

必修 2

第 5 章 遗传的基本规律

第 1 节 基因的分离定律

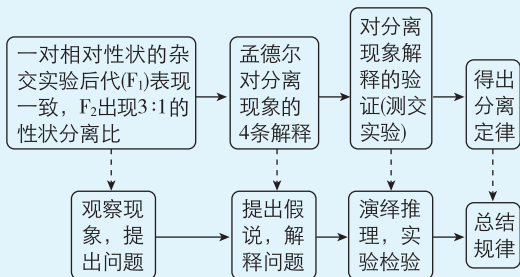
刷基础

1. C 考查点 ▶ 假说—演绎法

【解析】生物的性状是由遗传因子决定的,属于孟德尔对分离现象提出的假说,A 错误;由 F_2 出现了“3:1”推测,生物体产生配子时成对的遗传因子彼此分离,属于孟德尔对分离现象的解释,B 错误;若 F_1 产生配子时成对遗传因子分离,则让 F_1 与隐性纯合子杂交,根据假说,推测出测交后代会出现两种性状,比例接近 1:1,属于孟德尔在发现基因分离定律时的“演绎”过程,C 正确;若 F_1 产生配子时成对的遗传因子分离,受精时,雌雄配子的结合是随机的,则 F_2 中三种基因型比例接近 1:2:1,属于孟德尔对分离现象的解释,D 错误。

刷有所得

假说—演绎法的一般流程:(以孟德尔一对相对性状实验为例)



2. B 考查点 ▶ 分离定律中的概率计算

【解析】假设控制高茎和矮茎这对相对性状的基因为 D 、 d , 据题意, 用多株纯合高茎植株 (DD) 作母本、矮茎植株 (dd) 作父本进行杂交, 则子一代植株基因型均为 Dd , 子一代自交, 由于携带矮茎基因的花粉只有 $\frac{2}{3}$ 能够成活, 故子一代产生的雄配子基因型及概率为 $\frac{3}{5}D$ 、 $\frac{2}{5}d$, 产生的雌配子基因型及概率为 $\frac{1}{2}D$ 、 $\frac{1}{2}d$, 子二代中 dd 所占比例为 $\frac{2}{5} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{5}$, $D_$ 所占比例为 $1 - \frac{1}{5} = \frac{4}{5}$, 因此子二代的性状分离比为 4:1, B 正确。

易错警示

充分利用题干信息作答: 具有相对性状的两纯合亲本杂交, 子一代均为杂合子, 不受雄配子成活率的影响, 子一代杂合子产生的携带矮茎基因的花粉 (内含精子) 有 $\frac{2}{3}$ 能够成活, 但产生的两种卵细胞全部成活。

3. C 考查点 ▶ 逐代“淘隐”问题计算

【解析】淘汰前, 该羊群中白毛和黑毛的基因频率各占一半, 黑色个体 ($B_$) 所占比例为 $\frac{1}{2} \times \frac{1}{2} + 2 \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{3}{4}$, 故黑色个体数量多于白色个体数量, A 正确; 淘汰一代后剩余个体基因型及比例为 $BB:Bb=1:2$, 再自由交配一代, 子代基因型及比例为 $BB:Bb:bb=4:4:1$, 淘汰掉基因型为 bb 的个体后基因型及比例为 $BB:Bb=1:1$, b 的基因频率下降到 $\frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{4}$, 羊群中基因型为 Bb 的个体占 $\frac{1}{2}$, B 正确, C 错误; 若每代均不淘汰, 不论交配多少

代,基因频率均不变,羊群中纯合子的比例均为 $\frac{1}{2}$,D 正确。

4. C 考查点 ▶ 复等位基因

信息提取

根据题意分析可知,G 基因决定雄株,g 基因决定两性植株, g^- 基因决定雌株。基因 G 对 g、 g^- 是显性,基因 g 对 g^- 是显性,两性植株的基因型为 gg 和 gg^- ,雄株植株的基因型为 Gg 和 Gg^- ,雌株植株的基因型为 g^-g^- ,复等位基因 G、g、 g^- 的遗传遵循分离定律。

【解析】据题干信息可知,雌性植株和两性植株均不能提供含 G 基因的雌配子,所以自然群体中 GG 这种基因型的雄株是不存在的,故自然群体中喷瓜植株共有 5 种基因型,即 Gg、 Gg^- 、gg、 gg^- 、 g^-g^- ,一株喷瓜最多可以产生 2 种不同基因型的配子,A 正确;据题干信息可知,基因 G 对 g、 g^- 是显性,基因 g 对 g^- 是显性,若要对基因的分离定律进行验证,可采用测交的方式,雄株(Gg 、 Gg^-)能产生两种配子,雌株均为隐性纯合子,基因型为 g^-g^- ,故可选择的亲本表型组合最好为雄株×雌株,B 正确;据题干信息可知,基因型为 Gg 和 Gg^- 的植株均为雄株,无法杂交产生后代,C 错误;若基因型为 Gg、 Gg^- 的植株(比例为 1:2)与基因型为 g^-g^- 的植株混合种植,雄株产生的配子类型及比例为 G:g: g^- =3:1:2,基因型为 g^-g^- 的植株只能产生 g^- 一种配子,所以后代基因型及比例为 Gg^- :gg: g^-g^- =3:1:2,则后代表型及比例为雄株:两性植株:雌株=3:1:2,D 正确。

5. BC 考查点 ▶ 母性效应

信息提取

椎实螺外壳旋向的遗传规律是子代旋向只由其母本核基因型决定,这样就形成了母本的基因型控制子代表型的现象(只控制子代)。若母本的基因型为 DD,父本的基因型为 dd, F_1 的基因型为 Dd,表型全是右旋。

【解析】♀DD×♂dd, F_1 的基因型为 Dd,由于子代旋向只由其母本核基因型决定,母本基因型为 DD,所以 F_1 全是右旋, F_1 自交产生的 F_2 基因型有 DD、Dd、dd,但旋向由 F_1 (母本)的基因型 Dd 决定,所以 F_2 也全是右旋, F_3 表型由其母本(F_2)决定,故 F_3 中右旋:左旋=3:1,A、D 正确;若母本的基因型为 dd,父本的基因型为 Dd, F_1 的基因型及比例为 Dd:dd=1:1,表型全是左旋, F_2 的表型与母本核基因型有关,这样 F_2 中以 Dd 为母本的个体表现为右旋性状,以 dd 为母本的个体表现为左旋性状,且比例为 1:1,B 错误;若母本的基因型为 dd,父本的基因型为 DD, F_1 的基因型 Dd,表型全是左旋, F_2 的基因型有 DD、Dd 和 dd,但表型全是右旋, F_3 表型由其母本(F_2)决定,故 F_3 中右旋:左旋=3:1,C 错误。

6. B 考查点 ▶ 分离定律的实质和应用、表观遗传

【解析】表观遗传是指基因的碱基序列不发生变化,但基因的表达和表型却发生可遗传变化的现象,比如基因甲基化修饰,小鼠的毛色遗传现象属于表观遗传,A 正确;如果子一代只有一种表型,亲本基因型可以都是 aa,也可以是雌性基因型为 aa,雄性基因型为 Aa,只是雄配子中的 A 基因被甲基化而在子代中不能表达,B 错误;两只突变型小鼠杂交,即使双亲均为杂合子,由于来自父方的 A 基因不能表达, F_1 中野生型最多占比为 $\frac{1}{2}$,C 正确;自由交配不改变群体中基因型比例,产生的配子种类及比例也不变,生殖细胞形成时雄配子中的 A 基因依然会被甲基化,所以带有甲基化 A 基因的雄配子比例不变,后代的表型比例也不变,

D 正确。

7. B 突破点 ▶ 信息提取—基因分离定律的实质和应用

【解析】由题意可知,近交系数是指一个个体从某一祖先得到一对纯合的、而且遗传上等同的基因的概率,由家系图可知,图中的传递关系可为 $P_1 \rightarrow B_1 \rightarrow S$, 则 B_1 基因型及概率为 $\frac{1}{4}a_1a_3$ 、 $\frac{1}{4}a_1a_4$ 、 $\frac{1}{4}a_2a_3$ 、 $\frac{1}{4}a_2a_4$, 再传递到 S , 则各有 $\frac{1}{4}$ 的机会, 具体表示如下:

$$\begin{aligned} & \left. \begin{array}{l} a_1: P_1 \rightarrow B_1 \rightarrow S \\ a_1: P_1 \rightarrow B_2 \rightarrow S \end{array} \right\} \frac{1}{4} \times \frac{1}{4} a_1 a_1 \\ & \left. \begin{array}{l} a_2: P_1 \rightarrow B_1 \rightarrow S \\ a_2: P_1 \rightarrow B_2 \rightarrow S \end{array} \right\} \frac{1}{4} \times \frac{1}{4} a_2 a_2 \\ & \left. \begin{array}{l} a_3: P_2 \rightarrow B_1 \rightarrow S \\ a_3: P_2 \rightarrow B_2 \rightarrow S \end{array} \right\} \frac{1}{4} \times \frac{1}{4} a_3 a_3 \\ & \left. \begin{array}{l} a_4: P_2 \rightarrow B_1 \rightarrow S \\ a_4: P_2 \rightarrow B_2 \rightarrow S \end{array} \right\} \frac{1}{4} \times \frac{1}{4} a_4 a_4 \end{aligned}$$

故 S 的近交系数 $= \frac{1}{16} \times 4 = \frac{1}{4}$, A 、 C 、 D 错误, B 正确。

8. ABD 突破点 ▶ 图表分析—基因分离定律的实质

【解析】因为单倍体雄虫由卵细胞直接发育而来,雌虫能产生含 D_1 、 D_2 、 D_3 的三种配子,所以单倍体雄虫有 D_1 、 D_2 、 D_3 三种基因型,雌虫的 D 基因杂合,有 D_1D_2 、 D_1D_3 、 D_2D_3 三种基因型, A 正确; D_1D_2 雌虫与 D_3 雄虫杂交, F_1 雌虫基因型为 D_1D_3 、 D_2D_3 , 产生的卵细胞基因型及比例为 $D_1 : D_2 : D_3 = 1 : 1 : 2$, F_1 雄虫产生精子的基因型及比例为 $D_1 : D_2 = 1 : 1$, 则 F_2 雌虫 (D 基因杂合) 的基因型及比例为 $D_1D_2 = D_1D_3 = D_2D_3 = 1 : 1 : 1$, B 正确; 由 B 项分析可知, F_1 卵细胞的基因型及比例为 $D_1 : D_2 : D_3 = 1 : 1 : 2$, 精子的基因型及比例为 $D_1 : D_2 = 1 : 1$, 结合题图, 雌虫产生的卵细胞有 50% 发育为单倍体雄虫, 50% 与精子结合发育为受精卵, D 基因纯合则发育为二倍体雄虫, 故雄虫的基因型有 D_1 、 D_2 、 D_3 、 D_1D_1 、 D_2D_2 五种, 分别占 F_2 的 $\frac{1}{8}$ 、 $\frac{1}{8}$ 、 $\frac{2}{8}$ 、 $\frac{1}{16}$ 、 $\frac{1}{16}$, 故五种基因型的比例为 $2 : 2 : 4 : 1 : 1$, C 错误; F_1 雌虫基因型为 D_1D_3 、 D_2D_3 , 产生的卵细胞基因型及比例为 $D_1 : D_2 : D_3 = 1 : 1 : 2$, F_1 雄虫产生精子基因型及比例为 $D_1 : D_2 = 1 : 1$, 则 F_2 二倍体个体中雌虫 (D_1D_2 、 D_1D_3 、 D_2D_3) : 雄虫 (D_1D_1 、 D_2D_2) = $3 : 1$, D 正确。

9. D 突破点 ▶ 图表分析—基因分离定律的应用与电泳图分析

题图解读

根据电泳条带分析可知,两个个体为杂合子,两个个体为纯合子,若基因位于 Z 染色体上,设繁殖期表现出短羽冠的雄性鹌鹑基因型为 Z^sZ^s ,繁殖期表现出长羽冠的雌性鹌鹑基因型为 $Z^G W$,子代为 Z^sZ^G 和 Z^sW ,因子代不满足两个纯合、两个杂合的情况,与题目不符;若基因在常染色体上,短羽冠的雄性鹌鹑基因型为 gg ,长羽冠的雌性鹌鹑基因型为 GG ,子代的基因型为 Gg ,则①和③是子代、②和④是亲代的基因检测结果,与题目相符。若短羽冠的雄性鹌鹑基因型为 gg ,长羽冠的雌性鹌鹑基因型为 Gg ,子代基因型为 Gg 和 gg ,与题目不符。

【解析】根据题图解读可知,基因 G 和 g 位于常染色体上,①和③是子代的基因检测结果、②和④是亲代的基因检测结果,亲本的基因型为 gg (雄性) 和 GG (雌性),子代个体的基因型都是 Gg ,若

亲本继续繁殖,子代个体的基因型都相同, F_1 的基因型为 Gg ,相互交配,子代基因型及比例为 $GG:Gg:gg=1:2:1$,无论雌雄都是长羽冠:短羽冠 $=3:1$,所以子代繁殖期出现长羽冠雄性的概率为 $\frac{3}{4} \times \frac{1}{2} = \frac{3}{8}$,A、B、C 正确,D 错误。

10. D 考查点 ▶ 自交不亲和系统中的杂交实验

【解析】题表中能产生子代的父本都只有 1 种基因型的精子(与母本产生的卵细胞基因型不同的)与母本产生的 2 种卵细胞受精,故题表中任意杂交组合所得子代的基因型比例均为 $1:1$,A 正确;由分析可知,当花粉所含 S 基因与卵细胞的 S 基因种类相同时,该花粉管就不能伸长完成受精,所以自然条件下,烟草不存在 S 基因的纯合子,B 正确;假设两种基因型的烟草分别为 $S_1S_2 \times S_2S_3$,若正交为 $S_1S_2(\text{♀}) \times S_2S_3(\text{♂})$ 时,则后代基因型为 S_1S_3 和 S_2S_3 ,若反交为 $S_1S_2(\text{♂}) \times S_2S_3(\text{♀})$ 时,则后代基因型为 S_1S_2 和 S_1S_3 ,故将两种基因型的烟草进行正反交,两组子代中有基因型相同的个体,C 正确; $S_1S_2(\text{♀}) \times S_2S_3(\text{♂})$ 所得 F_1 为 S_1S_3 和 S_2S_3 , F_1 自由交配,即 $S_1S_3(\text{♀}) \times S_2S_3(\text{♂})$ 、 $S_1S_3(\text{♂}) \times S_2S_3(\text{♀})$, $S_1S_3(\text{♀}) \times S_2S_3(\text{♂})$ 产生的 F_2 基因型为 S_1S_2 和 S_2S_3 ,比例为 $1:1$, $S_1S_3(\text{♂}) \times S_2S_3(\text{♀})$ 产生的 F_2 基因型为 S_1S_2 和 S_1S_3 ,比例为 $1:1$,即 F_2 的基因型及比例为 $S_1S_2:S_2S_3:S_1S_3=2:1:1$,故 F_2 中基因型与亲本相同的个体占 $\frac{3}{4}$,D 错误。

易错警示

在自交不亲和系统中,花粉的 S 基因与花柱的 S 基因相同时,花粉会被抑制。因此花粉中携带的 S 基因若与花柱中任意一个 S 基因相同,则该花粉不能萌发,只有携带与花柱的 S 基因不同的花粉才能成功受精。

刷 提分

1. AB 突破点 ▶ 信息提取—分离定律的应用

【解析】由题意可知,纯合的体型正常雄性小鼠与体型矮小的雌性小鼠进行交配, F_1 小鼠均表现为体型正常,子代性状与父本相同,因此推测小鼠的体型是由父方染色体上的基因被标上“印记”决定的,A 错误; F_1 小鼠均表现为体型正常(含被标上“印记”的基因 A), F_1 雌雄小鼠相互交配得 F_2 ,若遗传过程中“印记”不变,则理论上 F_2 小鼠中体型正常与体型矮小的比例为 $3:1$,而实际上 F_2 小鼠中体型正常与体型矮小的比例为 $1:1$,说明在形成配子时,旧的“印记”会被“擦除”,即 F_1 中的雌性小鼠在形成配子时,来自亲本的基因印记会被“擦除”,B 错误,C 正确;由题意可知, F_2 小鼠中体型正常与体型矮小的比例为 $1:1$,基因型为 AA、Aa 的体型正常小鼠各占 $\frac{1}{2}$,则体型正常的雌雄小鼠自由交配(产生配子类型及比例为 $\frac{3}{4}A$ 、 $\frac{1}{4}a$,但只有父方配子被标上“印记”,母方配子原有“印记”被擦除),故后代体型正常概率为 $\frac{3}{4}$,D 正确。

2. ABD 突破点 ▶ 信息提取—基因突变与基因分离定律

【解析】由于灰体突变体属于永久杂种,即灰体昆虫均为杂合体,说明灰体对黑体为显性,灰体突变体发生了显性突变,且 A 基因纯合致死,因此在体色性状的代代相传中,A 的基因频率会逐渐降低,A 错误,C 正确;杂交实验①②属于正反交,正反交的结果相同,说明 A、a 基因位于常染色体上,B 错误;杂交实验①的 F_1

中灰体昆虫 (Aa) 与黑体昆虫 (aa) 各占 $\frac{1}{2}$, 产生雌雄配子情况为 $\frac{1}{4}A$ 、 $\frac{3}{4}a$, F_1 昆虫随机交配, F_2 中存在 $\frac{1}{16}AA$ 致死, 则黑体昆虫占 $\frac{\frac{3}{4} \times \frac{3}{4}}{1 - \frac{1}{16}} = \frac{3}{5}$, D 错误。

3. A 突破点 ▶ 信息提取—自私基因

【解析】由题可知, Rr 自交产生的 F_1 中 $RR : Rr : rr = 3 : 4 : 1$ 且不含 R 基因的花粉部分死亡, 可推知产生的雄配子类型及比例为 $R : r = 3 : 1$, 可判断亲代 Rr 产生的含 r 花粉有 $\frac{2}{3}$ 死亡, A 正确。 F_1 中 RR 占 $\frac{3}{8}$, Rr 占 $\frac{4}{8}$, rr 占 $\frac{1}{8}$, 产生含 R 的雌配子占比为 $\frac{3}{8} + \frac{1}{2} \times \frac{4}{8} = \frac{5}{8}$, 含 r 的雌配子占比为 $\frac{1}{8} + \frac{1}{2} \times \frac{4}{8} = \frac{3}{8}$, 即 $R : r = 5 : 3$, B 错误。 F_1 产生的雌配子 $R = \frac{5}{8}$, 雌配子 $r = \frac{3}{8}$; 由于 R 基因会导致同株水稻产生的不含该基因的花粉中有 $\frac{2}{3}$ 死亡, 则 F_1 产生的雄配子 $R = \frac{5}{8}$, 雄配子 $r = \frac{1}{8} + \frac{1}{3} \times \frac{1}{2} \times \frac{4}{8} = \frac{5}{24}$, 即雄配子 $R = \frac{3}{4}$, 雄配子 $r = \frac{1}{4}$; F_1 雌雄配子随机结合, F_2 中基因型为 rr 的个体所占比例为 $\frac{3}{8} \times \frac{1}{4} = \frac{3}{32}$, C 错误。每一代都会有含 r 基因的花粉死亡, 因此 R 基因的频率会越来越高, 该水稻种群发生进化, 但不一定产生了生殖隔离, 即不一定形成了新物种, D 错误。

4. (1) 相对性状 基因的分离 (2) $C_2 > C_1 > C_3$ C_2C_1 (3) ①位于一对同源(常)染色体上 F_1 雌果蝇在减数分裂 I 前期, 眼色基因所在的染色体片段发生了互换; 而 F_1 雄果蝇不发生互换
②暗红眼 : 棕色眼 : 朱红眼 : 白眼 = 71 : 4 : 4 : 21

(4) ① $AaBb$ ② $\frac{1}{4}$ $\frac{2}{7}$

突破点 ▶ 信息提取—基因分离定律的应用

【解析】(1) 同一生物同一种性状的不同表现类型称为相对性状, 黑腹果蝇的长触角、中触角和无触角属于相对性状。结合题干信息可知, 长触角、中触角和无触角分别受位于一对常染色体上的 C_1 、 C_2 、 C_3 基因控制, 位于一对同源染色体上的基因遗传时遵循基因的分离定律。

(2) 长触角、中触角和无触角分别受位于一对常染色体上的 C_1 、 C_2 、 C_3 基因控制, 科研人员用中触角雌果蝇 (C_2) 与纯合无触角雄果蝇 (C_3C_3) 杂交, 子一代既有中触角 (C_2), 又有长触角 (C_1)。由此推测中触角雌性亲本的基因型为 C_2C_1 , 子一代中触角的基因型为 C_2C_3 , 长触角的基因型为 C_1C_3 , 则 C_1 、 C_2 和 C_3 的显隐性关系为 $C_2 > C_1 > C_3$ 。

(3) ①根据题干信息“科研人员让野生型果蝇与白眼果蝇进行了正反交实验, F_1 均为暗红眼”可知, 黑腹果蝇控制眼色的两对基因均位于常染色体上。设相关基因用 D/d 、 E/e 表示, 结合图 2 分析可知, 暗红眼个体的基因型为 $D_E_$, 白眼个体的基因型为 $ddee$ 。科研人员让野生型果蝇与白眼果蝇进行正反交实验, F_1 均为暗红眼 ($DdEe$), 则野生型亲本果蝇的基因型为 $DDEE$ 。再根据 F_1 ($DdEe$) 与白眼果蝇 ($ddee$) 进行正反交实验的结果可知, 这两对等位基因位于一对常染色体上。 F_1 作父本, 白眼果蝇作

母本时, F_1 产生的配子类型及比例为 $DE : de = 1 : 1$, F_2 的表型(基因型)及比例为暗红眼($DdEe$) : 白眼($ddee$) = $1 : 1$; F_1 作母本, 白眼果蝇作父本时, F_1 产生的配子类型及比例为 $DE : De : dE : de = 21 : 4 : 4 : 21$, F_2 的表型及比例为暗红眼 : 棕色眼 : 朱红眼 : 白眼 = $21 : 4 : 4 : 21$ 。 F_1 与白眼果蝇正反交实验结果不同的原因可能是 F_1 雌果蝇在减数分裂 I 前期, 眼色基因所在的染色体片段发生了交换, 而 F_1 雄果蝇在减数分裂 I 前期, 眼色基因所在的染色体片段不发生交换。② F_1 暗红眼雌果蝇产生的配子类型及比例为 $DE : De : dE : de = 21 : 4 : 4 : 21$, F_1 暗红眼雄果蝇产生的配子类型及比例为 $DE : de = 1 : 1$, 让 F_1 暗红眼雌、雄果蝇自由交配, 理论上所得 F_2 表型及比例为暗红眼 : 棕色眼 : 朱红眼 : 白眼 = $71 : 4 : 4 : 21$ 。

(4) ①结合题干信息及题图 3 分析可知, A 基因与 b 基因连锁, a 基因与 B 基因连锁, 且基因 A、B 为显性纯合致死基因(含有 AA 或 BB 时果蝇致死), 则让含有如题图 3 所示第 II 平衡染色体的果蝇($AaBb$) 杂交, 后代基因型均为 $AaBb$ 。②将具有某隐性突变性状的突变型果蝇(由常染色体上的一对隐性基因控制, 用基因 c 表示, 且无题图中的显性致死基因)与第 II 平衡染色体野生型果蝇杂交, 则该突变体基因型可表示为 $ccaabb$, 野生型果蝇基因型表示为 $CCAaBb$, 杂交得到 F_1 的基因型为 $CcAabb$ 、 $CcaaBb$, 让 F_1 雌雄果蝇相互交配得 F_2 。若该隐性突变基因不位于第 II 染色体上, F_1 ($CcAabb$ 、 $CcaaBb$) 雌雄果蝇交配, 突变型(cc) 所占比例为 $\frac{1}{4}$; 若该隐性突变基因位于第 II 染色体上, 则 F_1 产生的配子类型及比例为 $CAb : cab : CaB = 1 : 2 : 1$, 由于 AA 或 BB 纯合致死, 所以 F_2 中表型及比例为野生型($CcAabb$ 、 $CCAaBb$ 、 $CcaaBb$) : 突变型($ccaabb$) = $2 \times (\frac{2}{16} + \frac{1}{16} + \frac{2}{16}) : \frac{4}{16} = 5 : 2$, 所以 F_2 中突变型所占比例为 $\frac{2}{7}$ 。

5. (1) 发育正常 设计正交实验: $Gg(\text{♀}) \times gg(\text{♂})$ 、反交实验: $Gg(\text{♂}) \times gg(\text{♀})$ 正交实验所得玉米基因型为 gg , 结实率为 50%; 反交实验所得玉米基因型及比例为 $Gg : gg = 1 : 1$, 结实率为 100% (2) $\frac{1}{2}$ A 转入了 g 所在的染色体且发生了染色体互换 (3) 父本 筛选后代中基因型为 Gg 的玉米 籽粒均为黄色 籽粒出现紫色

突破点 ▶ 实验探究—基因分离定律相关实验设计

【解析】(1) 组 1 和组 2 结果说明 G 或 g 的雌、雄配子均发育正常, 因而两组的结实率均为 100%。组 3 和组 4 互为正反交实验, 两组实验结果不同, 据此推测玉米杂交不亲和是单向的, 即只发生在 g 花粉和 G 卵细胞间而不发生在 G 花粉和 g 卵细胞间。为了证明上述结论, 可设计正反交实验统计后代的性状表现即可, 这里选择的材料是 $Gg(\text{♀}) \times gg(\text{♂})$ 、 $Gg(\text{♂}) \times gg(\text{♀})$; $Gg(\text{♀}) \times gg(\text{♂})$ 杂交时, g 花粉和 G 卵细胞间存在杂交不亲和现象, 不能产生后代, 因此 g 花粉只能与 g 卵细胞结合产生后代, 基因型为 gg , 结实率为 50%, 而 $Gg(\text{♂}) \times gg(\text{♀})$ 杂交时, 卵细胞为 g, 则后代基因型及比例为 $Gg : gg = 1 : 1$, 结实率 100%。

(2) 玉米 $2n = 20$, 有 10 对染色体, 编号 1~10, G/g 位于 5 号染色体上, 现将一抗玉米螟的基因 A 转入基因型为 Gg 的雄株, 将获得的系列品系的花粉授给基因型为 GG 的玉米, 若转入 5 号染色体且与 G 连锁, 则产生的后代基因型为 GGA , 100% 抗玉米螟, 若转入 5 号染色体且与 g 连锁, 则产生的后代基因型为 GG , 抗玉米螟的比例为 0, A 也可能转入另外 9 对染色体, 且情况均一样, 以

转入 1 号染色体为例,转入 1 号染色体的一条上,产生抗玉米螟后代比例为 $\frac{1}{2}$,转入 1 号染色体的另一条上,产生抗玉米螟后代比例也为 $\frac{1}{2}$,因此若 A 基因转入 1 号染色体,子代抗玉米螟玉米约占 $\frac{1}{2}$;有一种杂交组合子代抗玉米螟玉米占比为 20%,说明 A 基因转入 g 所在的染色体,且与 G 所在的染色体发生了染色体互换,导致杂交后代抗玉米螟玉米占比为 20%。

(3) ①黄粒爆裂玉米品系(♂)基因型为 GG,甲品系(♀)基因型为 gg, F_1 基因型为 Gg,由于甲品系基因型为 gg,结合题表可知,若 gg 作父本则子代不会出现基因型为 Gg 的子代,故 gg 应作为母本,故 F_1 应作为父本进行回交;Gg 作父本与黄粒田间玉米甲品系(gg)为母本进行回交,产生 F_2 基因型为 Gg、gg,筛选后代中基因型为 Gg 的玉米与黄粒田间玉米甲品系(gg)连续回交和筛选,目的是获得足够数量的基因型为 Gg 玉米。②野生型田间紫色玉米的基因型为 gg,玉米丙(黄色)的基因型为 Gg 或 GG,为检验玉米丙(黄色)单向异交不亲和性状的稳定性,在玉米丙(GG 或 Gg)周围种植野生型紫色玉米(gg),观察玉米丙雌穗籽粒颜色,由于玉米之间可以随机传粉,则若玉米丙的基因型为 GG,则其无法接受来自紫色玉米的 g 花粉,其上的籽粒颜色均为母本的黄色,能够稳定遗传;若玉米丙的基因型为 Gg,则其可以接受来自紫色玉米的 g 花粉,子代中会出现紫色,不能稳定遗传。

第 2 节 基因的自由组合定律

刷基础

1. D 考查点 ▶ 信息提取—自由组合定律的概率计算

【解析】若控制两对性状的两对等位基因位于同一对同源染色体上时,这两对性状也都遵循分离定律,故不能依据两对性状的遗传都遵循分离定律,得出这两对性状的遗传遵循自由组合定律,A 错误; F_1 产生的雄配子总数往往多于雌配子总数,B 错误;自然条件下将 F_2 中黄色圆粒个体混合种植,由于豌豆是自花传粉植物,只有基因型为双杂合的个体自交,后代才会产生绿色皱粒豌豆,故后代出现绿色皱粒的概率为 $\frac{4}{9} \times \frac{1}{16} = \frac{1}{36}$,C 错误;从 F_2 的绿色圆粒植株中任取两株,这两株基因型相同的概率为 $\frac{1}{3} \times \frac{1}{3} + \frac{2}{3} \times \frac{2}{3} \times \frac{5}{9} = \frac{5}{9}$,则两株基因型不同的概率为 $1 - \frac{5}{9} = \frac{4}{9}$,D 正确。

刷有所得

基因的自由组合定律分析

研究对象	位于非同源染色体上的非等位基因
发生时间	减数分裂 I 后期而非配子结合时
实质	非同源染色体上的非等位基因自由组合
适用生物	进行有性生殖的真核生物
适用遗传方式	适用于细胞核遗传,不适用于细胞质遗传

2. B 考查点 ▶ 基因自由组合定律的实质和应用

【解析】分析题干信息可知,白花对应的基因型为 AA_ _ _ ,乳白花的基因型为 Aa_ _ _ ,金黄花的基因型为 aabbdd,其余情况为黄花,故白花植株中杂合子也能稳定遗传,如 AABBDd 自交,子代基因型为 AABBDD、AABBDd、AABBdd,都表现为开白花,故稳定遗传的白花植株的基因型有 9 种,A 错误;乳白花植株

(AaBbDd) 自交后代会出现白花 AA_ _ _、乳白花 Aa_ _ _、金
黄花 aabbdd 及黄花, 共 4 种花色, B 正确; 基因型 AaBbDd 的植株
与金黄花植株 (aabbdd) 测交, 后代中乳白花 (Aa_ _ _) 占 $\frac{1}{2}$, 金
黄花 (aabbdd) 占 $\frac{1}{2} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{8}$, 黄花占 $1 - \frac{1}{2} - \frac{1}{8} = \frac{3}{8}$, C 错误;
基因型为 AaBbDd 的植株自交, 子代中白花个体占 $\frac{1}{4}$, 乳白花占
 $\frac{1}{2}$, 金黄花占 $\frac{1}{64}$, 则黄花的比例为 $1 - \frac{1}{4} - \frac{1}{2} - \frac{1}{64} = \frac{15}{64}$, D 错误。

3. D 考查点 ▶ 自由组合定律的应用

【解析】由第二组实验圆形果×长形果→子代圆形果:长形果=1:1, 无法推测出圆形果是显性性状, A 错误; 通过第一组实验圆形果×长形果→子代是圆形果可以推出圆形果是显性性状, 且①基因型含 AA、②基因型含 aa, 再根据单一花序×单一花序→子代单一花序:复状花序=3:1, 可以推出单一花序是显性性状, 且①②基因型均含 Bb, 故①的基因型为 AABb, ②的基因型为 aaBb, 根据第二组实验可知③的基因型为 AaBb, B 错误; 第二组实验子代表型及比例为圆形果:长形果=1:1, 单一花序:复状花序=3:1, 但未出现 3:1:3:1 的性状分离比, 说明两对等位基因的遗传遵循分离定律但不遵循自由组合定律, 控制两对性状的基因位于一对同源染色体上, C 错误; ①(AABb) × ②(aaBb) → 子代基因型及比例为 AaBB:AaBb:Aabb=1:2:1, 且两对基因位于一对同源染色体上, 因此子代番茄产生的配子种类及比例为 AB:Ab:aB:ab=1:1:1:1, 子代番茄自由交配, 后代中圆形果复状花序 (A_bb) 占比为 $\frac{1}{4} \times \frac{1}{4} (AAbb) + \frac{1}{4} \times \frac{1}{4} \times 2 (Aabb) = \frac{3}{16}$, D 正确。

4. BD 突破点 ▶ 信息提取—多对等位基因的自由组合

【解析】由 F₂ 中深红花:浅红花:白花=1:26:37 可知, 深红花所占比例为 $\frac{1}{64}$, 即 $\frac{1}{4} \times \frac{1}{4} \times \frac{1}{4}$, 应为显性纯合子, 浅红花为同时存在 R、B、D 但三对基因不能同时纯合的植株, 白花至少有一对基因为隐性纯合, 所以 R_B_D_ 基因型共有 $2 \times 2 \times 2 = 8$ (种), 去掉纯合子, 则浅红花植株基因型有 $8 - 1 = 7$ (种), 后代基因型一共有 $3 \times 3 \times 3 = 27$ (种), 则白花植株的基因型有 $27 - 8 = 19$ (种), A 正确; 白花植株必须有一对基因为隐性纯合, 如基因型为 rrBBDD 和 rrBBDD 的植株杂交, 后代不能出现三对基因都是显性纯合的植株, 即不会出现深红花, B 错误; 如果浅红花植株为杂合子 (RrBbDd) 其自交后代会出现白花植株, C 正确; 根据 A 项分析可知, 浅红花中不含纯合子, D 错误。

5. D 考查点 ▶ 基因自由组合定律的实质及应用

思路分析

依题意, 亲本的 R/r 基因对籽粒中 Q/q 基因的表达起调控作用, 小籽粒玉米 (RRqq) 和小籽粒玉米 (rrQQ) 进行了正交实验, F₁ 大小籽粒的基因型均为 RrQq。正交的 F₁ 自交所得 F₂ 的表型及比例为大籽粒:小籽粒=3:1。P 中的母本含 R 基因, F₁ 中的母本含 R 基因, 子代表现为小籽粒, 可推测母本中的 r 基因抑制了籽粒中 Q 基因的表达。

【解析】依题意, 亲本的基因型为 RRqq、rrQQ, 则 F₁ 的基因型均为 RrQq。正交实验的 F₁ (RrQq) 自交所得 F₂ 的表型及比例为大籽粒:小籽粒=3:1。P 中的母本含 R 基因, F₁ 中的母本含 R 基因, 子代表现为小籽粒, 可推测母本中的 r 基因抑制了籽粒中 Q 基因的表达, A 错误。F₁ 基因型为 RrQq, 作母本时对 F₂ 籽粒

中 Q 基因的表达不受抑制,若两对基因独立遗传,故 F_2 大籽粒的基因型及比例为 $RRQQ : RRQq : RrQQ : RrQq : rrQQ : rrQq = 1 : 2 : 2 : 4 : 1 : 2$, 共 6 种基因型, 其中纯合子占 $\frac{1+1}{1+2+2+4+1+2} = \frac{1}{6}$; 若两对基因连锁, F_2 大籽粒的基因型有 2 种, 其中纯合子占 $\frac{1}{3}$, B 错误。若两对基因独立遗传, F_2 中大籽粒自交, 会发生性状分离的个体基因型不为 rr , 且 Q/q 这对基因杂合, 故会发生性状分离的个体的基因型及比例为 $RRQq : RrQq = 2 : 4 = 1 : 2$, 所占比例为 $\frac{2+4}{1+2+2+4+1+2} = \frac{1}{2}$; 若两对基因连锁, F_2 所结大粒植株自交, 植株所结籽粒会发生性状分离的概率为 $\frac{2}{3}$, C 错误。 F_1 小籽粒植株的基因型为 $RrQq$, 接受花粉, 作母本, 母本含 R 基因时不抑制籽粒中 Q 基因的表达, 则子代籽粒大小取决于 Q/q 这对基因。 F_2 中小籽粒的基因型为 $RRqq$ 、 $Rrqq$ 、 $rrqq$, 则 qq (F_2 小籽粒植株) 与 Qq (F_1 小籽粒植株) 杂交, 子代基因型及比例为 $Qq : qq = 1 : 1$, 所结籽粒中小籽粒占 $\frac{1}{2}$, D 正确。

6. (1) 紫花、长粉粒 $AABb$ 、 $aaBb$ 、 $AaBb$ (2) $\frac{9}{16}$ 不符合 自由

组合定律发生在减数分裂形成配子时, 而不是受精过程中

(3) ③ 若后代的表型及性状分离比为紫花长粉粒:红花圆粉粒=3:1, 则说明 A 和 B 位于一条染色体上, 其等位基因 a 和 b 位于其同源的另一条染色体上

突破点 ▶ 实验探究—探究基因在染色体上位置的实验设计

【解析】(1) 分析杂交组合 1, 紫花长粉粒①与红花长粉粒②杂交, 后代 F_1 全为紫花, 长粉粒:圆粉粒=3:1, 所以紫花和长粉粒为显性性状, 亲本关于粉粒基因型为 Bb , 关于花色基因型分别为 AA 、 aa , 则①基因型为 $AABb$, ②基因型为 $aaBb$; 分析杂交组合 2, 紫花长粉粒③与红花长粉粒②杂交, 后代紫花长粉粒:红花长粉粒:红花圆粉粒=2:1:1, 由紫花:红花=1:1 可推出③关于花色基因型为 Aa , 由长粉粒:圆粉粒=3:1 可推出③关于粉粒基因型为 Bb , 所以③基因型为 $AaBb$ 。

(2) 杂交组合 1 子一代基因型及比例为 $AaBB : AaBb : Aabb = 1 : 2 : 1$, 子一代自由交配, 产生的配子之比为 $AB : Ab : aB : ab = 1 : 1 : 1 : 1$, 因此紫花长粉粒玉米 ($A_B_$) 所占比例为 $\frac{9}{16}$ 。自由组合定律

发生在减数分裂形成配子的过程中, 而配子的结合发生在受精过程中, 故配子之间的结合不符合自由组合定律。

(3) 杂交组合 2 中② ($aaBb$) 与③ ($AaBb$) 杂交, 子一代紫花长粉粒:红花长粉粒:红花圆粉粒=2:1:1, 说明基因 A、a 和基因 B、b 在同一条染色体上。若基因 A 和 b 位于一条染色体上, 则产生 Ab 与 aB 的配子, 组合 2 子代表型及性状分离比应为紫花长粉粒:紫花圆粉粒:红花长粉粒=1:1:2; 若基因 A 和 B 位于一条染色体上, 则产生 AB 与 ab 的配子, 组合 2 子代表型及性状分离比应为紫花长粉粒:红花长粉粒:红花圆粉粒=2:1:1, 因此想进一步确定控制两对相对性状的等位基因在染色体上的位置关系, 应选用③ ($AaBb$) 进行自交, 若 A 和 B 位于一条染色体上, 则产生 AB 与 ab 的配子, 自交子代表型及性状分离比为紫花长粉粒:红花圆粉粒=3:1。

7. (1) $AAbb$ (2) 三 F_2 的表型比例是 7:6:3, 为 9:3:3:1 的变式, 符合两对等位基因独立遗传的特殊分离比 $aabb$

AABB (3) B 基因数量越多甜度越高, 具有累加效应 AABb、

AaBb $\frac{3}{7}$ (4) 高甜 : 微甜 = 41 : 8 (5) 品系乙 (或品系丙)

连续自交

考查点 ▶ 9 : 3 : 3 : 1 的变式类型及应用

思路分析

甲为纯合不甜品系, 基因型为 AAbb, 根据乙 × 丙组合中 F₂ 表型及比例为甜 : 不甜 = 13 : 3, 根据实验一和二结果可知, A_bb 表型为不甜, aa__、A_BB 表型为高甜、A_Bb 表型为微甜, 分析出 B 基因具有累加效应, 且两对基因自由组合, 根据实验一结果可推知乙基因型为 aabb, 根据实验二结果可推知丙基因型 AABB, 故乙、丙的基因型分别是 aabb、AABB。

【解析】(1) 由题图可知, 含有 a 或 B 基因可以控制合成甜物质, 因此不甜的纯合品系甲的基因型为 AAbb。

(2) 从题表中实验三乙 × 丙杂交组合的结果可判断该性状的遗传遵循自由组合定律, 因为 F₂ 中表型及比例为高甜 : 微甜 : 不甜 = 7 : 6 : 3, 为 9 : 3 : 3 : 1 的变式, 由思路分析可知, 丙基因型为 AABB, 乙基因型为 aabb。

(3) 由思路分析可知, B 基因控制甜度, 具有累加效应。表型为微甜个体的基因型有 AABb、AaBb, 表型为高甜个体的基因型为 aa__、A_BB, 其中纯合子 (aaBB、aabb、AABB) 占比为 $\frac{3}{7}$ 。

(4) 实验三 F₂ 中表型为高甜的植株基因型及比例为 aaBB : aaBb : aabb : AABB : AaBB = 1 : 2 : 1 : 1 : 2, 其自由交配, 产生含 AB 基因配子的概率为 $\frac{1}{7} + \frac{2}{7} \times \frac{1}{2} = \frac{2}{7}$, 产生含 aB 基因配子的概率为 $\frac{2}{7} \times \frac{1}{2} + \frac{2}{7} \times \frac{1}{2} + \frac{1}{7} = \frac{3}{7}$, 产生含 ab 基因配子的概率为 $\frac{2}{7} \times \frac{1}{2} + \frac{1}{7} = \frac{2}{7}$, F₃ 中高甜个体 aaBB 占 $\frac{3}{7} \times \frac{3}{7} = \frac{9}{49}$, aaBb 占 $\frac{3}{7} \times \frac{2}{7} \times 2 = \frac{12}{49}$, aabb 占 $\frac{2}{7} \times \frac{2}{7} = \frac{4}{49}$, AABB 占 $\frac{2}{7} \times \frac{2}{7} = \frac{4}{49}$, AaBB 占 $\frac{2}{7} \times \frac{3}{7} \times 2 = \frac{12}{49}$, 高甜个体共占 $\frac{41}{49}$, 微甜个体 AaBb 占 $\frac{2}{7} \times \frac{2}{7} \times 2 = \frac{8}{49}$, 故高甜 : 微甜 = 41 : 8。

(5) 若要培育出抗虫、高产、高甜的新品种, 可将品系甲与品系乙或品系丙杂交, 筛选出目标植株, 再进行连续自交及逐代筛选, 直到不再发生性状分离。

8. B 考查点 ▶ 花粉鉴定法

【解析】采用花粉鉴定法验证基因的分离定律, 必须选择可以在显微镜下观察出来的性状, 即非糯性 (A) 和糯性 (a)、花粉粒长形 (D) 和圆形 (d), ①和③杂交所得 F₁ 的基因型为 AATtdd, 其花粉只有抗病 (T) 和易染病 (t) 两种不同性状, 在显微镜下观察不到差异, A 错误; ② (AAttDD) 和④ (aattdd) 杂交后所得 F₁ 的基因型为 AattDd, 其产生的花粉有 AtD、Atd、atD、atd 四种, 加碘液染色后, 通过显微镜观察, 可以看到蓝色长形、蓝色圆形、棕色长形、棕色圆形四种类型的花粉, B 正确; ①和②杂交所得 F₁ 的基因型为 AATtDd, 其花粉有 ATD、ATd、AtD、Atd 四种, 加碘液染色后, 通过显微镜观察, 只能观察到蓝色长形 (ATD、AtD) 和蓝色圆形 (ATd、Atd) 两种, 不能通过花粉鉴定法验证基因的自由组合定律, C 错误; 糯性抗病优良品种的基因型应为 aaTT__, ③和④杂

交所得 F_1 的基因型为 $Aattdd$, 其自交无法获得基因型为 $aaTT_ _$ 的糯性抗病优良品种, D 错误。

易错警示

一对等位基因控制的性状遗传时, 只存在等位基因的分离。只有存在两对及以上基因且独立遗传(位于非同源染色体上)时, 才会出现基因自由组合。

刷提分

1. B 突破点 ▶ 图表分析—基因自由组合定律的应用

【解析】甲组 F_2 中黄色:白色:橙红色 = 3:4:9 (9:3:3:1 的变式), 可推知该植物花色的遗传遵循自由组合定律, A 错误; 若要判断基因 B、b 是否在性染色体上, 则需要统计甲组 F_2 中黄色或橙红色个体的雌雄比, 如果雌雄比不同, 则 B、b 在性染色体上, 否则不在性染色体上, B 正确; 结合题意分析可知, 乙组 F_1 基因型为 $AaBb$, 若含 A 基因的雄配子致死, 父本产生的配子类型及比例是 $aB:ab = 1:1$, 母本产生的配子类型及比例是 $AB:Ab:aB:ab = 1:1:1:1$, 运用棋盘法可知后代表型及比例是橙红色:黄色:白色 = 3:1:4, 含 A 基因的雌配子致死与含 A 基因的雄配子致死结果相同, 因此乙组 F_2 比例异常的原因是 F_1 植株含基因 A 的雄配子致死或雌配子致死, C 错误; 根据题干所给信息及题表信息, 不能判断基因决定花色的具体机制, D 错误。

2. D 突破点 ▶ 信息提取—基因连锁与交换定律

【解析】基因 A 和基因 B 均属于纯合致死基因, 昆虫品系 N 全部为黑腹棒状眼 ($AaBb$), 该品系内的昆虫相互杂交后代也均为黑腹棒状眼 (没有出现基因型为 $aabb$ 的白腹正常眼), 说明该昆虫品系 N 中 A 与 b 位于同一条 III 号常染色体上, 而 a 与 B 位于另一条 III 号常染色体上, 该品系的昆虫 ($AaBb$) 产生的配子类型及比例为 $Ab:aB = 1:1$, 其与经诱变处理后的一只白腹正常眼雄虫 M ($aabb$) 交配, F_1 基因型及比例为 $Aabb:aaBb = 1:1$, 故 F_1 中出现两种表型, 即黑腹正常眼和白腹棒状眼, 且比例为 1:1, A 正确, D 错误; 从 F_1 中挑选一只黑腹雄虫 ($Aabb$) 与品系 N 的雌虫 ($AaBb$) 杂交, 基因 A 和基因 B 均属于纯合致死基因, 则 F_2 基因型及比例为 $AaBb:Aabb:aaBb = 1:1:1$, F_2 中白腹棒状眼 ($aaBb$) 的比例为 $\frac{1}{3}$, B 正确; 在 F_2 中选取黑腹正常眼 ($Aabb$) 的雌雄个体相互交配, F_3 基因型及比例为 $Aabb:aabb = 2:1$, 故基因型为 $aabb$ 的比例为 $\frac{1}{3}$, C 正确。

3. B 突破点 ▶ 图表分析—自由组合定律的情境化考查

【解析】由题表可知, HK2 与农作物丁杂交后代中抗虫:不抗虫 $\approx 1:1$, 表明 HK2 的基因 X、Y 导入情况为图甲, 且抗虫基因 X、Y 的遗传不遵循自由组合定律; KH3 与农作物丁杂交后代中抗虫:不抗虫 $\approx 1:3$, 表明 HK3 的基因 X、Y 导入情况为图丙, 且抗虫基因 X、Y 的遗传遵循自由组合定律; 由以上分析可知, HK1 的基因 X、Y 导入情况为图乙且抗虫基因 X、Y 的遗传不遵循自由组合定律, A、C 错误。由上述项分析可知, HK1 的基因 X、Y 导入情况为图乙, 故 HK1 与农作物丁杂交得到的 F_1 全为不抗虫植株, B 正确。由上述项分析可知, HK2 的基因 X、Y 导入情况为图甲, 故 HK2 与农作物丁杂交, F_1 中的不抗虫植株细胞中的抗虫基因个数为 0, D 错误。

刷有所得

判断外源基因整合到宿主染色体上的类型

外源基因整合到宿主染色体上有多种类型,若多个外源基因以连锁的形式整合在同源染色体的一条染色体上,其自交会出现 3:1 的性状分离比;若多个外源基因分别独立整合到非同源染色体的一条染色体上,各个外源基因的遗传互不影响,则其遗传遵循自由组合定律。

4. (1) A (2) 甲(♂)×丙(♀) 丙 a 类型的雄配子不能被 A 类型的雌配子结合 (3) 保持玉米某些优良性状稳定遗传 (4) 染色体结构变异(易位) $\frac{1}{8}$ 带有 6^{9M} 的雄配子不具有活力,或带有 6^{9M} 的雄配子不能完成受精作用

考查点 ▶ 基因自由组合定律和染色体变异

【解析】(1) 由第③组和第④组实验可以得出,基因型为 AA 的植株表现为异交不亲和,这种现象的形成是由于某种基因型的雌配子(A)不能与另一种基因型的雄配子(a)结合,即 A 和 a 中,具有这种特点的是基因型为 A 的雌配子。

(2) 第一步:使丙类型(aabb)与甲类型(AABB)玉米杂交获得 F_1 (AaBb)。杂交时,由于 a 类型的雄配子不能与 A 类型的雌配子结合,因此用丙类型的玉米作为母本,甲类型的玉米作为父本。

第二步: F_1 玉米(AaBb)与丙类型植株(aabb)杂交,且杂交时,仍然需要以丙类型植株(aabb)作为母本,由于 a 类型的雄配子不能与 A 类型的雌配子结合,因此用丙类型的玉米作为母本, F_1 作父本。即 AaBb(父本)与玉米丙(aabb,母本)进行回交,产生 F_2 为 AaBb、Aabb、aaBb、aabb。

第三步:通过异交不亲和的糯性玉米(Aabb)自交筛选出异交不亲和的糯性玉米新品种(AAbb)。

(3) 由于异交不亲和品系不接受不同基因型(a)的花粉,从而可以保证该个体只能接受基因型相同的花粉,使其杂交过程实际相当于自交,保证产生的子代保持某些优良性状。

(4) 由题图可知,题图 1 中染色体发生了易位,故丁发生的变异类型是染色体结构变异(易位)。将丁作为母本($6^m6^{9M}99^6$)与染色体正常的 Mm 植株(6^M6^m99)杂交,丁可以产生 4 种类型的配子: 6^m9^6 、 6^m9 、 $6^{9M}9$ 、 $6^{9M}9^6$;正常的 Mm 植株(6^M6^m99)可以产生 2 种类型的配子: 6^M9 、 6^m9 ,题图 2 戊的

染色体组成为 $6^m6^{9M}99$,故戊在子代中所占的比例为 $\frac{1}{4} \times \frac{1}{2} =$

$\frac{1}{8}$ 。若戊与雄性不育(mm)的植株杂交,子代均表现为雄性不育(mm),即带有 6^{9M} 的雄配子不具有活力,或带有 6^{9M} 的雄配子不能完成受精作用。

5. (1) ①两(或 2) ddhh 或 DDHh 白茧:黄茧=193:63 或 49:15 ②7 发生基因突变或基因重组 (2) 不能 也可能是存在细胞质遗传 观察正反交结果中 F_2 的表型及其比例 正反交结果中 F_2 表型均为椭圆形

突破点 ▶ 实验探究—自由组合定律的应用

【解析】(1) ①实验一 F_2 中白茧:黄茧=13:3,为 9:3:3:1 的变式,说明这两对等位基因位于两对同源染色体上。实验一 F_1 的基因型为 DdHh,结合题干信息黄色为显性,故受 D 基因控制,再结合白茧:黄茧=13:3,说明 H 基因会抑制 D 基因的表达, F_1 的基因型为 DdHh,因此白茧性状对应的基因型为 $D_H_$ 、 $ddH_$ 、 $ddhh$,黄茧性状对应的基因型为 D_hh 。实验二亲本中已知有一个基因型是 DdHh,根据白茧:黄茧=3:1,可知另一个白茧亲本的基因型可能是 ddhh,则实验二 F_1 的基因型及比例为

$DdHh : Ddh h : ddHh : ddh h = 1 : 1 : 1 : 1$, F_1 自由交配, 采用配子法计算, 其中 Dh 占 $\frac{3}{16}$, dh 占 $\frac{9}{16}$, 则 F_2 中黄茧所占的比例为 $\frac{3}{16} \times \frac{3}{16} + 2 \times \frac{3}{16} \times \frac{9}{16} = \frac{63}{256}$, 即 F_2 的表型及比例为白茧 : 黄茧 = $193 : 63$; 另一个白茧亲本的基因型也可能是 $DDHh$, 则此时实验二 F_1 的基因型及比例为 $DDHH : DDHh : DDhh : DdHH : DdHh : Ddh h = 1 : 2 : 1 : 1 : 2 : 1$, F_1 自由交配, 采用配子法计算, 其中 Dh 占 $\frac{3}{8}$, dh 占 $\frac{1}{8}$, 则 F_2 中黄茧所占的比例为 $\frac{3}{8} \times \frac{3}{8} + 2 \times \frac{3}{8} \times \frac{1}{8} = \frac{15}{64}$, 即 F_2 的表型及比例为白茧 : 黄茧 = $49 : 15$ 。

②由题图可知, 所有 F_2 中的白色个体都有白茧亲本中 7 号染色体上的 SSR, 由此说明 D/d 基因位于 7 号染色体上, 11 号个体出现黄茧个体 7 号染色体 SSR 可能的原因是发生了基因突变或基因重组(减数第一次分裂前期同源染色体上的非姐妹染色单体发生互换)。

(2) 题图 2 所示的正反交结果表明子一代的表型与母本相同, 可能是延迟遗传, 也可能是细胞质遗传, 无法直接判断是延迟遗传。若存在延迟遗传, 且椭圆形性状是由常染色体上的一个显性基因控制的(假设用 A 表示), 说明正交中 F_1 椭圆形家蚕的基因型是 Aa , 反交中 F_1 圆形家蚕的基因型也为 Aa , 欲验证是延迟遗传, 则需要在上述正反交实验的基础上, 再用 F_1 分别自由交配得 F_2 , 若正交和反交 F_2 的结果都为椭圆形, 即可排除细胞质遗传。

专题 1 遗传的特殊性状分离比

刷 难关

1. D 考查点 ▶ 从性遗传

思路分析

根据题意分析可知, 基因型为 AA 的个体体色是红褐色, 基因型为 aa 的个体体色是红色, 基因型为 Aa 的个体中雄牛体色是红褐色, 而雌牛体色是红色, 说明其性状受一对等位基因控制, 遵循基因的分离定律。

【解析】根据题意, 若该牛群进行自交, 且 $\frac{1}{2}$ 个体基因型为 AA , $\frac{1}{2}$ 个体基因型为 Aa , 故子代中 AA 的个体占比为 $\frac{1}{2} + \frac{1}{2} \times \frac{1}{4} = \frac{5}{8}$, 基因型为 aa 的个体占比为 $\frac{1}{2} \times \frac{1}{4} = \frac{1}{8}$, 基因型为 Aa 的个体占比为 $\frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{4}$, 各种基因型雌雄个体比例相等, 该牛群自交后代中基因型及比例为 $AA : Aa : aa = 5 : 2 : 1$, 基因型为 Aa 的个体中雌雄各半, 雌牛为红色, 雄牛为红褐色, 故自交后代表型及比例为红褐色 : 红色 = $6 : 2 = 3 : 1$; 若该牛群进行自由交配, 则可产生的雌、雄配子的基因型及比例均为 $\frac{3}{4}A$ 和 $\frac{1}{4}a$, 故可做如表分析:

雌配子 雄配子	$\frac{3}{4}A$	$\frac{1}{4}a$
$\frac{3}{4}A$	$\frac{9}{16}AA$	$\frac{3}{16}Aa$
$\frac{1}{4}a$	$\frac{3}{16}Aa$	$\frac{1}{16}aa$

自由交配的后代中基因型及比例为 $AA : Aa : aa = 9 : 6 : 1$, 基因型为 Aa 的个体中一半为雌性, 体色为红色, 一半为雄性, 体色为红褐色, 故自由交配后代中表型及比例为红褐色 : 红色 = $12 : 4 = 3 : 1$, D 符合题意。

2. D 突破点 ▶ 信息提取—复等位基因遗传

【解析】由题意可知, 花色的遗传受 4 个复等位基因控制, 复等位基因的遗传遵循基因的分离定律, A 错误; 这 4 个复等位基因之间是完全显性的关系, 则两株花色不同的植株杂交, 子代花色最多有 3 种, B 错误; $A^T a$ 的植株自交, F_1 中条红色 : 白色 = $5 : 1$, 基因型 aa 个体所占的比例为 $\frac{1}{6} = \frac{1}{2} \times \frac{1}{3}$, 说明 A^T 能使 $\frac{1}{2}$ 的 a 花粉致死。故等比例的 AA^P 与 $A^T a$ 植株随机交配, 产生的雌配子为 $\frac{1}{4}A$ 、 $\frac{1}{4}A^P$ 、 $\frac{1}{4}A^T$ 、 $\frac{1}{4}a$, 产生的雄配子为 $\frac{2}{7}A$ 、 $\frac{2}{7}A^P$ 、 $\frac{2}{7}A^T$ 、 $\frac{1}{7}a$, 则含有 A^T 的植株比例为 $\frac{1}{4} + \frac{2}{7} - \frac{1}{4} \times \frac{2}{7} = \frac{13}{28}$, C 错误; 由 C 项分析可知, A^T 能使 $\frac{1}{2}$ 的 a 花粉致死, 所以产生的雄配子类型及比例为 $A^T : a = 2 : 1$, 雌配子的种类及比例为 $A^T : a = 1 : 1$, 后代的基因型及比例为 $A^T A^T : A^T a : aa = 2 : 3 : 1$, 则 F_1 条红色植株中能稳定遗传的占 $\frac{2}{5}$, D 正确。

3. AC 突破点 ▶ 图表分析—基因互作

【解析】由题意可知, 不考虑环境的影响, 紫色籽粒基因型为 $AA_ _$ 或 $Aabb$, 黄色籽粒基因型为 $aa_ _$, 白色籽粒基因型为 $AaB_ _$ 。实验一的亲代表型组合为黄色 \times 紫色, F_1 表型全为白色, F_1 自交, 所得 F_2 表型及比例为紫色 : 黄色 : 白色 = $3 : 2 : 3 = 6 : 4 : 6$ (是 $9 : 3 : 3 : 1$ 的变式), 故 F_1 的基因型为 $AaBb$, 亲本的黄色籽粒与紫色籽粒的基因型分别为 $aabb$ 、 $AABB$ 或 $aaBB$ 、 $Aabb$, 即亲本的基因型可能分别是 $aaBB$ 、 $Aabb$, A 正确; 由题可知, 籽粒的颜色受基因控制, 同时也受到环境的影响, 应是环境改变导致实验二中 $AaBb$ 个体变成紫色, 使两组实验 F_1 表型不同, B 错误; 实验一 F_2 中的紫色个体基因型及比例为 $AA_ _ : Aabb = 2 : 1$, 黄色籽粒个体基因型为 $aa_ _$, 两者杂交子代中黄色籽粒个体 ($aa_ _$) 所占比例为 $\frac{1}{3} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{6}$, C 正确; 实验二 F_2 中的黄色籽粒个体 ($aa_ _$) 与白色籽粒个体 ($AaBB$) 杂交, 子代会出现紫色籽粒个体 ($AaBb$), D 错误。

4. B 考查点 ▶ 自由组合定律的特殊分离比

思路分析

已知基因型为 $AAbb$ 的黄花个体和基因型为 $aaBB$ 的蓝花个体杂交, 根据基因的自由组合定律, 双亲产生的配子类型分别为 Ab 和 aB , 则 F_1 的基因型为 $AaBb$ 。

【解析】 F_1 作为父本时, 因为基因 A 、 a 和 B 、 b 的遗传遵循基因的自由组合定律, 产生的配子中不育花粉占 $\frac{1}{4}$, A 正确; 根据题干信息可知, F_2 中个体 1 ($AaBB$)、个体 2 ($AABb$) 花粉发育完全正常, 且 F_1 产生的 4 种花粉中有 1 种花粉不育, 可推出基因型为 ab 的花粉不育, F_1 的基因型为 $AaBb$, 其产生的可育花粉的基因型及比例为 $AB : Ab : aB = 1 : 1 : 1$, 卵细胞的基因型及比例为 $AB : Ab : aB : ab = 1 : 1 : 1 : 1$, 则后代的基因型及比例为 $A_B_ : A_bb : aaB_ = 8 : 2 : 2$, 即红花 : 黄花 : 蓝花 = $4 : 1 : 1$, 分析题表可知个体 1 的基因型为 $AaBB$, 该基因型个体占红色个

体总数的 $\frac{2}{8}$, 即 $\frac{1}{4}$, 个体 3 的基因型为 aaBb, 该基因型个体占蓝色个体总数的 $\frac{1}{2}$, B 错误, C、D 正确。

5. ABC 突破点 ▶ 实验探究—9 : 3 : 3 : 1 的变式及应用

【解析】根据乙组杂交后代全是重瓣可知, 重瓣是显性性状, 而题干中已知花朵的单生和簇生由 2 对等位基因控制且只要有 1 对基因隐性纯合即表现为簇生, 即单生为显性性状, 在甲组实验中, 由于红花重瓣倒卵形叶与黄花单瓣椭圆形叶杂交, 后代红花 : 黄花 = 1 : 1, 且红花总是重瓣, 花色、花瓣数量和叶片形状, 这 3 种性状的遗传只涉及 2 对等位基因, 且每种性状只由 1 对等位基因控制, 判断花色和花瓣数量由 1 对等位基因控制, 红花是显性性状, 倒卵形叶 : 椭圆形叶 = 1 : 1, 不能判断叶形的显隐性, A 错误; 由上述分析可知红花重瓣为显性, 若倒卵形叶也为显性性状, 两对基因分别用 A/a、B/b 表示, 则亲本基因型组合为 AaBb × aabb, F₁ 性状出现 1 : 1 : 1 : 1 可以证明两对基因独立遗传, 但若倒卵形叶为隐性性状, 则亲本基因型组合为 Aabb × aaBb, 无论两对基因是否独立遗传, F₁ 都会出现 1 : 1 : 1 : 1, 因此无法证明花色与叶形基因自由组合, B 错误; 根据甲组实验可知, F₁ 中倒卵形叶 : 椭圆形叶 = 1 : 1, 则亲代基因型为 Bb 和 bb, F₁ 随机交配, 产生的配子类型及比例为 B : b = 1 : 3, 若倒卵形叶为隐性性状, 则子代中倒卵形叶植株占比为 $\frac{3}{4} \times \frac{3}{4} = \frac{9}{16}$, 若倒卵形叶为显性性状, 则子代中倒卵形叶植株占比为 $1 - \frac{3}{4} \times \frac{3}{4} = \frac{7}{16}$, C 错误; 乙组实验中, 设控制花朵单生和簇生的基因为 D/d、E/e, 亲代基因型为 DD_{ee}、ddEE, F₁ 基因型为 DdEe, 关于单瓣和重瓣亲本的基因型为 AA × aa, F₁ 基因型为 Aa, 若这两对性状独立遗传, 符合自由组合定律, 让 F₁ 随机交配, 则子代中可能出现 (3 : 1) × (9 : 7) = 27 : 21 : 9 : 7 的比例, D 正确。

6. (1) 棕黄色 : 白色 = 1 : 1 (2) 40% (或 0.4) $\frac{9}{128}$ (3) 褐色

存在 B 基因, 可以合成多巴醌, 存在 A⁺ 基因, 不受毛囊周期调控, 始终可以抑制多巴醌转化成黑色素, 并使多巴醌转化为褐色素
(4) A⁺aBbDD AaBBDD aaBBDDd 黑褐相间 : 褐棕黄相间 : 黑 : 棕黄 = 1 : 1 : 1 : 1 黑褐相间 : 棕黄 = 1 : 1

突破点 ▶ 实验探究—小鼠的毛色遗传机制

信息提取

据题分析, 黑色素的合成受两对等位基因 B/b 和 D/d 的控制, 存在 B 基因能控制合成多巴醌, 有 D 基因可将多巴醌转化成黑色素, d 基因无法表达黑色素合成酶, 多巴醌会转化成棕黄色素, 由于两对等位基因位于两对常染色体上, 故遵循基因的自由组合定律。根据基因效应分析, 黑色鼠基因型为 B₋D₋, 棕黄色鼠基因型为 B₋dd, 白化鼠基因型为 bb₋。

【解析】(1) 白化雌鼠基因型为 bb₋, 为探究白化雌鼠是否能表达出黑色素合成酶, 即有没有 D 基因, 选用基因型为 Bbdd 的棕黄色雄鼠与该雌鼠测交, 根据 bb₋ × Bbdd → bb₋d : Bb₋d = 1 : 1, 若子代的表型及比例为棕黄色 (Bbdd) : 白色 (bbdd) = 1 : 1, 说明该白化雌鼠不能表达黑色素合成酶 (不含 D 基因), 即该白化雌鼠基因型为 bbdd。

(2) 种群中棕黄色小鼠 (B₋dd) 占全体小鼠的比例为 31.36%, 黑色小鼠 (B₋D₋) 占全体小鼠的比例为 32.64%, 则白化小鼠占全

体小鼠的比例为 $1 - 31.36\% - 32.64\% = 36\%$, 单独看 B/b 基因, 因为 $60\% \times 60\% = 36\%$, 所以 b 基因频率为 60%, 则其等位基因 B 的基因频率为 $1 - 60\% = 40\%$ (或 0.4)。从该种群中随机选取一只黑色雌鼠 (B_ D_) 和一只棕黄色 (B_ dd) 雄鼠交配, 要得到白化 (bb_ _) 子代, 只需要考虑 B/b 基因, 黑色雌鼠和棕黄色雄鼠基因型都应为 Bb, 子代才会出现白化小鼠, 黑色小鼠相关, 基因型是 Bb 的概率为 $60\% \times 40\% \times 2 \div (40\% \times 40\% + 60\% \times 40\% \times 2) = \frac{3}{4}$, 而棕黄色小鼠相关基因型是 Bb 的概率同样为 $\frac{3}{4}$, 故产生的

子代为白化雌鼠 (bb_ _) 的概率是 $\frac{1}{4} \times \frac{3}{4} \times \frac{3}{4} \times \frac{1}{2} = \frac{9}{128}$ 。

(3) 据题“控制褐色性状的基因 A⁺, 该基因的表达产物可以抑制多巴醌转化成黑色素, 并使多巴醌转化为褐色素”, 由于 A⁺AB-BDD 的小鼠含有 B 基因, 可以合成多巴醌, A⁺基因存在, 且 A⁺基因表达不受毛囊周期调控, 始终可以抑制多巴醌转化成黑色素, 并使多巴醌转化为褐色素, 故该小鼠表型为褐色。

(4) 根据信息, 杂交组合 1 子代产生白化鼠 (__bb__), 结合亲本甲的性状, 可写出甲的基因型为 A⁺_Bb__, 由于 A⁺_Bb__ × aaBbDd 的子代产生黑色鼠 (aaB_D_) 且比例为 $\frac{3}{8} = \frac{1}{2} \times \frac{3}{4} \times 1$, 可

推知甲的基因型为 A⁺aBbDD。组合 2 子代能得到黑色鼠, 结合乙的性状分析, 乙的基因型为 AaB_D_, AaB_D_ × aaBbDd 子代无白化鼠, 故乙 B 基因纯合, 结合子代表型及比例为黑褐相间: 黑 = 1:1, 可推知乙基因型为 AaBBDD。组合 3 为组合 1 子代某黑色雌鼠丁 (aaB_D_) 和黑色雄鼠丙 (aaBbDd) 杂交, 子代表型及比例为黑: 棕黄 = 3:1, 无白色 (__bb_ _), 故推知丁的基因型为 aaBBDD。已知 B 基因和 A⁺基因分别位于 1 号和 2 号常染色体上, 为了证实 D 基因是否在 2 号染色体上, 即 A⁺基因及其等位基因与 D 及其等位基因之间是否满足自由组合定律, 可采用测交方式验证, 选取组合 4 后代中黑褐相间的雌鼠 (AaB_Dd) 与戊 (aaB_dd) 杂交, 若 D 基因不在 2 号染色体上, 则满足自由组合定律, 只看 A/a 与 D/d 之间的自由组合, 可只观察非白化小鼠的表型及比例, 可得子代非白化小鼠的表型及比例为黑褐相间: 褐棕黄相间: 黑: 棕黄 = 1:1:1:1。若 D 基因在 2 号常染色体上, 则不满足自由组合定律且由组合 4 亲本可知 A 与 D 基因连锁, a 与 d 基因连锁, 依据分离定律计算, 可得子代非白化小鼠的表型及比例为黑褐相间: 棕黄 = 1:1。

第 3 节 基因在染色体上与伴性遗传

刷基础

1. B 考点 ▶ 萨顿的假说

【解析】萨顿通过分析基因与染色体的平行关系推测“基因在染色体上”(易错: 萨顿推测“基因在染色体上”, 摩尔根用假说—演绎法证明了基因在染色体上), A 错误; 白眼雌果蝇与红眼雄果蝇杂交, F₁ 中雌果蝇为红眼杂合子, 雄果蝇为白眼, F₁ 自由交配, F₂ 中红眼: 白眼 = 1:1, B 正确; 白眼雄果蝇和红眼雌果蝇杂交, 假设相关基因用 A/a 表示, 则红眼雌果蝇的基因型有两种情况, 即 X^AX^A 或 X^AX^a, 白眼雄果蝇基因型为 X^aY, 若纯合红眼雌果蝇与白眼雄果蝇杂交, 后代雌雄表型都是红眼, 所以不能通过眼睛颜色判断子代果蝇的性别, C 错误; 摩尔根根据果蝇杂交实验, 推测红、白眼基因在 X 染色体上属于对假说的解释, 而“演绎推理”是设计并预期测交结果, D 错误。

2. C 突破点 ▶ 信息提取—伴性遗传及应用

思路分析

① 题意分析:

芦花基因型为 $C_Z^B_$ 非芦花基因型为 $C_Z^b_$ 白色基因型为 $cc_$

② 杂交分析:

P $ccZ^bW \times CCZ^BZ^B$

↓

F₁ $CcZ^BZ^b \times CcZ^BW$

F₂ 芦花: $(CC : Cc)(Z^BZ^B : Z^BZ^b : Z^BW) = (1 : 2)(1 : 1 : 1)$

非芦花: $(CC : Cc) \times Z^bW = (1 : 2) \times 1$

白色: $(cc) \times (Z^BZ^B : Z^BZ^b : Z^BW : Z^bW) = 1 \times (1 : 1 : 1 : 1)$

【解析】由题意可知,羽毛的斑纹显色必须要有显性基因 C 的存在,且鸡的芦花斑纹由 Z 染色体上的基因 B 控制,故芦花公鸡的基因型为 $C_Z^BZ^B$,一只基因型为 ccZ^bW 的白羽母鸡跟一只芦花公鸡交配, F₁ 都是芦花斑纹 ($C_Z^B_$), 因此亲代芦花公鸡为纯合子, 基因型为 CCZ^BZ^B , A 正确; 据思路分析②可知, 白羽公鸡基因型为 ccZ^BZ^b , B 正确; 据信息分析②可知, 若 F₂ 中所有的白羽母鸡都性反转为公鸡, 则 F₂ 中公鸡和母鸡之比为 5 : 3, C 错误; 让非芦花公鸡 ($C_Z^bZ^b$) 和芦花母鸡 (C_Z^BW) 交配, 由于基因型 cc 的个体为白色, 因此子代白羽鸡可能既有雌性又有雄性, D 正确。

3. B 考查点 ▶ 伴性遗传的遗传规律及应用

【解析】F₂ 雌雄比例为 3 : 5, 说明 T、t 基因位于常染色体上, 且 F₂ 中有 $\frac{1}{4}$ 雌性个体性反转为雄性个体, 由此可推知雌雄亲本的基因型分别为 TT 和 tt, 因此亲代雌果蝇的基因型为 $TTAAX^BX^B$, A 正确; 亲本雌雄个体的基因型分别为 $TTAAX^BX^B$ 和 $ttAAX^bY$, 则 F₁ 中雌雄个体的基因型分别为 $TtAAX^BX^b$ 和 $TtAAX^BY$, 它们相互交配后产生的 F₂ 中, 雄性有两种性染色体组成情况, 一种是含有 XY 染色体的, 基因型共有 $3 \times 2 = 6$ (种), 另外一种为雌性性反转形成的, 其基因型有 2 种, 即 $ttAAX^BX^B$ 和 $ttAAX^BX^b$, 因此 F₂ 雄果蝇中共有 8 种基因型, F₂ 雌雄比例为 3 : 5, 故 F₂ 雄果蝇中有 $\frac{1}{5}$ 是雌果蝇性反转形成的, 不含 Y 染色体, B 错误; F₂ 雌雄个体自由交配 (仅考虑 B/b、T/t 两对基因), 雌配子 (仅考虑 B/b、T/t 两对基因) 类型及比例为 $TX^B : TX^b : tX^b : tX^B = 6 : 2 : 3 : 1$, 雄配子的类型及比例为 $TX^B : TY : TX^b : tX^b : tY : tX^B = 1 : 2 : 1 : 1 : 2 : 1$, t 基因纯合时会使雌果蝇性反转成不育的雄果蝇 F₂ 雌雄个体自由交配, 后代中不育个体所占比例为 $\frac{4}{12} \times \frac{2}{8} = \frac{1}{12}$, C 正确; B、b 仅位于 X 染色体上, 通过确定雄果蝇体细胞某时期中 B、b 基因的数目, 可确定雄果蝇是否可育, D 正确。

4. C 考查点 ▶ 伴性遗传

【解析】由组别①②的亲本性状可知, 雌性也有直毛、卷毛的相对性状, 因此均可排除控制直毛与卷毛的基因位于 II₂ 片段上 (Y 染色体的非同源区段), A 正确; 组别①卷毛与直毛杂交, F₁ 全为直毛, 说明直毛对卷毛为显性, 若基因位于 II₁ 片段上, 则亲本为 X^bX^b 、 X^BY , 后代基因型 (表型) 为 X^bY (卷毛雄性)、 X^BX^b (直毛雌性), 与题中不符, 因此由组别①可以排除控制直毛与卷毛的

基因位于 II₁ 片段上, B 正确; 若控制毛型的基因位于 I 片段上, 则组别①的亲本为 X^bX^b 、 X^BY^B , 组别②的亲本为 X^BX^B 、 X^bY^b , 组别①中 F_1 雌豚鼠 (X^BX^b) 与组别②中 F_2 雄豚鼠 ($\frac{1}{2}X^BY^b$ 、 $\frac{1}{2}X^bY^b$) 自由交配, 子代直毛豚鼠 ($\frac{1}{8}X^BX^B$ 、 $\frac{1}{4}X^BX^b$ 、 $\frac{1}{4}X^BY^b$) 中纯合子 ($\frac{1}{8}X^BX^B$) 占 $\frac{1}{8} \div (\frac{1}{8} + \frac{1}{4} + \frac{1}{4}) = \frac{1}{5}$, C 错误; 若控制毛型的基因位于常染色体上, 则组别①亲本为 aa (♀)、 AA (♂), 组别①中 F_2 直毛豚鼠 ($\frac{1}{3}AA$ 、 $\frac{2}{3}Aa$) 自由交配, 子代基因型及概率为 $\frac{4}{9}AA$ 、 $\frac{4}{9}Aa$ 、 $\frac{1}{9}aa$, 子代中直毛基因的基因频率为 $\frac{4}{9} + \frac{4}{9} \times \frac{1}{2} = \frac{2}{3}$, D 正确。

易错警示

不能准确理解性别决定与伴性遗传

不同的生物体, 性别决定的方式也不同, 常见的性别决定方式有以下几种。

- (1) 环境决定型: 如某些爬行类动物, 由孵化时的温度决定性别。
- (2) 基因决定型: 如葫芦科的喷瓜存在雌雄同株、雌株和雄株三种性别类型, 其性别由基因决定。
- (3) 染色体数目决定型: 如蜜蜂的雄蜂由未受精的卵细胞发育而成, 具有单倍体的染色体数目 ($n=16$); 蜂王和工蜂由受精卵发育成, 具有二倍体的染色体数目 ($2n=32$)。
- (4) 性染色体决定型: XY 型性别决定是最常见的性别决定类型, 如哺乳动物以及菠菜等雌雄异株的植物都属于 XY 型性别决定生物, XY 型性别决定生物雌性个体的体细胞内含有 2 条同型的性染色体 (XX), 雄性个体的体细胞内含有 2 条异型的性染色体 (XY)。鸟类、鳞翅目昆虫等属于 ZW 型性别决定。ZW 型性别决定生物的性染色体组成和 XY 型相反, 雄性个体的体细胞内具有 2 条同型的性染色体 (ZZ), 雌性个体的体细胞内具有 2 条异型的性染色体 (ZW)。若为性染色体决定性别, 则决定性别的基因位于性染色体上, 性染色体上的基因不都与性别决定有关, 但位于性染色体上的基因的遗传与性别相关联。

刷提分

1. A 考查点 ▶ 果蝇的性别决定

【解析】基因型为 X^MX^MAA 即 $X:A=1$, 会激活性别相关基因 M 进而发育成为雌性, 能产生雌配子 X^MA ; 基因型为 X^MOAA 即 $X:A=0.5$, 发育为雄性, 但 Y 染色体决定雄蝇的可育性, 因此, X^MOAA 为不可育雄蝇, 无法通过杂交获得后代, A 错误; 基因型为 X^MX^mAA 的个体产生雌配子 X^MA 、 X^mA , 基因型为 X^mYAA 的个体产生雄配子 X^mA 、 YA , 后代基因型 (性别) 为 X^MX^mAA (雌性)、 X^MYAA (雄性)、 X^mX^mAA (雄性)、 X^mYAA (雄性), 雌雄比例为 1:3, B 正确; 基因型为 X^MX^mYAA 产生雌配子类型及比例为 $X^MX^mA:YA:X^MYA:X^mA: X^mYA:X^MA=1:1:1:1:1:1$, 基因型为 X^mYAA 产生雄配子 X^mA 、 YA , 后代基因型为 $X^MX^mX^mAA$ (致死)、 X^MX^mYAA (雌性)、 X^mYAA (雄性)、 $YYAA$ (致死)、 X^MX^mYAA (雌性)、 X^MYAA (雄性)、 X^mX^mAA (雄性)、 X^mYAA (雄性)、 X^mX^mYAA (雄性)、 X^mYYAA (雄性)、 X^MX^mAA (雌性)、 X^MYAA (雄性), 雌雄比例为 3:7, C 正确; 已知子代基因型为 X^MX^MAAA , 形成该果蝇的生殖细胞基因型为 X^MA 和

$X^M AA$, 原因可能是亲本在减数分裂 I 后期同源染色体未分离, 而减数分裂 II 正常分裂, 也可能是减数分裂 I 正常, 而在减数分裂 II 后期含有 A 基因的染色体着丝粒未分裂或着丝粒分裂后产生的两条染色体移向了细胞同一极, D 正确。

2. BD 考查点 ▶ 配子比例

【解析】分析题图可知, 雌鸟乙的体细胞内染色体少了一条, A 基因所在的染色体多了一段, 说明乙发生了染色体数目变异和染色体结构变异, A 正确; 甲的一个精原细胞完成减数分裂, 不考虑互换和再次突变, 可产生 4 个精细胞, 基因型两两相同, 即 2 种精细胞, B 错误; 乙进行减数分裂, 产生的配子中染色体正常 (染色体结构和数目均正常) 的只有 aZ^b , 概率为 $\frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{4}$, C 正确; 甲和乙交配, 甲和乙均能产生 4 种比例相同的配子, 由于“含 W^0 的受精卵发育为雌性, 含一条 Z 染色体且不含 W 或 W^0 的受精卵发育而来的胚胎致死”, 结合棋盘法分析可知, 子代中雌性: 雄性 = 2: 1, 灰腿红眼雄性个体占 $\frac{1}{12}$, D 错误。

3. ABD 突破点 ▶ 图表分析—伴性遗传与电泳图谱的结合

【解析】分析电泳图谱可得, $AB: Ab: aB: ab = 1: 4: 4: 1$, $AD: Ad: aD: ad = 1: 1: 1: 1$, $BD: Bd: bD: bd = 1: 1: 1: 1$, 可推知该雌性昆虫的基因型为 $AaBbDd$, 形成配子时, D/d 与 B/b、A/a 与 D/d 遵循自由组合定律, A/a 与 B/b 不遵循自由组合定律, 结合 Ab 与 aB 配子占比较高, 推测 A 与 b 在同一条染色体上, a 与 B 在同源的另一条染色体上, 让长翅刚毛雄性昆虫甲与残翅截毛雌性昆虫乙杂交, F_1 中雌、雄均表现为长翅: 残翅 = 1: 1, 说明 A、a 位于常染色体上, 即基因 A/a 与基因 B/b 均位于常染色体上, A、B 错误; 让长翅刚毛雄性昆虫甲与残翅截毛雌性昆虫乙杂交, F_1 中雌、雄均表现为长翅: 残翅 = 1: 1, 但雌性全表现为截毛, 雄性全表现为刚毛, 可推测相关基因位于 X、Y 染色体的同源区段, 甲相关基因型为 X^dY^D 、乙相关基因型为 X^dX^d , 杂交子代为 X^dX^d 、 X^dY^D , 因此通过 PCR 技术检测甲乙杂交子代的 D/d 基因, 则雌雄个体电泳条带数不同, C 正确; 设发生互换的初级卵母细胞为 x 个, 则其产生的配子种类及个数为 $AB = Ab = aB = ab = x$ (个), 设未发生互换的初级卵母细胞为 y 个, 则其产生的配子种类及个数为 $Ab = aB = 2y$ 个, 此时满足 $AB: Ab: aB: ab = x: (x+2y): (x+2y): x = 1: 4: 4: 1$, 经计算可得 $y = \frac{3}{2}x$, 发生互换的初级卵母细胞所占比例为 $\frac{x}{x+y}$, 带入计算可求发生这种变异的初级卵母细胞的比例为 40%, D 错误。

4. (1) X 染色体(结构)变异 (2) 两个 16A 区 (3) 下降 单个 16A 区 利用圆眼雄果蝇与果蝇 Q 杂交获得 F_1 , 再将 F_1 中雄性个体与果蝇 Q 进行杂交, 得到的后代即为所需的品系 (4) 减数分裂时, X 染色体上含 B 的片段发生互换 1: 2

突破点 ▶ 实验探究—基因在染色体上的位置

思路分析

果蝇棒眼性状是由 X 染色体上 16A 区重复导致的, 分析题图可以看出, 一条染色体上最多有一个 16A 区段, 果蝇表现为圆眼; 如果有一条染色体上有两个 16A 区段, 果蝇表现为棒眼。

【解析】(1) 由题干信息可知, 果蝇的棒眼和圆眼遗传与性别相关联, 可推知 16A 区位于 X 染色体上, 棒眼性状的出现是 16A 区重复导致的, 为染色体结构变异。

(2) 亲本为棒眼雌果蝇和圆眼雄果蝇,子代表型及比例为棒眼雌性:圆眼雌性:圆眼雄性=1:1:1,即棒眼雄性死亡,因此可知纯合致死基因 a 位于含有两个 16A 区的染色体上。

(3) 亲本棒眼雌果蝇所占比例为 $\frac{1}{2}$, F_1 中棒眼雌果蝇占比为 $\frac{1}{3}$,且纯合致死基因 a 位于含有两个 16A 区的染色体上,因此可知该果蝇种群自由交配多代后棒眼雌果蝇所占比例会下降。纯合致死基因 a 位于含有两个 16A 区的染色体上,因此棒眼果蝇为杂合子,一条 X 染色体上含有两个 16A 区并含有 a 基因,另一条 X 染色体上含有单个 16A 区且不含 a 基因,因此需将基因 B (该基因纯合可导致雌果蝇幼虫死亡) 导入棒眼果蝇细胞中含单个 16A 区的染色体上,筛选并获得果蝇新类型 Q, Q 的基因型可表示为 X^aX^B 。为培育一个果蝇品系,使其自由交配后代中棒眼雌果蝇比例保持不变,可利用圆眼雄果蝇 (XY) 与果蝇 Q (X^aX^B) 杂交获得 F_1 ,再将 F_1 中雄性个体 (X^BY) 与果蝇 Q (X^aX^B) 进行杂交,得到的后代 (X^aX^B 、 X^BY) 即为所需的品系。

(4) 在获得的果蝇品系 (X^aX^B 、 X^BY) 中,子代出现了少数圆眼雌果蝇,由题图可知,圆眼雌果蝇只含 B 基因,因此可知其基因型为 X^BX ,即亲本减数分裂时,X 染色体上含 B 的片段发生互换,使后代出现基因型为 X^BX ,表型为圆眼的雌果蝇。若让题图中圆眼雌果蝇 (X^BX) 与该品系中的雄果蝇 (X^BY) 杂交,因 B 基因纯合可导致雌果蝇幼虫死亡,后代基因型及比例为 $X^BX:X^BY:XY=1:1:1$,后代的雌雄比为 1:2。

5. (1) Z EEZ^fW (2) C (3) Z Z^AZ^a 、 Z^AW $\frac{1}{12}$ (4) 是 由表

可知, A 与 f 同时位于同一配子, a 与 F 同时位于同一配子, 两对基因不发生自由组合, 且已知 F (f) 位于 Z 染色体上

突破点 ▶ 实验探究—基因在染色体上的位置

【解析】 (1) F_2 中雄性 (黑色:白色=6:2) 和雌性 (黑色:黄色:白色=3:3:2) 的表型比例不同, 且 F_1 全为黑色, 说明体色与性别相关联。纯合白色雄蚕与纯合黄色雌蚕杂交, F_1 均为黑色, F_1 随机交配后, F_2 雄性中黑色占 $\frac{6}{8}$, 白色占 $\frac{2}{8}$, 雌性中黑色占 $\frac{3}{6}$, 黄色占 $\frac{3}{6}$, 白色占 $\frac{2}{6}$ 。由于 F_2 中雌性出现黄色, 而雄性无黄色, 说明 F/f 基因位于 Z 染色体上。雌性亲本基因型为 EEZ^fW (纯合黄色)。

(2) 为达到题述目的, 应选择杂交组合使子代雌雄体色不同。黑色雌蚕 (EEZ^fW) \times 黄色雄蚕 (EEZ^fZ^f), 子代雄性基因型 (表型) 为 EEZ^fZ^f (黑色), 雌性基因型 (表型) 为 EEZ^fW (黄色), 即雌性为黄色, 雄性为黑色, 可通过体色区分雌雄, C 符合题意。

(3) 由题干信息可知, a 基因纯合时雄性反转成不育雌性。 F_1 未出现性反转, 说明亲代雄性不是 a 基因纯合。若 A/a 位于 Z 染色体, 则雄蚕 (ZZ) 基因型为 Z^AZ^a (Z 染色体携带 A 和 a), 雌蚕 (ZW) 基因型为 Z^AW (Z 染色体携带 A, W 染色体上无对应等位基因)。 F_1 雄蚕基因型及占比为 Z^AZ^A (50%) 和 Z^AZ^a (50%), 雌蚕基因型及占比为 Z^AW (50%) 和 Z^aW (50%)。由于雄蚕无基因型为 Z^aZ^a 个体, 故无性反转。 F_2 雄蚕中 Z^aZ^a (性反转雌性) 占 $\frac{1}{16}$, 导致雌雄比例调整为 9:7, 若 A/a 基因位于常染色体上, 亲代雄性为纯合显性 (AA), 雌性为纯合隐性 (aa), F_1 所有个体为杂合子 (Aa), 无 aa 雄性, 因此无性别反转。 F_1 随机交配, 雌雄配子类型及比例均为 $\frac{1}{2}A$ 和 $\frac{1}{2}a$, F_2 基因型及占比 $\frac{1}{4}AA$ 、 $\frac{1}{2}Aa$ 、

$\frac{1}{4}aa$, 雄性中 aa 占 $\frac{1}{4}$, 反转后雌性占总数比为 $\frac{1}{2} + \frac{1}{8} = \frac{5}{8}$, 雄性占比为 $\frac{3}{8}$, 比例为 $5:3$ 。 F_2 随机交配, 雌性配子类型及比例为 $\frac{1}{2}A、\frac{1}{2}a$, 雄性配子类型及比例为 $\frac{2}{3}A、\frac{1}{3}a$ 。后代雄性中 aa 占 $\frac{1}{6}$, 故性反转比例为 $\frac{1}{6} \times \frac{1}{2}$ (雄性概率) = $\frac{1}{12}$ 。

(4) 通过分析表格中的精子基因组成情况, 可以发现 A 基因总是与 f 基因同时出现, 而 a 基因总是与 F 基因同时出现, 这表明 A 和 a 基因与 F 和 f 基因之间可能存在连锁关系, 即位于同一对同源染色体上。且已知 $F、f$ 基因位于 Z 染色体上, 因此可以推断 $A、a$ 基因也位于 Z 染色体上。

第4节 人类遗传病

刷基础

1. A 考查点 ▶ YY 综合征

【解析】YY 综合征患者染色体核型为 $44 + XYY$, 其产生的配子类型有 $22+X、22+Y、22+XY、22+YY$ 四种类型, 正常女性产生的配子为 $22+X$ 一种类型, 受精后后代染色体核型有 $44+XX、44+XY、44+XXY、44+XYY$ 四种类型, 并非 6 种, A 错误; 因为 YY 综合征患者的后代可能出现染色体核型异常情况, 所以为了避免患病胎儿的出生, 生育前需要进行产前诊断以明确胎儿核型, B 正确; YY 综合征为染色体数目异常遗传病, 可通过显微镜观察诊断, C 正确; 减数分裂 II 后期 Y 染色体不分离可能使部分精子含有两条 Y 染色体, 从而导致后代患 YY 综合征, D 正确。

2. C 突破点 ▶ 图表分析—人类遗传病的概率计算

【解析】由题图可知, III_1 的患病基因是来自母本 II_3 的 UB 基因, II_3 不患病, 故 II_3 基因型为 $UAUB$, II_4 不患病, 其基因型为 $UAUB$ 或 $UAUA$, 后代患病与否只取决于来自母本的基因, 所以 II_3 和 II_4 再生一个健康女孩的概率为 $\frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{4}$, A 正确; 神经细胞与其他体细胞中 UA 基因表达有差异, 体现了细胞的分化, B 正确; 由 A 项分析可知, II_3 的基因型为 $UAUB$, 由 II_3 不患病可知其 UA 基因来自母本 I_2 , UB 基因来自父本 I_1 , 即致病基因来自 I_1 , 又因 III_1 患病, 故 III_1 个体的基因型为 $UAUB$ 或 $UBUB$, C 错误; 不携带致病基因的正常女性 (基因型为 $UAUA$) 只传递给后代 UA 基因且能表达, 父方无论传递给后代什么基因都不表达, 因此二者婚配, 后代均正常, 患病概率为 0, D 正确。

3. (1) $1 \ X^A X^a$ (2) ①替换 比较 4 (或 1 或 5) 和 6 的条带可知 6 只含 A 基因, 被酶切为 310 bp 和 118 bp 两个片段, 5 (或 1 或 4) 被切割的 a 基因的两个片段之和为 310 bp, 另一片段为 118 bp, 即 A 基因和 a 基因碱基数量相等 ②男 二者婚配后生育的男孩均正常, 女孩可能会患病

突破点 ▶ 图表分析—遗传系谱图中遗传方式的判定及应用

题图解读

分析电泳结果图, A 基因含一个限制酶切位点, 因此 A 基因酶切后只能形成两种长度的 DNA 片段; a 基因增加了一个酶切位点, 则突变基因酶切后可形成 3 种长度的 DNA 片段。结合电泳图可知, 6 号电泳的两条条带应为 A 基因酶切后的条带, 被酶切为长度为 310 bp 和 118 bp 的两个 DNA 片段, a 基因新增了一个酶切位点后应该得到三个 DNA 片段, 对照 4 号电泳的条带可以判断新切出的两个条带长度分别为 217 bp 和 93 bp, 长度之和为 310 bp, 故 a 基因酶切后可形成长度为 217 bp、118 bp 和 93 bp 的三种 DNA 片段。

【解析】(1) 肾上腺脑白质营养不良(ALD)是伴X染色体隐性遗传病,由于3号患病,1号不患病,可推测1号的基因型为 $X^A X^a$,2号的基因型为 $X^A Y$,3号个体的X染色体来自1号个体,故3号个体的致病基因来自1号,4号个体的基因型可能为 $X^A X^A$ 或 $X^A X^a$,但4号个体表现患病,由于女性杂合子中有5%的个体会患病,故4号个体的基因型为 $X^A X^a$ 。

(2) ①由题图解读可知,A基因和a基因的碱基数量相等,故A基因突变为致病基因a的方式最可能是发生了碱基的替换。

②由电泳图可知,6号个体基因型为 $X^A X^A$,3号个体的基因型为 $X^a Y$,3号个体与一个和6号个体基因型相同的女性婚配后生育的男孩均正常,女孩可能会患病,故建议这对夫妇生育男孩。

4. C 考查点 ▶ 染色体异常遗传病及其调查

【解析】唐氏综合征属于染色体数目异常遗传病,无致病基因,在胎儿出生前进行基因检测,无法确定胎儿是否患有唐氏综合征,染色体数目变异可以通过显微镜进行观察,患者细胞中的21号染色体增加一条,可统计染色体条数来进一步确定是否患病,A错误;患者含有3条21号染色体,其性母细胞减数分裂时联会紊乱,但可能形成可育配子,B错误;父亲的生育年龄也会影响新生儿患唐氏综合征的概率,C正确;应该在人群中随机进行调查和统计,才能计算出该病的发病率,D错误。

易错警示

染色体异常遗传病是由染色体结构异常或数目异常导致的遗传病,不存在致病基因,不能通过基因检测进行诊断。调查遗传病的发病率应该在人群中随机调查,且样本应该足够大。

刷 提分

1. A 突破点 ▶ 图表分析—人类遗传病遗传方式的判断及患病概率的计算

【解析】由图可知, II_1 、 II_2 正常, III_2 患甲病,故甲病为隐性遗传病,又因为 I_1 为甲病女患者,但其儿子正常,因此判断甲病为常染色体隐性遗传病,即白化病;据题干信息和家系图判断,蚕豆病为伴X染色体隐性遗传病,A错误。蚕豆病为伴X染色体隐性遗传病, IV_2 、 IV_3 为蚕豆病患者,基因型均为 $X^b Y$,说明 III_3 、 II_2 是蚕豆病致病基因携带者,因此 IV_2 、 IV_3 的致病基因来源于 I_1 ,B正确。该家族的 I_1 、 III_2 为白化病患者,基因型为 aa , II_2 、 II_1 不患白化病,故基因型为 Aa , IV_2 、 IV_3 为蚕豆病患者,说明 III_3 、 II_2 是该病致病基因携带者,基因型为 $X^B X^b$,故 II_2 个体的基因型为 $Aa X^B X^b$,由于 III_2 患甲病, II_1 正常,故 II_1 的基因型为 $Aa X^B Y$,一定为杂合子,C正确。白化病在人群中发病率为

$\frac{1}{10\,000}$,即a的基因频率为 $\frac{1}{100}$,则A的基因频率为 $1 - \frac{1}{100} = \frac{99}{100}$,

故人群中相关基因型频率为 $AA = (\frac{99}{100})^2 = \frac{9\,801}{10\,000}$, $Aa = 2 \times \frac{1}{100} \times$

$\frac{99}{100} = \frac{198}{10\,000}$,则正常人群中白化基因携带者概率为 $\frac{Aa}{AA+Aa} =$

$\frac{2}{101}$,若 IV_1 基因型为 Aa ,与正常男性婚配,该男性基因型可能为

AA 或 Aa ,其中基因型为 Aa 的概率为 $\frac{2}{101}$,故后代患白化病的概

率为 $\frac{2}{101} \times \frac{1}{4} = \frac{1}{202}$;蚕豆病为伴X染色体隐性遗传病,据图分析

可知, III_3 的基因型为 $X^B X^b$, III_4 基因型为 $X^B Y$,故 IV_1 基因型及

概率为 $\frac{1}{2}X^BX^B$ 、 $\frac{1}{2}X^BX^b$, 则 IV_1 与正常男性 (基因型为 X^BY) 婚配, 后代患蚕豆病概率为 $\frac{1}{2} \times \frac{1}{4} = \frac{1}{8}$ 。故 IV_1 与正常男性婚配后代同时患两种病的概率为 $\frac{1}{202} \times \frac{1}{8} = \frac{1}{1616}$, D 正确。

2. D 突破点 ▶ 图表分析—人类遗传病的致病机理分析

【解析】结合题图分析可知, 箭头处 \underline{GA} 表示一个基因模板链该位点为 G, 另一个为 A, \underline{G} 表示此位点两条链都为 G, 故该病的致病原因是基因模板链某位点的 G 变为了 A, 碱基对发生了替换, A 错误; 分析题意, I_2 的此位点两条链都是 G, 没有发生基因突变, II_1 的该位点一个基因模板链是 G, 另一个为 A, 发生了基因突变, II_1 是杂合子, 杂合子表现出的性状为显性性状, 故发生卵母细胞死亡导致的不育为显性性状, B 错误; 假设该不孕性状由 A/a 基因控制, 该病是显性遗传病, II_4 正常, 基因型是 aa, 与正常男性婚配 (基因型是 Aa 或 aa), 由于人群中正常男性的基因型概率未知, 故不能判断 II_4 再生一个患病孩子的概率, C 错误; I_1 是杂合子, 基因型是 Aa, I_2 基因型是 aa, 则 II_5 的基因型及概率是 $\frac{1}{2}Aa$ 、 $\frac{1}{2}aa$, 故 II_5 携带致病基因的概率为 $\frac{1}{2}$, D 正确。

3. C 突破点 ▶ 图表分析—染色体失活

思路分析

根据题意可知, ALD 是一种位于 X 染色体上的一对等位基因控制的单基因遗传病, 正常基因含一个限制酶酶切位点, 突变基因增加了一个酶切位点, 因此正常基因酶切后只能形成两种长度的 DNA 片段, 突变基因增加了一个酶切位点, 则突变基因酶切后可形成 3 种长度的 DNA 片段。所以结合题图 2 可知, 正常基因酶切后可形成长度为 320 bp 和 128 bp 的两种 DNA 片段, 而突变基因酶切后可形成长度为 227 bp、93 bp 和 128 bp 的三种 DNA 片段, 这说明突变基因新增的酶切位点位于长度为 320 bp 的 DNA 片段中, 发生了碱基对的替换。

【解析】由思路分析可知, ALD 致病基因是由正常基因发生碱基对替换导致的, X 染色体的失活是随机的, 不会导致基因发生碱基对的替换, A 错误; I_1 携带致病基因, 因此若 II_3 为女性且携带致病基因, 由于无法判断哪条染色体失活, 因此无法确定 II_3 是否患病, 也不能确定 ALD 的致病基因的显隐性, B 错误; 由题图 2 可知, II_3 携带致病基因, 若 II_3 为男性, 则该男性患病, 则无法判断 ALD 的致病基因的显隐性, C 正确; 若 II_3 为男性, 由于只有一条 X 染色体, 因此只含致病基因, 电泳结果与 II_1 不同, D 错误。

4. (1) 肝 基因通过控制酶的合成来控制代谢过程, 进而控制生物体的性状 (2) 乙酶缺陷 患 GSD 家系 (3) 随机取样, 且样本

足够大 $\frac{2+x}{4+4x}$ (4) 乙 ggX^BX^B 或 ggX^BX^b (5) 进行遗传咨询

和产前诊断

考查点 ▶ 糖原累积病

题图解读

分析题意, 题图 1 是甲酶、乙酶、丙酶三种酶参与葡萄糖和糖原之间的转化过程, 其中乙酶和丙酶功能缺陷会导致葡萄糖含量降低; 由题图 2 判断甲酶缺陷 GSD 是常染色体隐性遗传病, 乙、丙两种病均为隐性遗传病, 丙酶缺陷 GSD 女性患者生育有正常儿子, 可排除伴 X 染色体隐性遗传, 而三种病中其中至少一种是伴性遗传, 所以乙酶缺陷 GSD 是伴 X 染色体隐性遗传病。

【解析】(1) 葡萄糖与糖原之间的转化主要发生在肝细胞中,所以题图 1 中的三种酶最可能同时存在于人体的肝细胞。GSD 是由相关酶的基因发生突变导致相应酶功能缺陷从而表现出的疾病,体现了基因可以通过控制酶的合成来控制代谢过程,进而控制生物体的性状。

(2) 分析题图 2,家系 1 中 I_1 和 I_2 表型正常,生出的女儿(II_2)患病,说明甲酶缺陷 GSD 的遗传方式是常染色体隐性遗传,家系 2 和家系 3 中 II_4 和 II_5 表型正常,生出的儿子 III_4 患病,可推测丙酶缺陷 GSD 为隐性遗传病,且 II_7 的母亲患病,但 II_7 表型正常,说明该隐性致病基因位于常染色体上,故丙酶缺陷 GSD 的遗传方式是常染色体隐性遗传,家系 2 中 I_1 和 I_2 表型正常,生出的儿子 II_1 患病,可推测乙酶缺陷 GSD 为隐性遗传病,结合题意三种病 GSD 亚型中至少一种是伴性遗传,则乙酶缺陷 GSD 为伴 X 染色体隐性遗传病。GSD 亚型遗传方式需要在患 GSD 家系中调查获得的。

(3) 若要比 较 三 种 GSD 亚 型 在 人 群 中 的 发 病 率,应 在 人 群 中 随 机 抽 样 调 查,且 调 查 的 人 群 数 量 要 足 够 大,以 确 保 调 查 结 果 的 准 确 性。由 家 系 1 的 系 谱 图 可 知,甲 酶 缺 陷 GSD 为 常 染 色 体 隐 性 遗 传 病,假 设 致 病 基 因 a 的 基 因 频 率 为 x,则 正 常 基 因 A 的 基 因 频 率 为 $1-x$,人 群 中 基 因 型 为 AA 的 概 率 为 $(1-x)^2$,基 因 型 为 Aa 的 概 率 为 $2x(1-x)$,基 因 型 为 aa 的 概 率 为 x^2 。 II_1 的 基 因 型 为 Aa, II_1 与 表 型 正 常 的 男 性 结 婚,只 有 与 基 因 型 为 Aa 的 人 结 婚 才 有 可 能 生 出 患 病 孩 子,正 常 人 群 中 基 因 型 为 Aa 的 概 率 为

$$\frac{2x(1-x)}{(1-x)^2 + 2x(1-x)} = \frac{2x}{1+x}。 II_1 \text{ 与 正 常 人 结 婚 生 正 常 男 孩 的 概 率 为 } [1 - \frac{1}{4} \times \frac{2x}{1+x}] \times \frac{1}{2} = \frac{2+x}{4+4x}。$$

(4) 乙酶缺陷 GSD 是伴 X 隐性遗传病, III_5 是女性且双亲均正常,则 III_5 一定不患乙酶缺陷 GSD, III_5 长期表现为低血糖,则可能是丙酶功能缺陷导致的,丙酶缺陷 GSD 的遗传方式是常染色体隐性遗传,乙酶缺陷 GSD 为伴 X 染色体隐性遗传病,所以 III_5 基因型可能是 ggX^BX^B 或 ggX^BX^b 。

(5) 家系 2 和家系 3 中的 II_4 和 II_5 已经生下一个丙酶缺陷 GSD 的男孩,若再生一个孩子,也有患病 的 风 险,为 优 生 优 育,建 议 进 行 遗 传 咨 询 和 产 前 诊 断 (如 基 因 检 测 等),以 评 估 胎 儿 患 病 的 风 险。

5. (1) 常染色体隐性遗传 (2) $\begin{array}{c} 412 \text{---} G \\ 420 \text{---} G \end{array} \begin{array}{c} \text{---} A \\ \text{---} A \end{array}$ (3) 纯合子 伴 X 染色体显性遗传

$\frac{1}{16}$ (4) 能用显性基因探针检测隐性纯合子 母亲血液中是否存在显性基因,该显性基因只能来自胎儿,来确定胎儿是否携带该基因

突破点 ▶ 图表分析—人类遗传病的类型及机理分析

【解析】(1) 由图 1 可知, III_9 和 III_{10} 不患乙病,他们的女儿 IV_{16} 患乙病,故乙病为常染色体隐性遗传病。

(2) 根据 III_{14} 的父母及其姐姐基因测序结果可知,姐姐得到的均为父母亲未发生基因突变的染色体,不患乙病,父母亲中各有一个基因发生突变,且不患乙病,说明涉及的两个基因均发生突变时,个体才会患乙病,则乙病患者基因测序结果应为 $[412G/A]$;

$$[420A/G], \text{图示为 } \begin{array}{c} 412 \text{---} G \\ 420 \text{---} G \end{array} \begin{array}{c} \text{---} A \\ \text{---} A \end{array}。$$

(3) 据图 2 可知,正常健康男女电泳结果是第 1、4 条带谱,第 2、3 条带谱是甲病致病基因带谱,若控制甲病的基因是显性基因,用 D 表示,正常基因用 d 表示,假设 D、d 基因位于常染色体上,则根据电泳结果,Ⅲ₁₂ 的基因型是 DD,其父亲Ⅱ₆ 基因型是 dd,不成立;假设位于 X 染色体上,成立。若控制甲病的基因是隐性基因,则Ⅲ₁₀ 的基因型应为 dd 或 X^dX^d,不符合图 2 带谱分布,故甲病是伴 X 染色体显性遗传病,即Ⅲ₁₂ 是纯合子。Ⅲ₉(表型正常,且女儿患乙病,说明其基因型为 AaX^dY)和Ⅲ₁₀(患甲病,但女儿不患甲病,说明其基因型为 AaX^DX^d)生育一个患两病男孩(基因型为 aaX^DY)的概率是 $\frac{1}{4} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{16}$ 。

(4) 由题意可知,可用于控制甲病的显性基因探针检测隐性纯合子母亲(Ⅳ₂,不患甲病)血液中是否存在显性基因,若存在,则该显性基因只能来自胎儿,即可确定胎儿携带甲病致病基因。

刷有所得 电泳图谱原理

电泳是利用带电离子或分子所带电荷或分子量不同,在电场中移动距离(或速度)不同的原理分离离子或分子的方法,如等位基因 A 与 a,经限制酶切开后,由于相关片段分子量等存在差异,各片段在电场中移动距离不同,从而使两种基因得以分离。

专题 2 探究基因在染色体上的位置

刷 难关

1. (1) 不能 甜瓜果皮在发育早期均为绿色 (2) 杂合子 实验二中 F₁ 自交发生性状分离 (3) 自由组合 绿皮 白皮 2 (4) 在全基因组上共有两个峰值超过 0.5,分别位于 4 号和 10 号染色体,已知白皮基因位于 10 号染色体,推测绿皮基因位于 4 号染色体

突破点 ▶ 图表分析—探究基因在染色体上的位置

【解析】(1) 据题意可知,在发育早期甜瓜果皮均为绿色,随着果实的发育,有些始终为绿色,有些则逐渐变为黄色或白色,则仅根据实验一绿皮和黄皮杂交,子代早期是绿皮的性状,不能确定黄皮是隐性性状。

(2) 分析题意可知,实验二的 F₁ 自交后,子代出现了绿皮、白皮和黄皮,即发生了性状分离,说明 F₁ 属于杂合子。

(3) 根据实验二中 F₂ 三种果皮颜色比例是绿皮:白皮:黄皮 ≈ 12:3:1,是 9:3:3:1 的变式,推断甜瓜果皮颜色的遗传遵循自由组合定律,设相关基因是 A/a、B/b,可推知 F₁ 是 AaBb, aabb 表现为黄皮,结合实验三, F₁ (AaBb) 与黄皮 (aabb) 杂交,子代中绿皮:白皮:黄皮 ≈ 2:1:1,其为测交实验,可进一步验证绿皮基因会抑制白皮基因的表达,实验二中白皮是单显性个体(可能是 A_bb 或 aaB_),基因型有 2 种。

(4) 由题图可知,在全基因组上共有两个峰值超过 0.5,分别位于 4 号和 10 号染色体,而题干已明确白皮基因位于 10 号染色体,推测绿皮基因位于 4 号染色体。

2. (1) A 是触角发育的必要基因,且长度与 A 数量有关;B 对触角的发育有抑制作用 (2) aaBB AaBB、AaBb (3) D 让乙与甲中雄性个体杂交并统计子代表型和比例 若触角有分叉:触角无分叉:无触角 = 3:3:2,则两对基因位于非同源染色体上;若该比值为 2:1:1,则 D 和 A 位于一条染色体上;若该比值为

1:2:1, 则 D 和 a 位于一条染色体上 (4) 分叉: 无分叉=3:1, 分叉: 无分叉=17:1

突破点 ▶ 实验探究—基因在染色体上的位置

【解析】(1) AAbb 触角长度为 4 cm, AABB 触角长度为 2 cm, 可知 B 对触角的发育有抑制作用; AAbb 触角长度为 4 cm, aabb 的触角长度为 0 cm, 可知 A 是触角发育的必要基因, 且触角长度与 A 数量有关。

(2) AAbb 触角长 4 cm, aabb 的触角长度为 0 cm, 说明一个 A 基因可使触角延长 2 cm, AABB 触角长度为 2 cm, 说明一个 B 基因可使触角缩短 1 cm。触角长度为 4 cm 和 0 cm 的两个纯合亲本进行杂交得 F_1 , 触角长度均为 1 cm, 则 F_1 的基因型为 AaBb, 可知亲本中触角长度为 4 cm 的个体基因型为 AAbb, 触角长度为 0 cm 的个体基因型为 aaBB, F_1 自交得 F_2 , F_2 中触角长度为 1 cm 的杂合子基因型为 AaBB、AaBb。

(3) AAbb 和 aabb 杂交产生的幼虫群体基因型为 Aabb, 由题图可知, 甲只有两种条带, 是纯合子, 表现为无分叉, 乙有三种条带, 是杂合子, 表现为有分叉, 故分叉性状是显性性状, 由 D 控制; 为判断 D/d 和 A/a 的位置关系, 可利用乙 (基因型为 AaDd) 与甲中雄性个体 (基因型为 Aadd) 杂交并统计子代表型和比例。若两对基因位于非同源染色体上, 则遵循自由组合定律, 子代基因型及比例为 $(A_ : aa)(Dd : dd) = (3 : 1) \times (1 : 1)$, 即子代表型及比例为触角有分叉: 触角无分叉: 无触角=3:3:2; 若两对基因位于一对同源染色体上, A、D 位于一条染色体上, 则乙产生的配子及比例为 AD:ad=1:1, 甲产生的配子及比例为 Ad:ad=1:1, 两者杂交, 子代基因及比例为 $A_D_ : Aadd : aadd = 2 : 1 : 1$, 即子代表型及比例为触角有分叉: 触角无分叉: 无触角=2:1:1; 若两对基因位于一对同源染色体上, a、D 位于一条染色体上, 则乙产生的配子及比例为 aD:Ad=1:1, 甲产生的配子及比例为 Ad:ad=1:1, 两者杂交, 子代基因及比例为 $AaDd : A_dd : aadd = 1 : 2 : 1$, 即子代表型及比例为触角有分叉: 触角无分叉: 无触角=1:2:1。

(4) 已知 D/d 与 A/a、B/b 均位于非同源染色体上, 为判断分叉基因位于 3 号还是 4 号染色体上, 利用 3 号或 4 号染色体三体 ($N+1$) 亲本杂交并让 F_1 三体个体自由交配, 亲本 P (触角长度均为 4cm 的纯合子) 基因型为 AAbb, 若该基因位于 4 号染色体上, 实验一亲本基因型为 AAbbdd × AAbbDD, F_1 三体基因型为 AAbbDd, F_1 中的三体雌雄个体自由交配得 F_2 , F_2 中分叉: 无分叉=3:1; 实验二亲本基因型为 AAbbdd × AAbbDDD, F_1 三体基因型为 AAbbDDd, 仅考虑 D/d 基因, F_1 产生的雌配子类型及比例为 DD:Dd:D:d=1:2:2:1, 染色体异常的精子致死, 则雄配子种类及比例为 D:d=2:1, 因此 F_1 中的三体雌雄个体自由交配得 F_2 , F_2 中无分叉个体概率为 $\frac{1}{6} \times \frac{1}{3} = \frac{1}{18}$, 即 F_2 中分叉: 无分叉=17:1。

3. (1) F_1 雌性中金羽: 银羽=2:1, 雄性中金羽: 银羽=1:2, 表现出性状与性别相关联 不能 若亲本中的雌鸡 W 染色体上均为金羽基因, 也可得到题述杂交实验结果 (2) $\frac{7}{12}$ $\frac{11}{18}$

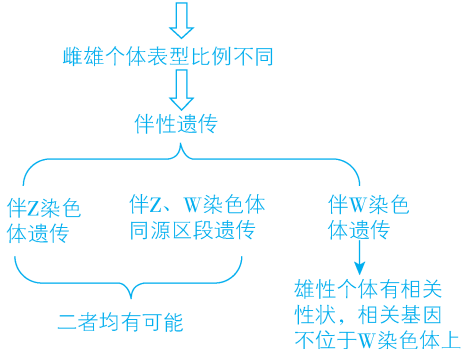
(3) 雌性 P7~P9

思路分析

判断遗传方式应观察子代雌雄个体表型比例是否相同

金羽♀ : 金羽♂ : 银羽♀ : 银羽♂
2 : 1 : 1 : 2

特殊比例形成原因: 亲本为鸡群自由交配



在性别决定方式为 ZW 型的生物的伴性遗传中: 根据子代雌性性状的比例可推出亲本雄性产生的雄配子种类及比例, 再结合子代雄性性状的比例, 可推出亲本雌性产生的雌配子种类及比例。

假设控制鸡的银羽、金羽的基因用 A、a 表示:

(1) F_1 ♀: 金羽 : 银羽 = 2 : 1

$Z^aW : Z^AW = 2 : 1$

亲本雄配子种类及比例为

$Z^a : Z^A = 2 : 1$

(2) F_1 ♂: 金羽 : 银羽 = 1 : 2

$Z^aZ^a : Z^AZ^a = 1 : 2$

已知雄配子中 Z^a 占比为 $\frac{2}{3}$

F_1 ♂ 中 Z^aZ^a 占比为 $\frac{1}{3}$

$\frac{1}{3} = \frac{2}{3} \times \text{雌配子中 } Z^a \text{ 的比例}$

雌配子中 Z^a 占比为 $\frac{1}{2}$

雌配子中 $Z^a : Z^A = 1 : 1$

F_1 中 $\left\{ \begin{array}{l} \text{♀} : Z^aW : Z^AW = 2 : 1 \\ \text{♂} : Z^AZ^A \left(\frac{1}{6} \right) : Z^AZ^a \left(\frac{1}{2} \right) : Z^aZ^a \left(\frac{1}{3} \right) \\ \quad 1 : 3 : 2 \end{array} \right.$

计算基因频率可将基因型比例换成个数, 根据题意即可求得基因频率。

【解析】(1) 一群鸡自由交配, F_1 雌性中金羽 : 银羽 = 2 : 1, 雄性中金羽 : 银羽 = 1 : 2, 表现出性状与性别相关联, 说明控制金羽、银羽的一对等位基因位于性染色体上, 属于伴性遗传。若控制金羽、银羽的等位基因位于 Z、W 染色体的同源区段上, 且亲本中的雌鸡的 W 染色体上均为金羽基因, 也可得到上述杂交实验结果, 因此不能排除控制金羽、银羽的等位基因位于 Z、W 染色体的同源区段上。

(2) 由思路分析可知, 依据 F_1 的表型及比例, 可推出亲本产生的雄配子和雌配子的种类和比例, 进而推知 F_1 雄鸡的基因型及比

例为 $Z^A Z^A : Z^A Z^a : Z^a Z^a = 1 : 3 : 2$, F_1 雌鸡的基因型及比例为 $Z^A W : Z^a W = 1 : 2 = 2 : 4$ (注意计算基因频率时雌、雄个体比例需保持 $1 : 1$), 则 F_1 雄鸡中金羽基因 (Z^a) 的基因频率是 $(3 + 2 \times 2) \div (6 \times 2) = \frac{7}{12}$ 。 F_1 中金羽基因 (Z^a) 的基因频率 $= (3 + 2 \times 2 + 4) \div (6 \times 2 + 6) = \frac{11}{18}$ 。在理想状态下, 种群基因频率不改变, 因此若每代都自由交配 (理想状态), 雄鸡中金羽基因 (Z^a) 的基因频率会逐渐趋向于 $\frac{11}{18}$ 。

(3) 一批纯种黑羽鸡与金羽、银羽鸡杂交后, 后代均表现为黑羽, 说明黑羽对金羽、银羽为显性性状。已知黑羽由 11 号染色体上的一对等位基因 (用 B 、 b 表示) 控制, 则黑羽基因与金羽、银羽基因可自由组合, 根据 F_2 中银羽鸡 ($bbZ^A _$) 占比 $\frac{3}{16}$, 可初步推测 F_2 的性状分离比为 $9 : 3 : 3 : 1$ 的变式, 则 F_1 的基因型为 $BbZ^A Z^a$ 、 $BbZ^A W$, 则亲本中金羽鸡的基因型只能为 $bbZ^a W$, 均为雌性。综上分析, 这两只金羽鸡的性别是雌性。 F_2 中的金羽鸡和银羽鸡都不含有黑羽基因, 与黑羽个体相比, 二者题图中遗传标记检测的结果均不含有 $P7 \sim P9$ 之间的片段, 据此可推知黑羽基因在 11 号染色体上的位置在分子标记 $P7 \sim P9$ 之间。

4. (1) 随机 ①③突变基因是一对同源染色体上的非等位基因, 且没有发生互换 全白或黑色 : 白色 $= 1 : 1$ (2) 四 三 (3) 5 替换 常染色体和 X、Y 染色体同源区段 (4) $3 \rightarrow 5 \rightarrow 1 \rightarrow 4 \rightarrow 6 \rightarrow 2$ 5、1

突破点 ▶ 信息提取—利用 PCR 技术探究基因在染色体上的位置

【解析】 (1) 从一个黑色显性纯合的野生型小鼠品系中选育出 6 个不同的单基因隐性突变纯合品系①~⑥, 说明基因突变具有随机性; 品系①与野生型小鼠杂交, F_1 均为黑色, F_1 自由交配, F_2 雌雄个体的表型及比例均为黑色 : 白色 $= 3 : 1$, 假设品系①的突变基因用 a 表示, 品系①与③杂交, 后代均为黑色, 品系③的突变基因用 b 表示, 第 II 组的 F_1 自由交配后, F_2 表型及比例为黑色 : 白色 $= 1 : 1$, 说明品系①③的突变基因位于同一对染色体上, 且为非等位基因, 即 A 与 b 连锁, a 与 B 连锁, 且没有发生互换; 第 III 组①与④的杂交结果与第 II 组相同, 说明④的相关基因也与①的相关基因位于同一对染色体上且为非等位基因, 若③与④为相同位点的基因突变, 则③与④杂交后代均为隐性, 即均为白色, 若③与④突变基因位于同一对染色体的不同位点, 则③与④杂交, F_1 全为黑色, F_1 随机交配, F_2 表型及比例为黑色 : 白色 $= 1 : 1$ 。

(2) 第 IV 组和第 V 组的 F_2 表型比均为 $9 : 3 : 3 : 1$ 的变式, 说明⑤⑥与①的突变基因为非同源染色体上的非等位基因, ⑤⑥杂交, F_2 表型比也为 $9 : 3 : 3 : 1$ 的变式, 说明⑤⑥的突变基因也为非同源染色体上的非等位基因, ②与①杂交后代均为白色, 说明②的突变位点与①完全相同, ③④与①的突变基因位于同源染色体的不同位点, ③与④的突变基因可能位于同一对染色体的不同位点也可能位于相同位点, 因此控制小鼠毛色的基因至少为四对, 且至少位于三对同源染色体上。

(3) 品系⑤和⑥的突变基因位于两对染色体上, 可能位于两对常染色体上, 也可能 e 位于常染色体上、 f 位于 X 染色体上或位于 X、Y 染色体同源区段上, 也可能 e 位于 X 染色体上、 f 位于常染色体上或位于 X、Y 染色体同源区段上, 因此一共可作 5 种假设; 已知条带 1 和条带 2 分别表示 E、F 基因, 亲本⑥基因型为 $EEff$, f

基因酶切后对应的条带为条带 4、5, 加起来的 DNA 长度与 F 相同, 因此 f 基因应是 F 基因发生碱基对的替换形成的; 亲本⑤对应的基因型为 eeFF, 条带 3 对应 e 基因酶切结果, F_2 的所有雄性基因型为 EEFf、EEff、EeFf、Eeff、eeFf、eeff, 说明 E、e 位于常染色体上, F、f 位于 X 与 Y 的同源区段, 若 F、f 位于常染色体, 则雄性中应有基因型为 FF 的个体, 而电泳结果中无 FF, 因此亲本基因型为 $eeX^F X^F$ 、 $EEX^f Y^f$, F_1 为 $EeX^F X^f$ 、 $EeX^F Y^f$, F_2 中所有雄性基因型为 $EEX^F Y^f$ 、 $EEX^f Y^f$ 、 $EeX^F Y^f$ 、 $EeX^f Y^f$ 、 $eeX^F Y^f$ 、 $eeX^f Y^f$ 。

(4) 图中编号相同的为同一标记, 将 5 个片段两两之间在相同标记处拼接起来, 即可得到 6 个分子标记在 5 号染色体上的排序为 $3 \rightarrow 5 \rightarrow 1 \rightarrow 4 \rightarrow 6 \rightarrow 2$ 。若仅有片段 A 和 C 检测到突变基因, 则突变基因应位于分子标记 5、1 之间。

全章综合提升

刷素养

1. BD 考查点 ▶ 伴性遗传的遗传规律及应用

【解析】根据题意, 白翅雌性个体与纯合棕翅雄性个体杂交, F_1 全为棕翅, F_1 雌雄个体相互交配, F_2 的表型及比例为棕翅: 朱砂翅: 白翅 = 12:3:1, 为 9:3:3:1 的变式, 且白翅和朱砂翅个体均为雌性, 与性别有关, 说明两对基因自由组合, 由于 D、d 位于常染色体上, 可推知 E、e 位于 Z 染色体上, 则两个亲本的基因型分别为 $ddZ^e W$ 和 $DDZ^E Z^E$, A 正确; 由 A 项可知, F_1 为 $DdZ^E Z^e$ 、 $DdZ^E W$, F_2 棕翅雄性个体基因型为 $_ _ Z^E Z^e$, 其中杂合子所占的比例为 $1 - \frac{1}{4} \times \frac{1}{2} - \frac{1}{4} \times \frac{1}{2} = \frac{3}{4}$, B 错误; F_2 朱砂翅 (由题意可知, F_2 朱砂翅雌性为 $\frac{1}{3} DDZ^e W$ 、 $\frac{2}{3} DdZ^e W$) 与 F_1 棕翅 (为雄性 $DdZ^E Z^e$) 杂交, 后代中朱砂翅个体 $D_ Z^e Z^e$ 和 $D_ Z^e W$ 所占比例为 $\left(1 - \frac{2}{3} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2}\right) \times \frac{1}{2} = \frac{5}{12}$, C 正确; 若 F_2 中出现一只白翅雄性个体 $ddZ^e Z^0$ (即丢失相应的 E 基因) 或 $ddZ^e Z^e$, 可能是亲本产生配子时染色体部分缺失或基因突变所致, D 错误。

2. BC 突破点 ▶ 图表分析—自由组合定律中的致死问题

【解析】由甲、乙实验可知, 宽叶、高茎为显性, 实验甲中宽叶矮茎植株自交, 子代中宽叶矮茎: 窄叶矮茎 = 2:1, 亲本基因型为 $Aabb$, 理论上子代基因型及比例为 $AA:Aa:aa = 1:2:1$, 因此推测 AA 致死; 实验乙中窄叶高茎植株自交, 子代中窄叶高茎: 窄叶矮茎 = 2:1, 亲本基因型为 $aaBb$, 理论上子代基因型及比例为 $BB:Bb:bb = 1:2:1$, 因此推测 BB 致死。无论等位基因 A/a、B/b 位于一对同源染色体上, 还是位于两对非同源染色体上, $Aabb$ 会产生 Ab 、 ab 两种配子, $aaBb$ 会产生 ab 、 aB 两种配子, 实验丙中 F_1 均为宽叶矮茎: 宽叶高茎: 窄叶高茎: 窄叶矮茎 = 1:1:1:1, 故无法判断上述两对基因是否位于非同源染色体上, 是否遵循自由组合定律, A 错误, B、C 正确; 将 F_1 中宽叶高茎 ($AaBb$) 的个体自交, 假设上述两对基因位于非同源染色体上, 由于 AA 和 BB 致死, 子代原本的 9:3:3:1 变为 4:2:2:1, 后代植株中宽叶高茎所占比例为 $\frac{4}{9}$; 假设上述两对基因位于一对同源染色体上, 则 $AaBb$ 会产生 Ab 、 aB 两种配子, 由于 AA 和 BB 致死, 子代基因型为 $AaBb$, 均表现为宽叶高茎, D 错误。

3. ACD 突破点 ▶ 图表分析—人类遗传病、遗传系谱图的分析及患病概率的计算

【解析】设控制甲型耳聋的相关基因为 A/a , 控制乙型耳聋的相关基因为 B/b , 分析题图可知, 乙型耳聋患病男性 II_3 的父母均不患病, 又由于 II_3 的父亲 I_3 为纯合子, 则乙型耳聋为伴 X 染色体隐性遗传病。 II_2 不患乙型耳聋, 但携带该病致病基因, 故 II_2 基因型为 $X^B X^b$, II_2 的父母均正常, 其父母的基因型分别为 $X^B Y$ 和 $X^B X^b$, II_2 的乙型耳聋致病基因只能来源于其母亲, 即 I_2 携带乙型耳聋致病基因, A 正确。甲型耳聋患病女性 II_1 的父母均不患病, 说明甲型耳聋为常染色体隐性遗传病。乙型耳聋患病男性 II_3 同时携带甲型耳聋致病基因, 故 II_3 基因型为 $Aa X^b Y$, 其父亲 I_3 为纯合子, II_3 父母基因型分别为 $AAX^B Y$ 和 $Aa X^B X^b$, 则 II_4 的基因型为 $A_X^B X^b$, 与正常男性婚配, 其后代可能患耳聋, 需要对胎儿进行耳聋基因检测, B 错误。 II_2 基因型为 $A_X^B X^b$, 即 II_2 基因型及概率为 $\frac{1}{3} AAX^B X^b$ 、 $\frac{2}{3} Aa X^B X^b$, II_3 基因型为 $Aa X^b Y$, II_2 和 II_3 婚配, 所生孩子患耳聋的概率是 $= \frac{1}{3} \times \frac{1}{2} + \frac{2}{3} \times \left(1 - \frac{3}{4} \times \frac{1}{2} \right) = \frac{7}{12}$, C 正确。 II_1 为甲型耳聋患病女性, 基因型为 aa , 人群中甲型耳聋发病率为 4%, 则正常男性基因型及概率为 $\frac{2}{3} AA$ 、 $\frac{1}{3} Aa$, II_1 与正常男性婚配, 所生孩子患甲型耳聋的概率为 $\frac{1}{3} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{6}$, D 正确。

4. AD 突破点 ▶ 图表分析—基因自由组合定律的实质和应用

【解析】根据题意, 一群数量相等的正常翅直刚毛雌果蝇与残翅直刚毛雄果蝇进行杂交得到 F_1 。根据柱状图结果分析, 后代中既有直刚毛又有焦刚毛, 即发生了性状分离现象, 故直刚毛为显性、焦刚毛为隐性, 且 F_1 雌果蝇全为直刚毛, 雄果蝇直刚毛:焦刚毛 = 1:1, 所以控制刚毛性状基因与性别相关联, 则该基因位于 X 染色体上。再对翅形进行分析: F_1 雌、雄果蝇均为正常翅:残翅 = 2:1, 所以控制翅形的基因位于常染色体上, 且正常翅是显性, 残翅为隐性, A 正确。根据 A 选项分析可知, 控制翅形的基因位于常染色体上, 且正常翅是显性, 残翅为隐性, F_1 雌、雄果蝇均为正常翅:残翅 = 2:1, 题目不考虑致死现象、基因突变和染色体变异, 故亲本雌果蝇产生配子类型及比例 $A:a=2:1$, 说明亲本雌果蝇基因型及比例为 $AA:Aa=1:2$, 又因为控制刚毛性状的基因位于 X 染色体上, 且直刚毛为显性、焦刚毛为隐性, 亲本雌果蝇的基因型为 $X^B X^b$, 雄果蝇的基因型为 $X^B Y$, 故亲本雌果蝇的基因型及比例为 $AAX^B X^b:AaX^B X^b=1:2$, 因此亲本雌果蝇均为杂合子, B 错误。将两对基因分开来看, 先看翅形: 亲本雌果蝇基因型及比例为 $AA:Aa=1:2$, 残翅雄果蝇基因型为 aa , 因此 F_1 无论雌雄果蝇基因型及比例均为 $aa:Aa=1:2$, 因此 F_1 雌雄配子中均为 $A:a=1:2$ 。再看刚毛性状: 亲代雌果蝇的基因型为 $X^B X^b$, 雄果蝇的基因型为 $X^B Y$, 因此 F_1 雌果蝇基因型及比例为 $X^B X^B:X^B X^b=1:1$, 则 F_1 产生的雌配子中 $X^B:X^b=3:1$, C 错误。根据 C 选项分析可知, F_1 雌雄配子中均为 $A:a=1:2$, 那么自由交配后代中出现残翅 aa 的概率为 $\frac{2}{3} \times \frac{2}{3} = \frac{4}{9}$, F_1 产生的雌配子中 $X^B:X^b=3:1$, 产生的雄配子中 $X^B:X^b:Y=1:1:2$, 因此自由交配后代中出现焦刚毛雄果蝇的概率为 $\frac{1}{4} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{8}$, 故出现残翅焦刚毛雄果蝇的概率是 $\frac{4}{9} \times \frac{1}{8} = \frac{1}{18}$, D 正确。

刷真题

1. C 命题点 基因突变、基因的分离定律

题表解读

b. ①×②、①×⑤的子代叶片边缘全为光滑形,说明①与②、①与⑤分别是不同基因发生隐性突变而来

杂交组合	子代叶片边缘
①×②	光滑形
①×③	锯齿状
①×④	锯齿状
①×⑤	光滑形
②×⑥	锯齿状

a. ①×③、①×④的子代叶片边缘全为锯齿状,说明①与③④应是同一基因突变而来,故③和④杂交,子代叶片边缘为锯齿状, B 正确

c. ②×⑥的子代全为锯齿状,说明②与⑥是由同一个基因突变形成的

思路分析

据题分析,光滑形边缘对锯齿状边缘为显性,6个不同的突变体均为隐性纯合,可能是同一基因突变形成的,也可能是不同基因突变形成的。

【解析】由上述信息可知,②与③由不同基因发生隐性突变而来,因此②和③杂交,子代叶片边缘为光滑形, A 正确;由上述信息可知,①与②、①与⑤分别是不同基因发生隐性突变而来,②与⑤若为同一基因突变形成的,则杂交子代叶片边缘为锯齿状,若为不同基因突变形成的,则杂交子代叶片边缘为光滑形, C 错误;由上述分析可知,①与④是同一基因突变而来的,①与②是不同基因突变形成的,而②与⑥是同一个基因突变形成的,则④与⑥是不同基因突变形成的,④和⑥杂交,子代叶片边缘为光滑形, D 正确。

2. C 命题点 自由组合定律的应用、连锁现象

【解析】基因型为 $AaCcFf$ 的番茄植株自交,根据产生的子代表型可推测,控制紫茎 (A) 与绿茎 (a)、雄性可育 (F) 与雄性不育 (f) 的两对基因连锁,位于一对同源染色体上,且控制绿茎 (a) 和雄性不育 (f) 的基因位于同一条染色体,控制紫茎 (A) 和雄性可育 (F) 的基因位于同一条染色体,所以育种实践中绿茎可作为雄性不育材料筛选的标记, A 错误;由于 A 与 a、C 与 c 两对等位基因独立遗传,遵循基因自由组合定律,且 A 与 a、F 与 f 两对等位基因连锁,所以 C 与 c、F 与 f 也遵循自由组合定律,子代雄性可育株中,缺刻叶:马铃薯叶 $\approx 3:1$, B 错误;由于亲本 A 基因和 F 基因位于同一条染色体, a 基因和 f 基因位于同一条染色体,所以子代中紫茎雄性可育株 ($A_F_$) 与绿茎雄性不育株 ($aaff$) 的比例约为 $3:1$, C 正确;出现等量绿茎可育株与紫茎不育株是减数分裂 I 前期同源染色体上非姐妹染色单体片段互换的结果, D 错误。

3. B 命题点 母体效应、遗传规律的应用

【解析】体节缺失个体基因型为 $MmNn$ 时,由于不含隐性纯合基因,说明体节缺失是母体效应引起的,可能是由于 M、m 基因具有母体效应,则该个体母本相关基因型为 mm ;也可能是 N、n 基因具有母体效应,则该个体母本相关基因型为 nn ,故无法判断哪对等位基因为母体效应基因, A 不符合题意。体节缺失个体基因型为 $MmNN$ 时,由于不含隐性纯合基因,说明体节缺失是母体效应引起的,由于该个体含有两个 N 基因,说明其母本一定含有 N 基因,故一定是 M、m 基因具有母体效应, B 符合题意。体节缺失个体基因型为 $mmNN$ 时,可能是 mm 隐性纯合使其表现为体节缺失,即 N、n 基因具有母体效应;也可能是 M、m 基因具有母体效应,母本相关基因型为 mm 导致其体节缺失,故无法判断哪对等位基因为母体效应基因, C 不符合题意。体节缺失个体基因

型为 $Mmnn$ 时,可能为 nn 隐性纯合使其表现为体节缺失,则 M 、 m 基因具有母体效应;也可能为 N 、 n 基因具有母体效应,母本相关基因型为 nn 导致其体节缺失,故无法判断哪对等位基因为母体效应基因, D 不符合题意。

4. D 命题点 ▶ 基因自由组合定律的应用

【解析】统计杂交子代表型可知,灰色:黑色 = 3:1,雌性:雄性 = 1:2。若体色受常染色体上一对等位基因(用 A/a 表示)控制,则灰色亲本相关基因型均为 Aa ,子代灰色:黑色 = 3:1;若位于 Z 染色体上的基因有隐性纯合致死效应,设相关基因为 B 、 b ,则亲本相关基因型为 $Z^B Z^b$ 、 $Z^B W$ 时,子代可出现雌性:雄性 = 1:2,②正确。设体色受两对等位基因 A 、 a 和 B 、 b 共同控制,亲本基因型为 $AaZ^B Z^b$ 、 $AaZ^B W$,当 A 、 B 基因同时存在时为灰色,其他情况为黑色,若位于 Z 染色体上的基因隐性纯合致死,子代灰色雄性:灰色雌性:黑色雄性:黑色雌性 = 6:3:2:1,④正确。综上可知, D 符合题意。

5. BCD 命题点 ▶ 孟德尔遗传规律及性别决定方式

【解析】只要含有 T^D 基因就表现为雌性,不考虑突变,则 $T^D T^D$ 无法由含 T^D 基因的父本和母本杂交产生,故只考虑常染色体基因 T 、 T^D 、 T^R ,可能的基因型为 TT 、 $T^R T^R$ 、 TT^D 、 TT^R 、 $T^D T^R$,该群体自由交配, F_1 的基因型最多有 5 种可能, A 错误;两个基因型相同的个体杂交,亲本和 F_1 中肯定不含 T^D ,故 F_1 中一定没有雌性个体, B 正确;多个基因型为 $T^D T^R$ (雌性)、 $T^R T^R$ (雄性)的个体自由交配,雌性产生的配子类型及比例为 $T^D:T^R = 1:1$,雄性只可能产生基因型为 T^R 的配子,故 F_1 中基因型为 $T^D T^R$ 的个体:基因型为 $T^R T^R$ 的个体 = 1:1,即 F_1 中雌性与雄性占比相等, C 正确;雌雄同体的杂合子(含有两条 X 染色体)基因型为 TT^R ,自体受精得到的 F_1 基因型及概率如表:

♀ \ ♂	$\frac{1}{2}T$	$\frac{1}{2}T^R$
$\frac{1}{2}T$	$\frac{1}{4}TT$ (雌雄同体)	$\frac{1}{4}TT^R$ (雌雄同体)
$\frac{1}{2}T^R$	$\frac{1}{4}TT^R$ (雌雄同体)	$\frac{1}{4}T^R T^R$ (雄性)

F_1 自体受精 $\left(\frac{1}{3}TT, \frac{2}{3}TT^R\right)$ 获得的 F_2 基因型及概率为 $\left(\frac{1}{3} + \frac{2}{3} \times \frac{1}{4}\right)TT$ 、 $\left(\frac{2}{3} \times \frac{1}{2}\right)TT^R$ 、 $\left(\frac{2}{3} \times \frac{1}{4}\right)T^R T^R$,所以 F_2 中雄性占比为 $\frac{1}{6}$, D 正确。

6. (1) 符合 $\frac{1}{8}$

(2) $AaaBb$ 、 $aaabb$ ① 蓝花:白花 = 5:3

(3) 染色体片段位置颠倒 $aaBB$ 或 $aaBb$ F_1/F_2 (或 R_1/R_2)

命题点 ▶ 遗传规律、减数分裂、染色体数目变异和结构变异及 PCR 的应用

【解析】(1)由表格中实验一的 F_2 蓝花植株:白花植株 = 10:6 (9:3:3:1 的变式)可知,等位基因 A 、 a 和 B 、 b 的遗传符合自由组合定律。根据题干信息可知,基因型为 $A_B_$ 和 $aabb$ 的个体为蓝花植株, A_bb 和 $aaB_$ 的个体为白花植株。实验一中 F_1 均为蓝花植株,而亲本均为白花植株,可以得知 F_1 的基因型为 $AaBb$,则 F_2 中蓝花植株纯合体的基因型为 $AABB$ 、 $aabb$,占比为 $\frac{1}{16} + \frac{1}{16} = \frac{1}{8}$ 。

(2)由实验二可知,若未对亲本进行诱变处理,其后代的基因型及表型如下:

$$P: AaBb(\sigma) \times aabb(\eta)$$



$$F_1: AaBb \quad Aabb \quad aaBb \quad aabb$$

因 F_1 中的三体蓝花植株仅基因 A 或 a 所在染色体多了 1 条, 故该三体蓝花植株的基因型可能为 $AAaBb$ 、 $AaaBb$ 、 $aaabb$ 。

若用测交法检测三体蓝花植株的基因型, 则

$$\textcircled{1} AAaBb \times aabb \rightarrow (AAa \times aa)(Bb \times bb)$$



$$(AAa : aa : Aaa : Aa)(Bb : bb) =$$

$$(1 : 1 : 2 : 2)(1 : 1)$$

即(有 A 基因 : 无 A 基因)($Bb : bb$) = $(5 : 1)(1 : 1)$, 子代为蓝花植株 : 白花植株 = $1 : 1$;

$$\textcircled{2} AaaBb \times aabb \rightarrow (Aaa \times aa)(Bb \times bb)$$



$$(Aaa : aa : Aa : aaa)(Bb : bb) =$$

$$(2 : 2 : 1 : 1)(1 : 1)$$

即(有 A 基因 : 无 A 基因)($Bb : bb$) = $(1 : 1)(1 : 1)$, 子代为蓝花植株 : 白花植株 = $1 : 1$;

$$\textcircled{3} aaabb \times aabb \rightarrow (aaa \times aa)(bb \times bb), \text{子代均为蓝花。}$$

由 $\textcircled{1}\textcircled{2}$ 可知, 不能用测交法。

自交法分析如下:

$$\textcircled{1} AAaBb \xrightarrow{\otimes} (AAa \times AAa)(Bb \times Bb)$$

AAa 产生的配子为 $AA : a : Aa : A = 1 : 1 : 2 : 2$, Bb 产生的配子为 $B : b = 1 : 1 \rightarrow$ (有 A 基因 : 无 A 基因)($B_ : bb$) = $(35 : 1)(3 : 1)$, 子代为蓝花植株 : 白花植株 = $106 : 38 = 53 : 19$;

$$\textcircled{2} AaaBb \xrightarrow{\otimes} (Aaa \times Aaa)(Bb \times Bb)$$

Aaa 产生的配子为 $Aa : a : A : aa = 2 : 2 : 1 : 1$, Bb 产生的配子为 $B : b = 1 : 1 \rightarrow$ (有 A 基因 : 无 A 基因)($B_ : bb$) = $(3 : 1)(3 : 1)$, 子代为蓝花植株 : 白花植株 = $10 : 6 = 5 : 3$;

$$\textcircled{3} aaabb \xrightarrow{\otimes} \text{子代均为蓝花。}$$

故可用自交法验证, 若染色体不分离发生在减数分裂 I, 则亲代产生的异常配子为 AaB , F_1 三体蓝花植株的基因型为 $AaaBb$, 其自交子代为蓝花植株 : 白花植株 = $5 : 3$, 与异常发生在减数分裂 II 的结果不同。

(3) 由题干和题图可知, 用三对引物 $F1/R1$ 、 $F2/R1$ 、 $F2/R2$ 扩增, 甲均有条带, 说明甲中含有正常的 B 基因, 故甲的基因型为 $aaBB$; 乙在用引物对 $F1/R1$ 、 $F2/R2$ 扩增时有条带, 而用引物对 $F2/R1$ 扩增时没有条带, 已知基因 $B \rightarrow b$ 只由 1 种染色体结构变异导致, 且该结构变异发生时染色体只有 2 个断裂的位点, 说明乙在 $F2$ 结合位点与 $R2$ 结合位点之间的染色体片段发生了位置颠倒, 用引物对 $F2/R1$ 扩增时没有条带, 故乙的基因型为 $AAbb$; 用引物对 $F2/R1$ 扩增丙时有条带, 说明 F_2 白花植株(丙)可能的基因型为 $aaBB$ 或 $aaBb$, 要确定丙有没有 b 基因, 可选用 $F1/F2$ 或 $R1/R2$, 若有条带说明发生了位置颠倒, 丙的基因型为 $aaBb$, 若无条带, 说明丙只有 B 基因, 其基因型为 $aaBB$ 。

7. (1) 替换

$$(2) \text{父本} \quad \frac{1}{2}$$

$$(3) 3 \quad \frac{1}{3} \quad \frac{2}{3} \quad \text{仅含 a 基因的花粉不育}$$

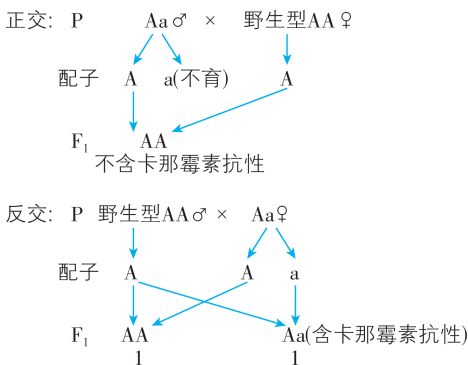
(4) $\textcircled{1} AaEe$ $\textcircled{2}$ 基因 A 与 e 连锁、a 与 E 连锁, 在形成配子的过程中没有发生染色体交换 $\frac{1}{6} \quad \frac{1}{110}$, $F_1(AaEe)$ 植株的 A 与 e 连锁、a 与 E 连锁, 产生雌雄配子的过程中发生部分染色体互换, 且

雌雄配子互换率均为 10%

命题点 ▶ 遗传的基本规律、染色体交换、配子致死

【解析】(1) 基因突变是指 DNA 分子中发生碱基的增添、缺失或替换,而引起的基因碱基序列的改变。

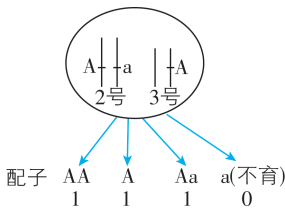
(2) 将带有卡那霉素抗性基因的 T-DNA 插入拟南芥 2 号染色体的 A 基因内,使其突变为丧失功能的 a 基因,且花粉中 A 基因功能缺失会造成不育,即 a 花粉不育,因此, Aa 植株与野生型 (AA) 杂交,正反交的遗传图解如下:



由上图可知,以 Aa 植株为父本与野生型杂交, F₁ 中卡那霉素抗性植株占比为 0,其反交的 F₁ 中卡那霉素抗性植株的占比为 $\frac{1}{2}$ 。

(3) 将另一个 A 基因插入 Aa 植株的 3 号染色体,仅考虑基因 A 和 a,该植株产生的花粉基因型如下:

由图可知,该植株会产生 3 种基因型的可育花粉,类型及比例为 AA : A : Aa = 1 : 1 : 1,其中具有 a 基因的花粉 (Aa) 占 $\frac{1}{3}$ 。该植株产生的雌配子基因型及比例为 AA : A : Aa : a = 1 : 1 : 1 : 1。



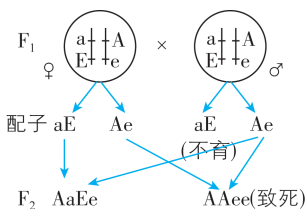
分析题图 1,引物 P1 和 P2 可扩增出 A 基因,P1 和 P3 可扩增出 a 基因,结合题图 2 分析,该植株自交得到的 F₁ 植株分为 I 型和 II 型,其中 I 型植株含 A 和 a 基因,II 型植株只含 A 基因。其自交子代分析如下表:

♀ \ ♂	$\frac{1}{4}AA$	$\frac{1}{4}A$	$\frac{1}{4}Aa$	$\frac{1}{4}a$
$\frac{1}{3}AA$			$\frac{1}{12}AAAA$	$\frac{1}{12}AAa$
$\frac{1}{3}Aa$	$\frac{1}{12}AAAA$	$\frac{1}{12}AAa$	$\frac{1}{12}AAaa$	$\frac{1}{12}Aaa$
$\frac{1}{3}A$			$\frac{1}{12}AAa$	$\frac{1}{12}Aa$

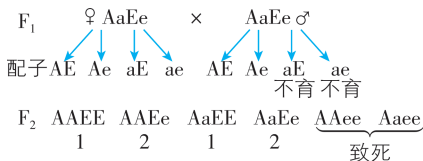
由上表可知, F₁ 中 I 型植株占比为 $\frac{1}{12} \times 8 = \frac{2}{3}$; F₁ 中没有检测到仅扩增出 600 bp 条带的植株,即只含 a 基因的植株,原因是亲本植株产生的只含 a 基因的花粉不育。

(4) ①实验获得一个 E 基因被 T-DNA 插入突变为 e 基因的植株 (Ee),且 e 基因纯合的种子不能正常发育而退化,即 ee 纯合致死。可利用 a 花粉不育和 ee 纯合致死两个特性确定基因 E/e 和 A/a 在染色体上的位置关系,即应筛选出基因型为 AaEe 的 F₁ 植株。

②筛选出的基因型为 AaEe 的 F₁ 植株自交得到 F₂,各种情况分析如下:



F_2 中 $AaEe$ 植株产生的花粉存在不育,且其自交所结种子存在致死,因此, F_2 植株中花粉和自交所结种子均发育正常的植株 ($AAEE$) 占比为 0。



F_2 中 $AAEE$ 的花粉和自交所结种子均发育正常,因此,当基因 E/e 和 A/a 位于非同源染色体上时,得到 F_2 植株中花粉和自交所结种子均发育正常的植株 ($AAEE$) 占比为 $\frac{1}{6}$ 。

综上分析,若 F_2 植株中花粉和自交所结种子均发育正常的植株占比为 0,则基因 E/e 和 A/a 位于一对同源染色体上,其中 A 与 e 连锁、 a 与 E 连锁,在形成配子的过程中没有发生染色体交换;若基因 E/e 和 A/a 位于非同源染色体,则该类植株 (花粉和自交所结种子均发育正常,基因型为 $AAEE$) 占比为 $\frac{1}{6}$ 。除了上述两种占比对应的情况,原因与占比相符即可。如当 F_1 ($AaEe$) 植株的 A 与 e 连锁、 a 与 E 连锁,但在形成配子的过程中发生部分染色体互换。假设雌雄配子交换率均为 10%,则 F_1 雌配子为 $aE : Ae : AE : ae = 45 : 45 : 5 : 5 = 9 : 9 : 1 : 1$,雄配子为 aE (致死) : $Ae : AE : ae$ (致死) = $9 : 9 : 1 : 1$,即 $Ae : AE = 9 : 1$ 。结合上述分析可知, F_2 中 $AAee$ ($\frac{81}{200}$) 和 $Aaee$ ($\frac{9}{200}$) 致死,则 F_2 植株中花粉和自交所结种子均发育正常的植株 ($AAEE$) 占比为 $\frac{1}{110}$ 。

8. (1) $9 : 9 : 6 : 8$ $\frac{11}{32}$

(2) 选取多株栽培稻 1、2 进行杂交,观察并统计子代颖壳颜色。预测实验结果:子代颖壳颜色均为黄色。判断理由:当两者突变来自同一个基因,栽培稻 1、2 均为隐性纯合子 ($bhbh$),杂交子代基因型仍然为 $bhbh$;若为不同基因突变,则杂交后代会表现为黑色。

(3) 碱基对的缺失 碱基 $C \rightarrow A$ 的替换 转录产生的 mRNA 上的终止密码子提前出现,表达的蛋白质结构发生改变而不能合成黑色素

命题点 遗传基本规律、PCR 技术、电泳图分析、基因突变

信息提取

由色素合成代谢途径分析可知:无基因 C 则不能合成黄绿色色素,后面一系列色素都不能合成,颖壳表现为浅绿色;有基因 C 无基因 R 则只能合成黄绿色色素,不能合成后面其他色素,颖壳表现为黄绿色;有基因 C 、 R 无 A ,能合成棕红色色素而不能合成紫色色素,颖壳表现为棕红色;同时具备基因 C 、 R 和 A ,才能合成紫色色素,颖壳表现为紫色。因此基因型与颖壳表型对应关系如下表:

基因型	颖壳表型
$cc_ _ _ _$	浅绿色
$C_rr_ _$	黄绿色
C_R_aa	棕红色
$C_R_A_$	紫色

【解析】(1) 基因型为 $CcRrAa$ 与 $CcRraa$ 的两品种水稻杂交, 由于三对基因独立遗传, 相应的隐性等位基因不具有该效应, 可将其拆解为三个分离定律的问题, 即 $Cc \times Cc \rightarrow C_ : cc = 3 : 1$, $Rr \times Rr \rightarrow R_ : rr = 3 : 1$, $Aa \times aa \rightarrow Aa : aa = 1 : 1$, 再自由组合。结合信息提取可知, 紫色 : 棕红色 : 黄绿色 : 浅绿色 = $C_R_Aa : C_R_aa : C_rr_ : cc_ _ _ _ = \left(\frac{3}{4} \times \frac{3}{4} \times \frac{1}{2} \right) : \left(\frac{3}{4} \times \frac{3}{4} \times \frac{1}{2} \right) : \left(\frac{3}{4} \times \frac{1}{4} \times 1 \right) : \left(\frac{1}{4} \times 1 \times 1 \right) = 9 : 9 : 6 : 8$ 。若要求颖壳颜色在后代持续保持不变, 即自交后代不发生性状分离现象, F_1 中紫色 (C_R_Aa) 一定为杂合子, 不能稳定遗传; 棕红色 (C_R_aa) 中基因型为 $CCRRaa$ 的个体能稳定遗传, 占比为 $\frac{1}{4} \times \frac{1}{4} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{32}$; 黄绿色 ($C_rr_$) 中基因型为 $CCrr_$ 的个体能稳定遗传, 占比为 $\frac{1}{4} \times \frac{1}{4} \times 1 = \frac{1}{16}$; c 基因纯合时, 后代一定为浅绿色, 占比为 $\frac{1}{4} \times 1 \times 1 = \frac{1}{4}$, 故 F_1 中颖壳颜色在后代持续保持不变的总比例为 $\frac{1}{32} + \frac{1}{16} + \frac{1}{4} = \frac{11}{32}$ 。

(2) 当栽培稻 1、2 的突变来自同一个基因时, 栽培稻 1、2 均为隐性纯合子 ($bhbh$), 杂交子代基因型仍然为 $bhbh$; 若为不同基因突变, 则杂交后代会因为基因互补而表现为黑色, 实验方案见答案。

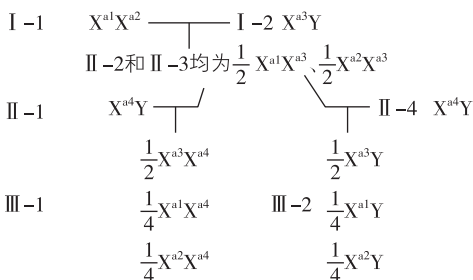
(3) 根据题图 1 电泳条带位置可知: 栽培稻 2 的 DNA 分子比野生稻和栽培稻 1 的 DNA 分子片段短, 故而推测栽培稻 2 是由于 Bh 基因发生了碱基对的缺失, 导致 DNA 分子片段变短。栽培稻 1 和野生稻的 PCR 扩增产物大小一致, 但测序结果显示两者的部分碱基序列不同, 已知野生稻 Bh 基因的部分序列为 $5'-GATTCGCTCACA-3'$, 结合题图 2 可知, 栽培稻 1 的 bh 基因对应序列为 $5'-GATTAGCTCACA-3'$, 即发生了碱基的替换, 导致转录产生的 mRNA 上的终止密码子提前出现 (见下图), 表达的蛋白质结构发生改变而不能合成黑色素。

Bh 基因: $5'-GATTCGCTCACA-3'$
 bh 基因: $5'-GATTAGCTCACA-3'$
 bh 基因转录产生的 mRNA: $5'-GAUUAGCUCACA-3'$
 终止密码子提前出现

9.D 命题点 ▶ 伴性遗传

思路分析

根据题干信息和系谱图可以推出 III-1 和 III-2 的相关基因型及概率, 推导过程如下:



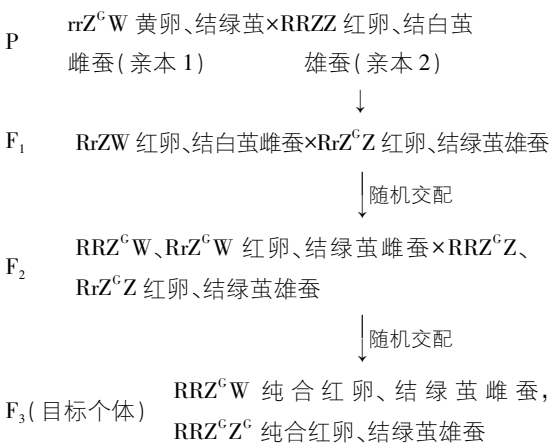
【解析】由思路分析可知，Ⅲ-1 的基因型及概率为 $\frac{1}{2}X^{a3}X^{a4}$ 、 $\frac{1}{4}X^{a1}X^{a4}$ 、 $\frac{1}{4}X^{a2}X^{a4}$ ，Ⅲ-2 的基因型及概率为 $\frac{1}{2}X^{a3}Y$ 、 $\frac{1}{4}X^{a1}Y$ 、 $\frac{1}{4}X^{a2}Y$ ，两者所生的女儿中的两条 X 染色体一条来自父方、一条来自母方，Ⅲ-1 产生的卵细胞种类及概率为 $\frac{1}{8}X^{a1}$ 、 $\frac{1}{8}X^{a2}$ 、 $\frac{1}{4}X^{a3}$ 、 $\frac{1}{2}X^{a4}$ ，Ⅲ-2 产生的精子（只考虑含 X 染色体的）种类及概率为 $\frac{1}{4}X^{a1}$ 、 $\frac{1}{4}X^{a2}$ 、 $\frac{1}{2}X^{a3}$ ，故Ⅳ-1 为纯合子的概率为 $\frac{1}{8} \times \frac{1}{4}(X^{a1}X^{a1}) + \frac{1}{8} \times \frac{1}{4}(X^{a2}X^{a2}) + \frac{1}{4} \times \frac{1}{2}(X^{a3}X^{a3}) = \frac{3}{16}$ ，D 正确。

10. BCD 命题点 ▶ 自由组合定律、伴性遗传

思路分析

据题干分析，得到目标品系的杂交实验的遗传

图解如下：



【解析】由思路分析可知，F₁ 雌蚕基因型为 RrZW，均表现为红卵、结白茧表型，A 错误。F₁ 雄蚕基因型为 RrZ^GZ，间期染色体复制后基因型为 RRrrZ^GZ^GZZ，减数分裂 I 后期同源染色体分离，非同源染色体自由组合，RR 和 rr 分离，Z^GZ^G 和 ZZ 分离，RR 和 rr 与 Z^GZ^G 和 ZZ 之间自由组合，次级精母细胞中的基因组成可能是 RRGG、rr 或者 RR、rrGG，B 正确。F₁ 随机交配（RrZW × RrZ^GZ）得到的 F₂ 中，红卵、结绿茧的个体基因型为 RRZ^GW、RrZ^GW 和 RRZ^GZ、RrZ^GZ，其中 RR 和 Rr 共占 $\frac{3}{4}$ ，Z^GW 和 Z^GZ 各占 $\frac{1}{4}$ ，故 F₂ 中红卵、结绿茧的个体比例是 $\frac{3}{4} \times \frac{1}{4} + \frac{3}{4} \times \frac{1}{4} = \frac{3}{8}$ ，C 正确。F₂ 中红卵、结绿茧的个体 RRZ^GW、RrZ^GW 和 RRZ^GZ、RrZ^GZ 随机交配，子代目的个体为纯合红卵、结绿茧雌蚕和纯合红卵、结绿茧雄蚕，基因型分别为 RRZ^GW 和 RRZ^GZ^G，F₂ 中 RR : Rr = 1 : 2，产生 R 配子所占的比例是 $\frac{1}{3} + \frac{2}{3} \times \frac{1}{2} = \frac{2}{3}$ ，故子代 RR 所占比例是 $\frac{2}{3} \times \frac{2}{3} = \frac{4}{9}$ ，F₂ 中 Z^GW 和 Z^GZ 交配，子代 Z^GW 和 Z^GZ^G 个体各占 $\frac{1}{4}$ ，共占 $\frac{1}{2}$ ，故子代目的个体的比例是 $\frac{4}{9} \times \frac{1}{2} = \frac{2}{9}$ ，D 正确。

11. B 命题点 ▶ 伴性遗传的应用

【解析】鸡的性别决定方式为 ZW 型，雌性的性染色体组成为

ZW, 而雄性的性染色体组成为 ZZ。由题干信息可知, 雌性慢羽白鸡的基因型为 $tZ^R W$, 若麻鸡感染 ALV, 则麻鸡的显性基因 T 突变为 t, 所以亲本中的雄性快羽麻鸡的基因型可能为 $TTZ^R Z^R$ 或 $TtZ^R Z^R$, 若父本为 $TTZ^R Z^R$, 则一次杂交子代的基因型为 $TtZ^R Z^R$ 、 $TtZ^R W$, 若父本为 $TtZ^R Z^R$, 则一次杂交子代的基因型为 $TtZ^R Z^R$ 、 $TtZ^R W$ 、 $ttZ^R Z^R$ 、 $ttZ^R W$, 均不能获得 T 基因纯合麻鸡, 快羽麻鸡 ($TtZ^R W$) 在 F_1 中所占的比例可能为 $\frac{1}{2}$ 或 $\frac{1}{4}$, A 错误, B 正确; 只考虑快慢羽, F_1 的基因型为 $Z^R Z^R$ 和 $Z^R W$, F_2 的基因型为 $Z^R Z^R$ 、 $Z^R Z^R$ 、 $Z^R W$ 、 $Z^R W$, 无法通过快慢羽区分 F_2 雏鸡性别, C 错误; t 基因为双链的 DNA, ALV 为逆转录病毒, 其核酸为单链的 RNA, 二者的结构不同, D 错误。

12. D 命题点 ▶ 基因自由组合定律、伴性遗传

【解析】分析可知, 含 s 基因的小片段位于 M 基因所在的常染色体上, 故 F_1 至 F_n 中含有 M 基因的个体同时含有 s 基因, 即雄性个体均表现为灰色, 雌性个体不会含有 M 基因, 只含有 m 基因, 表现为黑色, 因此 F_1 至 F_n 中所有个体均可由体色判断性别, A 正确。含有 M 基因的个体表现为雄性, 两个雄性个体不能杂交, 因此 F_1 至 F_n 中不存在基因型为 MM 的个体, B 正确。雌性亲本个体产生的配子基因组成为 mX, 雄性亲本产生配子时, X 染色体可能与 Ms 所在染色体 (Y') 或与 m 所在染色体自由组合, 故产生的雄配子基因组成可能为 MsX 、m、 Ms 、mX。在不考虑致死情况下, F_1 的基因型有 $MsmXX$ 、 mmX 、 $MsmX$ 、 $mmXX$ 。由“只含一条 X 染色体的雌蝇胚胎致死”可知, F_1 雄性个体的基因型为 $MsmXX$ (XXY')、 $MsmX$ (XY'), 比例为 1:1; 雌性个体的基因型为 $mmXX$, 在 F_1 中占 $\frac{1}{3}$; F_1 雌雄个体随机交配, 雄性个体产生的配子种类及比例为 $MsX:mX:Ms:m=3:3:1:1$, 雌性个体产生的配子为 mX, 雌雄配子随机结合, 考虑致死情况, F_2 的基因型及比例为 $MsmXX:mmXX:MsmX=3:3:1$, 故 F_2 中雌性个体所占比例为 $\frac{3}{7}$, 雄性个体中 $MsmX$ (XY') 所占比例为 $\frac{1}{4}$, F_n 雄性个体中 XY' 所占比例为 $\frac{1}{2^n}$, 逐代降低, 雌性个体所占比例为 $\frac{2^n-1}{2^{n+1}-1}$, 逐代升高, C 正确, D 错误。

13. A 命题点 ▶ 伴性遗传及其应用

思路分析

由题干可知, 杂合子雌性基因型为 $X^G X^g$, 基因 G、g 来自父本时才表达, 来自母本时不表达, 其表型可能为灰色或黑色。雄性基因型可能为 $X^G Y$ 、 $X^g Y$ (都表现为白色, 因为来自父亲的是 Y), 两种情况的雄性跟雌性杂交产生的子代及表型如图所示。

①P:	♀ $X^G X^g$	×	♂ $X^G Y$	
	灰色或黑色	↓	白色	
F_1 :	$X^G X^G$	$X^G X^g$	$X^G Y$	$X^g Y$
	黑色	黑色	白色	白色
②P:	♀ $X^G X^g$	×	♂ $X^g Y$	
	灰色或黑色	↓	白色	
F_1 :	$X^G X^g$	$X^g X^g$	$X^G Y$	$X^g Y$
	灰色	灰色	白色	白色

【解析】由“思路分析”可知，亲本与 F_1 组成的群体中，黑色个体所占比例①中可能为 $\frac{1}{2}$ 或 $\frac{1}{3}$ ，②中可能为 $\frac{1}{6}$ 或 0。故选 A。

14. (1) 伴 X 染色体显性遗传、伴 Y 染色体遗传 $\frac{3}{8}$

(2) 不能 无论正常眼是显性还是隐性，子代雌雄果蝇中正常眼与无眼的比例均为 1:1

(3) II-2 (或 II-1 或 II-4) 和 II-3 杂交，观察子代表型

若子代全为正常眼果蝇，则为常染色体显性遗传；若子代出现无眼雌果蝇，则为常染色体隐性遗传；若子代无眼果蝇全为雄性，则为伴 X 染色体隐性遗传

(4) 不能 无论是常染色体显性遗传还是伴 X 染色体隐性遗传，其 PCR 产物电泳后都仅出现一个条带，且对应的均为正常眼基因的长度

命题点 ▶ 伴性遗传、基因的分离定律

思路分析

解答本题的关键是对系谱图的分析，首先结合题中具体情境分析推断该遗传病的遗传方式和有关个体的基因型，再运用有关的规律、方法进行推理、计算。利用好题中的重要信息“不考虑致死、突变和 X、Y 染色体同源区段的情况”，进而确定果蝇的无眼性状可能有的遗传方式：常染色体显性、常染色体隐性及伴 X 染色体隐性遗传。再用假设、讨论的方法分析系谱图及其他信息进行作答。

【解析】(1) 根据题中信息可知，在不考虑致死、突变和 X、Y 同源区段遗传的情况下，假设正常眼和无眼性状的基因由 A/a 控制。分析系谱图，I-1 正常眼雌果蝇与 I-2 无眼雄果蝇杂交，子代雌果蝇均为正常眼，说明无眼性状的遗传不可能为伴 X 染色体显性遗传（如果是伴 X 染色体显性遗传，雌果蝇均为无眼）；I-4 正常眼雌果蝇与 I-3 无眼雄果蝇杂交，II-3 雄果蝇为正常眼，说明无眼性状的遗传不可能为伴 Y 染色体遗传（如果是伴 Y 染色体遗传，II-3 雄果蝇应为无眼），因此可以排除伴 X 染色体显性遗传和伴 Y 染色体遗传。若控制该性状的基因位于 X 染色体上，则无眼为隐性性状，I-2 的基因型为 X^aY ，II-2 的基因型为 X^AX^a ，II-3 的基因型为 X^AY ，则 III-2 的基因型及概率为 $\frac{1}{2}X^AX^A$ 、 $\frac{1}{2}X^AX^a$ ，所产生的卵细胞的基因型及比例为 $X^A:X^a=3:1$ ；III-1 的基因型为 X^AY ，所产生的精子的基因型及比例为 $X^A:Y=1:1$ ，若两者杂交，则后代中正常眼雄果蝇的概率为 $\frac{3}{4} \times \frac{1}{2} = \frac{3}{8}$ 。

(2) 图示无眼性状的遗传方式可能是伴 X 染色体隐性遗传、常染色体显性遗传、常染色体隐性遗传。如果无眼性状为伴 X 染色体隐性遗传，I-2 的基因型为 X^aY ，II-1 的基因型为 X^AX^a ，若两者杂交且后代数量足够多，则后代表型及比例为正常眼雌果蝇：无眼雌果蝇：正常眼雄果蝇：无眼雄果蝇 = 1:1:1:1；如果无眼性状的遗传方式为常染色体隐性遗传，I-2 的基因型为 aa，II-1 的基因型为 Aa，两者杂交且后代数量足够多，则后代表型及比例为正常眼雌果蝇：无眼雌果蝇：正常眼雄果蝇：无眼雄果蝇 = 1:1:1:1；如果无眼性状的遗传方式为常染色体显性遗传，I-2 的基因型为 Aa，II-1 的基因型为 aa，两者杂交且后代数量足够多，则后代表型及比例为正常眼雌果蝇：无眼雌果蝇：正常眼雄果蝇：

无眼雄果蝇 = 1:1:1:1, 无论是哪种遗传方式, 后代的表型及比例均相同, 故不能判断无眼性状的显隐性。

(3) 若要确定无眼性状的遗传方式, 可通过杂交的方式判断, 根据题干只杂交一次、仅根据子代表型预期结果、不根据子代性状的比例预期结果, 可选择 II-2 和 II-3 杂交。

假设	基因型	预期结果
无眼性状的遗传为伴 X 染色体隐性遗传	II-2 ($X^A X^a$) 与 II-3 ($X^A Y$) 杂交	后代雌果蝇均为正常眼, 雄果蝇有正常眼和无眼
无眼性状的遗传为常染色体隐性遗传	II-2 (Aa) 与 II-3 (Aa) 杂交	后代雌、雄果蝇既有正常眼也有无眼
无眼性状的遗传为常染色体显性遗传	II-2 (aa) 与 II-3 (aa) 杂交	后代雌、雄果蝇都只有正常眼

(4) 无论是常染色体显性遗传还是伴 X 染色体隐性遗传, 其 PCR 产物电泳后都仅出现一个条带, 且对应的均为正常眼基因的长度, 故根据电泳结果不能确定无眼性状的遗传方式。

15. AB 命题点 ▶ 染色体变异、人类遗传病与电泳图分析

【解析】由题干可知, X 染色体上的 D 基因异常可导致人体患病, 男患者的母亲没有患病, 若为伴 X 染色体显性遗传, 则“子患母必患”, 与题意不符, 因此该病为伴 X 染色体隐性遗传病 (关键点: 伴 X 染色体隐性遗传病、伴 X 染色体显性遗传病各自的特征)。据此可知, 该病患者中男性显著多于女性, 又已知该

病在男性中发病率为 $\frac{1}{3\ 500}$, 则该致病基因的基因频率为 $\frac{1}{3\ 500}$,

所以女性中携带者的占比为 $2 \times \frac{1}{3\ 500} \times \frac{3\ 499}{3\ 500}$, 不为 $\frac{1}{3\ 500}$, A 错

误。由题干可知, X 染色体上的基因 D 和 H 内各有一处断裂, 断裂点间的染色体片段发生颠倒重接。分析题图, 母亲有与患病男孩一样的电泳条带, 而母亲不患病, 可判断母亲为该病的携带者, 所以用 R1 和 R2 对母亲的 DNA 进行 PCR 检测, 结果是有扩增产物, 而对患儿的 DNA 进行 PCR 检测, 结果是无扩增产物, B 错误。与正常男性相比, 患病男孩 X 染色体发生了倒位, 所以 X 染色体上的基因排列顺序发生改变, C 正确。利用 S1 和 S2 进行 PCR 检测, 若 PCR 检测结果是有扩增产物, 说明含正常 D 基因, 个体不患病; 若 PCR 检测结果是无扩增产物, 说明 D 基因异常, 个体患病, 所以利用 S1 和 S2 进行 PCR 检测, 可诊断母亲再次孕育的胎儿是否患该病, D 正确。

16. B 命题点 ▶ 表观遗传、人类遗传病

思路分析

(1) 若个体表现为不患病, 则其可能不含 H 基因, 即基因型为 hh, 也有可能其含有甲基化的 H 基因 (来自父亲), 基因型为 Hh。

(2) 若个体表现为患病, 则其一定含有去甲基化的 H 基因 (来自母亲)。

(3) 个体是否患病只与母本有关, 患病概率 = 母本中 H 基因的频率。

题图解读

应以Ⅲ₁倒推,①~⑥为逻辑顺序。

④不患病,但能够产生含H基因的精子,说明含有甲基化的H基因,来自父亲,而来自母亲的基因一定为h,其基因型为Hh

⑥不患病,但能够产生含H基因的卵细胞,说明含有甲基化的H基因,来自父亲,而来自母亲的基因一定为h,其基因型为Hh

⑤患病,说明含有去甲基化的H基因,且该基因来自母亲,其基因型为Hh或HH

③能产生含H基因的卵细胞,但表现为不患病,说明其H基因为甲基化状态,来自父亲,而来自母亲的基因一定为h,其基因型为Hh

②由①可知,其含有h基因,且表现为不患病,故其基因型可能为hh或Hh(H来自父亲,为甲基化状态)

①其基因型为Hh,且表现为患病,故H基因为去甲基化状态,来自母亲,故h基因来自父亲,D正确

□ 正常男性

○ 正常女性

■ 男性患者

● 女性患者

【解析】由题图解读可知,Ⅰ₁和Ⅰ₂的基因型均为Hh,且都表现为不患病,故都含有甲基化的H基因,A正确;由题图解读可知,Ⅱ₁含有来自母亲的H基因,而来自父亲Ⅰ₁(Hh)的基因可能为甲基化的H,也可能为h,故其为杂合子的概率为 $\frac{1}{2}$,B错误;父亲传给子代的H基因一定会甲基化,不会使子代患病,故子代患病与否取决于母亲,由题图解读可知,Ⅱ₂的基因型为Hh,故Ⅱ₂和Ⅱ₃再生育子女的患病概率为 $\frac{1}{2}$,C正确。

17. B 命题点 遗传系谱图分析和PCR、凝胶电泳技术

思路分析

根据题干信息,PCR引物是根据A₁和A₂基因设计的,个体含有基因A₁或A₂才能通过PCR扩增出基因,通过凝胶电泳显示基因的种类。若个体含有A基因,由于没有对A基因进行扩增,因此不会在电泳图上看到相应条带。患者的基因型可能为A₁A₁、A₁A、A₁A₂、A₂A₂,正常个体的基因型可能为AA、AA₂。结合图甲和图乙分析,Ⅰ₁为患者,且其基因型为A₁A₂;Ⅰ₂表型正常,且电泳结果说明其含有一种致病基因,因此基因型为AA₂。由此可知,图乙中上面的条带代表的基因为A₁,下面的条带代表的基因为A₂。Ⅱ₁表型正常且无电泳条带,其基因型为AA;Ⅱ₄表型正常,电泳结果说明其基因型为AA₂。

【解析】若电泳的结果只有图乙下面一种条带,基因型可能是AA₂(正常)或A₂A₂(患病),因此电泳结果相同的个体表型不一定相同;若正常个体的基因型分别为AA、AA₂,电泳结果是前者无条带,后者有一个条带,结果不同,A错误。若Ⅱ₃电泳结果有2个条带,则Ⅱ₃基因型为A₁A₂。Ⅰ₂和Ⅱ₄都是1个条带,且表型正常,因此基因型均为AA₂,Ⅰ₁与Ⅰ₂婚配后代的基因型及比例为A₁A:A₁A₂:AA₂:A₂A₂=1:1:1:1,Ⅱ₂可能的基因型及概率为 $\frac{1}{3}$ A₁A₂、 $\frac{1}{3}$ A₂A₂、 $\frac{1}{3}$ A₁A。由于Ⅱ₁基因型为AA,其后代个体必定含有A基因,而Ⅲ₁患病,因此Ⅲ₁基因型为A₁A,推知Ⅱ₂的基因型不可能为A₂A₂,其基因型及概率为 $\frac{1}{2}$ A₁A₂、 $\frac{1}{2}$ A₁A。Ⅱ₃(A₁A₂)与Ⅱ₄(AA₂)婚配后代的基因型

及比例为 $A_1A : A_1A_2 : AA_2 : A_2A_2 = 1 : 1 : 1 : 1$, 由于 III_3 为患者, 其基因型及概率是 $\frac{1}{3}A_1A$ 、 $\frac{1}{3}A_1A_2$ 、 $\frac{1}{3}A_2A_2$ 。因此 II_2 个体和 III_3 个体的基因型相同的概率为 $\frac{1}{2} \times \frac{1}{3} + \frac{1}{2} \times \frac{1}{3} = \frac{1}{3}$, B 正确。 II_1 基因型为 AA , III_1 患病, 因此 III_1 基因型只能为 A_1A , III_1 与正常女子结婚, 生了 1 个患病后代, 只能是 A_1 导致的, C 错误。由以上分析可知, II_5 的基因型可能为 A_1A_2 或 A_2A_2 或 A_1A , II_6 正常, 其基因型为 AA_2 或 AA , 若 III_5 的电泳结果仅有 1 条条带, 由于其患病, 所以 III_5 的基因型可能为 A_1A 或 A_2A_2 , 则 II_6 2 种基因型均有可能, D 错误。

18. D 命题点 ▶ 人类遗传病

【解析】由图可知, 男女均有患病, 故不可能为伴 Y 染色体遗传病, A 正确。若 $II-1$ 不携带致病基因, 根据 $III-3$ 患病可知其致病基因只能来自 $II-2$, 又因为 $III-1$ 正常, 所以 $II-2$ 为杂合子, B 正确。若 $III-5$ 正常, 根据 $II-3$ 、 $II-4$ 均患病可知该病为常染色体显性遗传病, 又因为 $III-3$ 患病, $II-1$ 不患病, 说明 $III-3$ 致病基因只能来自 $II-2$, 故 $II-2$ 一定患病, C 正确。若 $II-2$ 正常, 根据 $II-1$ 、 $II-2$ 均正常, 且 $III-3$ 患病, 说明该病为隐性遗传病, 若 $III-2$ 患病, 则可进一步确定患病方式为常染色体隐性遗传病; 若 $III-2$ 不患病, 则常染色体隐性遗传病和伴 X 染色体隐性遗传病均有可能, D 错误。

19. (1) 常染色体显性遗传 $\frac{1+p}{2}$

(2) 培养细胞, 敲除 *ZNF862* 基因, 观察细胞表型等变化 转基因小鼠和正常小鼠表型

(3) 不可以, 违反法律和伦理, 存在安全隐患

命题点 ▶ 遗传系谱图的推断、人类遗传病的诊断和治疗

【解析】(1) 由图可知, II_1 为正常男性, 其女儿 III_3 患病, 因此该病不是伴 X 染色体隐性遗传病; III_4 为患病男性, 其女儿 IV_4 正常, 因此该病不是伴 X 染色体显性遗传病; 患者有女性, 该病不是伴 Y 染色体遗传病, 该病极为罕见, I_1 为携带者的概率极低, 且该病代代遗传, 因此该病最可能的遗传方式是常染色体显性遗传。假设该病由等位基因 A/a 控制, 若致病基因 A 的频率为 p , 正常基因 a 的频率为 $1-p$, 根据遗传平衡定律可知, 人群中基因型为 AA 的概率为 p^2 , 基因型为 Aa 的概率为 $2p(1-p)$, 基因型为 aa 的概率为 $(1-p)^2$, 再据图可知 IV_2 的基因型为 Aa 。 IV_2 与基因型为 AA 的人生育正常子代的概率为 0, 与基因型为 Aa 的人生育正常子代的概率为 $2p(1-p) \times \frac{1}{4}$, 与基因型为 aa 的人生育正常子代的概率为 $(1-p)^2 \times \frac{1}{2}$, 故 IV_2 生育一个患病子代的概率为 $1 - 0 - 2p(1-p) \times \frac{1}{4} - (1-p)^2 \times \frac{1}{2} = \frac{1+p}{2}$ 。

(2) 以正常人牙龈成纤维细胞为材料, 探究 *ZNF862* 基因的功能, 可以运用“减法原理”, 即同时培养正常人牙龈成纤维细胞 (含有 *ZNF862* 基因) 和敲除 *ZNF862* 基因的同种细胞, 观察并比较细胞表型等差异。为从个体水平验证 *ZNF862* 基因突变导致 HGF, 可制备携带该突变的转基因小鼠, 然后比较转基因小鼠和正常小鼠表型的差异。通过对人类生殖细胞或胚胎进行基因组编辑来防治遗传病存在伦理问题, 违反我国的法律, 还会存在安全隐患。

(3) 通过对人类生殖细胞或胚胎进行基因组编辑来防治遗传病存在伦理问题, 违反我国的法律, 还会存在安全隐患。