

遗传与进化综合训练

刷综合

1. A 考查点 ▶ 化石

【解析】该微小藻类化石中的藻类为真核生物，推测其出现晚于原核生物蓝细菌，A 错误；化石是研究生物进化最直接、最重要的证据，B 正确；生物的进化方向是由简单到复杂，因此越新的地层中越容易发现复杂生物的化石，C 正确；进化可导致某物种所处的空间位置，占用资源的情况，以及与其他物种的关系等发生变化，即占据的生态位发生变化，D 正确。

2. D 考查点 ▶ DNA 是主要的遗传物质

【解析】肺炎链球菌体内转化实验的结论为已经加热杀死的 S 型细菌中必然存在某种促使 R 型菌转化为 S 型活细菌的活性物质“转化因子”，即证明了“转化因子”的存在，但不能证明 DNA 是遗传物质，A 正确；噬菌体是病毒，不能直接用培养基培养，赫尔希和蔡斯标记噬菌体时，先用 ^{32}P 培养基培养大肠杆菌，再用 ^{32}P 标记的大肠杆菌培养噬菌体，二者方法不同，B 正确； ^{32}P 标记的是噬菌体的 DNA，充分侵染并培养适宜时间后，离心后放射性主要分布在沉淀中，若保温时间过短，噬菌体未充分侵入大肠杆菌，离心后，上清液中出现少量放射性，若保温时间过长，大肠杆菌裂解释放子代噬菌体，离心后，上清液中放射性升高，C 正确；科学家从烟草花叶病毒中提取出来的 RNA 能使烟草感染病毒，只能证明烟草花叶病毒的遗传物质是 RNA，不能说明所有病毒的遗传物质都是 RNA，即表明有的生物的遗传物质是 RNA，进而总结出 DNA 是主要的遗传物质，D 错误。

3. C 突破点 ▶ 实验探究—探究基因在染色体上的位置

【解析】相关基因用 A、a 表示，若该对等位基因位于常染色体上，亲本基因型(表型)为 AA(正常翅雄蝇)和 aa(翅外展雌蝇)， F_1 基因型均为 Aa，无论雌雄均为正常翅；若该对等位基因位于 X、Y 染色体的同源区段上，亲本基因型(表型)为 $X^A Y^A$ (正常翅雄蝇)和 $X^a X^a$ (翅外展雌蝇)， F_1 基因型为 $X^A X^a$ 、 $X^a Y^A$ ，也无论雌雄均为正常翅，A 正确。若该对等位基因位于 X 染色体上，则亲本基因型(表型)为 $X^A Y$ (正常翅雄蝇)和 $X^a X^a$ (翅外展雌蝇)， F_1 基因型(表型)为 $X^A X^a$ (雌性正常翅)、 $X^a Y$ (雄性翅外展)，B 正确。若该对等位基因位于常染色体上， F_1 基因型均为 Aa，自由交配得 F_2 ， F_2 基因型及比例为 $AA : Aa : aa = 1 : 2 : 1$ ，雌雄个体均表现为既有正常翅(AA、Aa)又有翅外展(aa)；若该对等位基因位于 X、Y 染色体的同源区段上， F_1 基因型为 $X^A X^a$ 、 $X^a Y^A$ ，自由交配得 F_2 ， F_2 基因型为 $X^A X^a$ 、 $X^a X^a$ 、 $X^A Y^A$ 、 $X^a Y^A$ ，雌性个体既有正常翅又有翅外展，雄性均为正常翅；当等位基因只位于 X 染色体上时， F_1 基因型为 $X^A X^a$ 、 $X^a Y$ ，自由交配所得的 F_2 也是雌雄个体均为既有正常翅又有翅外展，C 错误，D 正确。

4. A 突破点 ▶ 信息提取—嵌合型 18-三体

【解析】“标准型 18-三体”患者所有体细胞均含有 3 条 18 号染色体，比正常人多一条，因此体细胞中含有 47 条染色体，A 正确；“嵌合型 18-三体”患者的体细胞可以进行有丝分裂，但若性原细胞为三体细胞，则不能进行正常减数分裂，B 错误；“标准型 18-三体”可能是亲代一方产生异常配子所致，“嵌合型 18-三体”可能是胚胎发育早期的细胞分裂错误导致的，C 错误；两种

类型的“三体”综合征患者都有含三条 18 号染色体的细胞,经减数分裂均可能产生只含有 1 条 18 号染色体的配子,即都可能形成正常生殖细胞,D 错误。

5. A 突破点 ▶ 图表分析—操纵子模型

【解析】由题干及题图可知,R 序列的表达产物阻遏蛋白与 O 序列结合,会抑制 RNA 聚合酶与 P 序列的结合,导致无法起始转录,结构基因不能表达,A 正确;①和②分别表示转录和翻译过程,两过程中的碱基互补配对分别发生在 DNA 与 mRNA、mRNA 与 tRNA 之间,配对方式不完全相同,B 错误;题图为大肠杆菌乳糖操纵子模型,大肠杆菌是原核生物,没有染色体,C 错误;起始密码子分布在 mRNA 上,P 序列中有启动子,D 错误。

6. A 考查点 ▶ 单倍体育种

【解析】由题干“多棱大麦(母本)与球茎大麦(父本)杂交形成的受精卵中来自球茎大麦的染色体会逐渐消失”可知,多棱大麦和球茎大麦的配子是可以相互识别的,A 错误;孤雌生殖途径产生的单倍体是指由配子直接发育而来的个体,大麦有 14 对同源染色体,能产生 2^{14} 种配子,故只考虑染色体组成,大麦经孤雌生殖途径产生的单倍体有 2^{14} 种,B 正确;大麦可以产生多种配子,花粉处理法得到的大麦双单倍体的表型不一定与母本完全相同,C 正确;题图中的三种途径都需要秋水仙素处理,得到的都是纯合子,可以稳定遗传,D 正确。

7. A 突破点 ▶ 信息提取—苯丙酮尿症

思路分析

苯丙酮尿症是一种常见的氨基酸代谢病,是由于苯丙氨酸代谢途径中的酶缺陷,使得苯丙氨酸不能转变成酪氨酸,导致苯丙氨酸及其酮酸蓄积,并从尿中大量排出。本病在遗传性氨基酸代谢缺陷疾病中比较常见,其遗传方式为常染色体隐性遗传。

【解析】根据题意和题图 2 分析可知,③为患病女孩,而其父母正常,说明苯丙酮尿症属于常染色体隐性遗传病。①②③号分别为杂合子、杂合子、隐性纯合子,则①号个体的电泳结果中 23 kb 的 DNA 条带,既含有正常 PH 基因,也含有异常隐性 PH 基因,即①号个体的 23 kb 的 DNA 条带中一定含有正常 PH 基因,A 正确。根据题意和题图 3 电泳 DNA 条带分布情况可知,③号个体的 23 kb 的 DNA 条带含两个异常隐性 PH 基因;一个来自①号个体,另一个来自②号个体;②号和④号个体均含有一条 23 kb 的 DNA 条带,一条 19 kb 的 DNA 条带。由此可知,②号个体的 23 kb 的 DNA 条带一定含有异常隐性 PH 基因,B 错误。④号个体的 23 kb 的 DNA 条带应该来自①号个体,所以可能含有异常隐性 PH 基因,也可能含有正常 PH 基因,19 kb 的 DNA 条带来自②号个体,含有正常 PH 基因,所以④号个体可为显性纯合子或杂合子,苯丙酮尿症属于常染色体隐性遗传病,故其一定不是苯丙酮尿症患者,C 错误。④号个体可能为显性纯合子或杂合子,概率各为 $\frac{1}{2}$,即④号个体为 PH 基因杂合体的概率为 $\frac{1}{2}$,D 错误。

8. D 突破点 ▶ 实验探究—微小 RNA

信息提取

由题干可知,miRNA 与有关蛋白质结合形成沉默复合体 RISC,RISC 可以通过其中的 miRNA 与靶基因的 mRNA 结合,从而导致翻译过程受阻,进而调控生物性状,该过程影响的是靶 mRNA 的翻译过程。

【解析】miRNA 与靶 mRNA 部分互补,碱基配对方式为 A—U、G—C,基因转录过程中碱基配对方式为 A—U、G—C、T—A,因此碱基配对方式不完全相同,A 正确;翻译的方向为从 mRNA 的 5'端→3'端,RISC 中的 miRNA 与靶 mRNA 的 3'端结合,通过阻止核糖体移动阻止翻译的进行,属于转录后水平的调控,B 正确;miRNA 可调控基因表达,从而影响生物的性状,并未改变基因的碱基序列,属于表观遗传,C 正确;分析实验结果,miR-150 组的 FOXO4 蛋白条带较细,说明该蛋白含量较少,而 miR-150 组细胞凋亡率较低,因此推测 miR-150 可能通过靶向下调 FOXO4 基因表达来促进宫颈癌细胞的生长和存活,D 错误。

9. C 考查点 ▶ 基因测序

【解析】由题图乙可知,II-1 的测序结果和 I-1 的结果相同、和 I-2 的结果不同,则 II-1 的致病基因来自 I-1, I-1 是男性,不能表现出卵母细胞死亡的病症,A 错误; I-2 的此位点两个基因的模板链都是 G,为纯合子,表现为不患病,II-1 的该位点一个基因模板链是 G,另一个为 A,II-1 是杂合子,杂合子表现出显性性状(患病),说明发生卵母细胞死亡导致的不育为显性性状,B 错误;II-1 不育的根本原因是基因模板链该位点的 G 变为了 A,碱基对发生了替换,C 正确;假设相关基因为 A/a,则 I-1 基因型是 Aa, I-2 基因型是 aa,则 II-5 的基因型及概率为 $\frac{1}{2}$ Aa、 $\frac{1}{2}$ aa,和正常女性(aa)婚配,子代女性才可能表现患病,患病的概率是 $\frac{1}{2} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{8}$,D 错误。

10. BCD 突破点 ▶ 图表分析—蝗虫的性别决定

思路分析

根据题意可知,蝗虫的性别决定方式为 XO 型,即雄性只有一条 X 染色体,雌性拥有两条 X 染色体,记为雄性 XO,雌性 XX。

【解析】蝗虫性别决定方式为 XO 型,无 Y 染色体,A 错误。若该蝗虫为雄性,在有丝分裂后期染色体数加倍,若该雄蝗虫为纯合子,则 Or 基因有 4 个,Ap 基因有 2 个;若该雄蝗虫为杂合子,则 Or 基因有 2 个,Ap 基因有 2 个,B 正确。在减数分裂 II 中期,次级性母细胞中染色体的着丝粒排列在虚拟的赤道板上,C 正确。减数分裂 II 后期,题图中两条染色体可能移向细胞的同一极,即基因 Or、Gr、Ap、SxL 可同时出现在细胞的同一极,D 正确。

11. AD 突破点 ▶ 信息提取—分离定律在三体产生配子中的应用

【解析】基因型为 BBb 的植株产生配子的类型及比例为 B : Bb : BB : b = 2 : 2 : 1 : 1,基因型为 bbb 的植株产生配子的类型及比例为 bb : b = 1 : 1,两植株交配,子代基因型及概率为 $\frac{1}{3}$ Bbb、 $\frac{1}{6}$ Bb、 $\frac{1}{6}$ Bbbb(不能存活)、 $\frac{1}{12}$ BBbb(不能存活)、 $\frac{1}{12}$ BBb、 $\frac{1}{12}$ bbb、 $\frac{1}{12}$ bb,子代表现为显性(Bbb、Bb、BBb)的个体中,染色体正常的个体(Bb)占 $\frac{2}{7}$,A 正确;基因型为 BBb 的植株产生配子的类型及比例为 B : Bb : BB : b = 2 : 2 : 1 : 1,自交后代中

不能存活类型及概率为 $\frac{1}{9}BBbb$ 、 $\frac{1}{9}BBBb$ 、 $\frac{1}{36}BBBB$ ，存活个体所占比例为 $\frac{27}{36}$ ，隐性个体 (bb) 所占比例为 $\frac{1}{6} \times \frac{1}{6} = \frac{1}{36}$ ，故该植株自交后代性状分离比为 26 : 1，B 错误；若形成基因型为 BBb 的植株亲本之一的基因型为 BB，则可能是减数第一次分裂过程中，2 号同源染色体未分离，或减数第二次分裂过程中，2 号染色体姐妹染色单体未分离导致的，C 错误；该植株连续自交，不能存活的个体均为显性，故 B 基因的基因频率会降低，D 正确。

12. ABD 突破点 ▶ 信息提取—转化实验的分子基础

【解析】基因水平的传递依靠两种菌 DNA 同源区段的配对，故两种菌的亲缘关系越近，DNA 的同源性越高，发生基因水平传递的概率越大，但不一定存在完全互补配对的同源区段，A 错误；DNA 控制荚膜多糖的合成是通过控制酶的合成来实现的，属于间接控制，B 错误；结合题图可知，感受态诱导蛋白具有引导供体 DNA 并避免其自身环化的作用，C 正确；含杂合 DNA 区段的细菌增殖时，由于 DNA 是半保留复制，故不会出现 a^+a^- 的细菌类型，D 错误。

13. (1) 所有 部分 (2) 6.8 — (3) d b (4) 遵循 F_2 含有两个或两个以上显性基因的个体表现为大花，其余均表现为小花

突破点 ▶ 图表分析—电泳图谱的应用

【解析】(1) 测量子代花径时，为保证结果的科学性，应选取群体中全部植株样本，同时考虑到实际操作的可性和简便性，选择部分花朵进行测量来代表该植株的花径。

(2) 甲、乙品系杂交后代 F_1 自交所得 F_2 的花径大小明显分为 2 个区间，且面积不相等，接近 3 : 1，故甲、乙品系的花径大小受一对等位基因控制，且根据题图 d 可知，花径 ≥ 6.8 cm 可定为大花。

(3) 假设大花和小花受 A/a 基因控制，则品系甲的基因型为 AA，品系乙的基因型为 aa， F_1 的基因型为 Aa， F_1 与乙 (aa) 杂交后子代基因型 (表型) 为 Aa (大花)、aa (小花)，若在题图 e 群体中随机选取大花 (Aa) 和小花 (aa) 各 1 株分别进行自交，则前者自交子代结果与题图 d 类似，后代表型及比例接近大花 : 小花 = 3 : 1，后者自交子代结果与题图 b 类似，全为小花。

(4) 据电泳图可知，甲的基因型是 AABB，丙的基因型是 aabb， F_1 基因型是 AaBb，如果两对基因的遗传不遵循自由组合定律，则 F_2 基因型及比例应为 AABB : aabb : AaBb = 1 : 1 : 2，不会出现 F_2 中小花植株 1 号 (基因型为 aaBb) 和小花植株 2 号 (基因型为 Aabb)，因此说明两对基因的遗传遵循自由组合定律， F_1 自交后代基因型及比例 $A_B_ : A_bb : aaB_ : aabb = 9 : 3 : 3 : 1$ ，若含有两个或两个以上显性基因的个体表现为大花，其余为小花，则 F_1 自交后代 F_2 中大花 ($A_B_、A_bb、aaB_$) 占 $\frac{11}{16}$ ，

小花 ($Aabb、aaBb、aabb$) 占 $\frac{5}{16}$ ，表现为大花与小花植株数量比接近 2 : 1。

14. (1) 非甜玉米 (2) I. 脯氨酸转变为亮氨酸 II. ①失活 ②可溶性糖无法转化为淀粉 ③可溶性糖积累 (3) b c (4)

甜玉米 良玉 99

突破点 ▶ 实验探究—培育玉米新品种

【解析】(1) 具有一对相对性状的纯合子杂交, F_1 表现的性状为显性性状, 未表现的性状为隐性性状。甜玉米突变体甲与野生型非甜玉米杂交, 若 F_1 表型为非甜玉米, 说明非甜玉米为显性性状, 由显性基因控制; 甜玉米为隐性性状, 由隐性基因控制。

(2) I. 据题图可知, 与野生型非甜玉米 *Bt2* 基因的模板链比较, 甜玉米该基因的模板链上的一个碱基由 G 变成了 A, 导致编码某氨基酸的模板链碱基序列由 GGG 变成了 GAG, 使得对应的 mRNA 上的密码子由 CCC 变成了 CUC, 已知 CCC 编码脯氨酸, CUC 编码亮氨酸, 故甲植株位于 4 号染色体上的 *Bt2* 基因突变, 导致该基因表达的多肽链上的某位氨基酸由脯氨酸转变为亮氨酸, 进而影响了性状。II. 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; 根据题目信息“*Bt2* 基因是编码 ADP-葡萄糖焦磷酸化酶的基因之一, ADP-葡萄糖焦磷酸化酶在玉米可溶性糖转化为淀粉的过程中发挥重要催化作用”可知, 若 *Bt2* 基因发生突变, 则 ADP-葡萄糖焦磷酸化酶失活, 可溶性糖无法转化为淀粉, 导致可溶性糖在细胞内积累, 最终表现为甜玉米。

(3) 根据题目信息可知, 甲植株的 *Bt2* 基因位于 4 号染色体上, 结合题表中数据分析, 甲与乙杂交, F_1 均为野生型, F_1 自交得 F_2 , F_2 的表型及比例为野生型: 甜玉米 $\approx 9:7$, 为 $9:3:3:1$ 的变式, 说明控制甲和乙该性状的基因有两对, 且两对基因独立遗传, 故推测乙的突变基因不在 4 号染色体上, 可能是位于 9 号染色体上的 ADP-葡萄糖焦磷酸化酶另一编码基因, 故选 b; 乙和丙杂交, F_1 均为野生型, F_1 自交得 F_2 , F_2 的表型及比例为野生型: 甜玉米 $\approx 9:7$, 为 $9:3:3:1$ 的变式, 说明控制乙和丙该性状的基因有两对, 且两对基因独立遗传, 故推测丙的突变基因不在 9 号染色体上; 且甲(甜玉米)与丙(甜玉米)杂交, F_1 均为甜玉米, F_1 自交得 F_2 , F_2 均为甜玉米, 推测丙的突变基因是位于 4 号染色体上的 *Bt2* 的等位基因, 故选 c。

(4) 通过杂交育种的育种方法, 可把不同个体的优良基因集中到同一个体上, 现研究人员欲利用甲品系甜玉米与优质非甜玉米“良玉 99”培育优质甜玉米用于推广种植, 说明优质非甜玉米“良玉 99”中有许多优质基因, 因此可以利用品系甲与“良玉 99”杂交得到 F_1 , F_1 自交, 从 F_2 中筛选出甜玉米, 筛选出的甜玉米中含有部分优质基因, 再用筛选出的甜玉米与“良玉 99”重复以上过程, 则可培育出有多种优质基因的优良甜玉米, 综上, a 为甜玉米, b 为良玉 99。