列中某位点的碱基 C 突变为 T,B 正确。依据双脱氧测序法的原理,可以确定每个泳道中的条带(DNA 片段)的 3'端的碱基,如+ddATP 的泳道中出现的条带(DNA 片段)的 3'端碱基就是 A,另外由于每个片段的起始点相同,但终止点不同,因此可以通过比较片段的长度来确定 DNA 序列中每个位置上的碱基;题图电泳方向为从上→下,即对应的 DNA 片段为长→短,则对应的 DNA 测序结果为 3'→5',如对照个体的电泳结果最短的条带为+ddCTP 泳道组的条带,则说明该 DNA 片段 5'端第一个碱基为 C,因此对照个体的测序结果为 5'-CTACCCGTGAT-3',C 错误;电泳时,产物的片段越大,迁移速率越慢,故据题图可知沿电泳方向,核苷酸链长度逐渐减小,D 正确。

10. BC 考查点 ▶ 伴性遗传的类型和特点

【解析】由题干信息可知,果蝇的正常刚毛(B)对截刚毛(b)为显性,这一对等位基因位于性染色体上;常染色体上的隐性基因 t 纯合时,会使性染色体组成为 XX 的受精卵发育成不育的雄性个体。截刚毛♀和正常刚毛♂杂交,截刚毛♀:截刚毛♂(tt 引起的 XX 受精卵发育成为不育雄性个体):正常刚毛♂=3:1:4,即不考虑 tt 影响的情况下,雌性全为截刚毛、雄性全为正常刚毛,则 B 和 b 基因位于 X 和 Y 的同源区段,且亲本基因型为 X^bX^b 、 X^bY^B , F_1 中截刚毛♀:截刚毛♂=3:1,即 $T_-:tt=3:1$,则亲代相关基因型组合为 $Tt \times Tt$ 。综上所述,亲本基因型为 TtX^bX^b 、 TtX^bY^B ,A 错误。亲本基因型为 TtX^bX^b 、 TtX^bY^B , F_1 中雄性个体的基因型有 4 种,分别为 ttX^bX^b (不育)、 TTX^bY^B 、 TtX^bY^B 、 ttX^bY^B ,可育雄性基因型之比为 1:2:1; F_1 中雌性个体的基因型有 2 种,即 TTX^bX^b : $TtX^bX^b=1:2$,B 正确。 F_1 中雄性个体产生的精子的基因型及比例为 $TX^b:tX^b:TY^B:tY^B=1:1:1:1$, F_1 中雌性个体产生的卵细胞的基因型及比例为 $TX^b:tX^b=2:1$,若自由交配产生 F_2 ,其中雌性个体的基因型及比例为 $TTX^bX^b:TtX^bX^b=2:3$,纯合子的比例为 $\frac{2}{5}$,截刚毛雄性个体(ttX^bX^b)所占比例为 $\frac{1}{4} \times \frac{1}{3} = \frac{1}{12}$,C 正确,D 错误。

11. AD 突破点 ▶ 图表分析—遗传系谱图分析

题图解读

据图 1 分析,A 型血的基因型为 $H_I I^A$,B 型血的基因型为 $H_I I^B$,AB 型血的基因型为 $H_I I^A I^B$,O 型血的基因型为 $H_I ii$,孟买血型的基因型为 $hh_ _$ 。

【解析】根据图 2 的遗传系谱图,Ⅲ₂ 为 $H_I I^A I^B$,Ⅱ₄ 为 $H_I I^A$,则Ⅱ₃ 一定含 I^B 基因,因此可以确定Ⅱ₃ 是孟买血型,A 正确;从系谱图中可以看出,Ⅰ₁ 为 B 型血,且后代中出现了孟买血型(Ⅱ₃),孟买血型的产生需要 $hh_ _$ 的基因型,可以推断Ⅰ₁ 必然

携带 h 基因,同时,由于 I_1 是 B 型血,必然携带 I^B 基因,因此, I_1 的基因型为 HhI^B ,不能完全确定一定是 $HhI^B i$,B 错误;孟买血型的个体红细胞上没有 A、B、H 抗原,但孟买血型个体血浆中含有抗 H 抗体,它可以和 O 型血个体红细胞上的 H 抗原发生反应,因此一旦接受了 O 型血,就可能发生溶血反应,从安全的角度来看,孟买血型个体不可以接受 O 型血,C 错误;由题图 2 可知, III_2 是 AB 型血,由于 II_3 的基因型为 hhI^B , III_2 的基因型是 $HhI^A I^B$,与孟买血型女性 (hh) 婚配后,女儿为孟买血型 (hh) 的概率是 $\frac{1}{2}$,D 正确。

12. ABD 突破点 ▶ 图表分析—基因表达的调控

【解析】据图可知,成熟 miRNA 会下调转录抑制因子或转录激活因子,从而调控基因的表达,属于转录水平的调控,存在反馈调节机制,A、B 正确;内含子 miRNA 的形成所需的 RNA 聚合酶兼有解旋作用,不需要解旋酶催化,C 错误;某些疾病(如肿瘤等)可通过调控转录加以治疗,D 正确。

13. (1) 若为隐性遗传病,则 2、4、6 个体均携带致病基因(为杂合子),又因该病为罕见病,4、6 等家族外成员不太可能均携带致病基因 (2) $G \rightarrow A$ (或 $C \rightarrow T$) 异亮氨酸替代苏氨酸后, dbt 的空间结构发生改变 (3) ① $\frac{1}{4}$ $GAL4$ 导入了雌、雄果蝇的非同源染色体上 神经 ② 甲组将 $GAL4$ 品系果蝇与 $UAS-a$ 品系果蝇杂交,乙组将 $GAL4$ 品系果蝇与 $UAS-A$ 品系果蝇杂交,检测甲、乙两组子代果蝇睡眠清醒节律的变化 甲组子代果蝇的睡眠清醒节律无变化,乙组子代果蝇的睡眠清醒节律发生改变

突破点 ▶ 信息提取—遗传系谱图的分析、基因突变及其与性状的关系

【解析】(1) 显性遗传病常表现出代代连续遗传,患者的父母中至少有一方是患病的,对患有 FASPS 的某患者家族进行调查,可以看出该遗传系谱图中代代都有患者,具有连续性。若该病为隐性遗传病,则 2、4、6 个体均携带致病基因(为杂合子),又因该病为罕见病,4、6 等家族外成员不太可能均携带致病基因,所以该遗传病最可能是显性病,不太可能是隐性病。

(2) 苏氨酸(密码子为 ACU、ACC、ACA、ACG) 变为异亮氨酸(密码子为 AUU、AUC、AUA),可以看出是 mRNA 中 $C \rightarrow U$ 、 $G \rightarrow A$,正常基因(a) 相应位置中的碱基为 $C-G$,突变后基因(A) 中应为 $T-A$,即由碱基对 $C-G \rightarrow T-A$ (或 $G-C \rightarrow A-T$); dbt 的活性下降的直接原因是蛋白质的结构发生了改变,即苏氨酸变为异亮氨酸后使 dbt 的空间结构发生改变,因而 dbt 的活性下降。

(3) ① 构建 $GAL4$ 纯合果蝇品系时,在一雌果蝇和一雄果蝇的常染色体上分别导入一个 $GAL4$,如果在—对同源染色体上,相当于雌雄果蝇均为杂合子,该雌、雄果蝇交配后,子代果蝇中含有两个该基因的个体(看作是纯合子)占子代的 $\frac{1}{4}$,如果子代果蝇全不符合要求,最可能的原因是这两个 $GAL4$ 导入了雌雄果蝇的非同源染色体。为不影响其他细胞的生理功能, $GAL4$ 应在果蝇的神经细胞中特异性表达,从而去研究该基因在睡眠清醒节律中的作用。② 为了验证 A 基因是引起睡眠清醒节律失调的基因,则该基因的有无是实验的自变量,可用 $GAL4$ 果蝇,分别与 $UAS-a$ (甲组)、 $UAS-A$ (乙组) 果蝇品系杂交,检测子代的睡眠清醒节律的变化:如果 A 基因是引起睡眠清醒节律失

调的基因,则乙组子代果蝇的睡眠清醒节律发生改变,而甲组子代果蝇的睡眠清醒节律不发生改变。

14. (1) 诱变育种 提高突变率,创造人类需要的生物新品种 基因突变具有不定向性 ① (2) 6 无子代 窄叶粗茎:窄叶中粗茎:宽叶细茎=1:2:1

突破点 ▶ 图表分析—染色体变异和育种

【解析】(1) 用紫外线照射处理以期获得控制颗粒饱满和抗病性状的基因不变但显性纯合均致死的品系,这种育种方法称为诱变育种,其优点是可提高突变率,创造人类需要的生物新品种。由于突变具有不定向性,因此对紫外线照射处理后的植株进行筛选时工作量巨大。由于该品系中控制颗粒饱满和抗病性状的基因不变但显性纯合均致死,要使子代均为杂种(AaBb),即要使 b 和 a 分别与 A 和 B 连锁,才能出现 AAbb、aaBB 纯合个体致死的情况,因此两对基因的位置应如①中所示。

(2) 已知窄叶对宽叶为显性,受一对等位基因 D、d 控制。茎的粗细受另一对等位基因 E、e 控制,基因型 EE 表现为粗茎,Ee 表现为中粗茎,ee 表现为细茎,如果基因型为 DdEe 的个体没有发生易位,则根据自由组合定律,后代表型会出现 2(窄叶和宽叶)×3(粗茎、中粗茎和细茎)=6(种),比例是(3:1)×(1:2:1)=3:6:3:1:2:1,即如果出现 6 种表型则该植株没有发生染色体易位;根据题意知,仅一条染色体发生这种易位的植株将不育,因此如果该植株仅有一条染色体发生末端易位,则不会产生后代;若 E、e 所在染色体片段均发生了易位,且 e 基因连在 d 基因所在的染色体上,E 基因连在 D 基因所在的染色体上,则该植株产生的配子类型及比例为 DE:de=1:1,因为雌雄配子随机结合,故自交后代的基因型及比例是 DDEE:DdEe:ddee=1:2:1,即窄叶粗茎:窄叶中粗茎:宽叶细茎=1:2:1。