强化训练 · 实战

实战训练 ▸ 1

1. D 【解析】F_2 表型比例和为 16，属于 9∶3∶3∶1 的变式，说明控制花色的两对基因的遗传遵循自由组合定律，即两对基因的遗传是独立的，A 正确；若花色深浅可能与显性基因的数量有关，假设 5 种花色性状对应显性基因数依次是 0、1、2、3、4，则表型比例符合题干的 1∶4∶6∶4∶1，B 正确；F_2 中白色个体和紫红色个体占比均为$\frac{1}{16}$，均为纯合子，性状可稳定遗传，C 正确；设控制花色的两对等位基因分别为A/a、B/b，F_1 基因型为 AaBb，测交是与 aabb 杂交，后代基因型为 AaBb、Aabb、aaBb、aabb，由 B 项分析可知，Aabb 和 aaBb 个体花色相同，F_1 测交后代仅出现 3 种花色，D 错误。

2. C

思路分析　①红花植株甲自交子代出现比例为$\frac{1}{4}$的白花个体，可推测甲的基因型为 Aa，自交后代中 aa 对应的表型为白花，占比为$\frac{1}{4}$→A 控制红花，a 控制白花；②白花植株乙自交子代出现比例为$\frac{1}{4}$的红花个体，可推测乙基因型为 aa′，自交后代中 a′a′对应的表型为红花，占比为$\frac{1}{4}$→a′控制红花；③甲自交子代白花个体(aa)与乙自交子代红花个体(a′a′)杂交，后代基因型为 aa′，表型均为白花，与上述推断相符，A 正确。

【解析】结合思路分析，甲(Aa)和乙(aa′)杂交，后代基因型(表型)及占比为$\frac{1}{4}$Aa(红花)、$\frac{1}{4}$Aa′(红花)、$\frac{1}{4}$aa(白花)、$\frac{1}{4}$aa′(白花)，红花占$\frac{1}{2}$，B 正确；甲自交子代红花个体的基因型及占比为$\frac{1}{3}$AA、$\frac{2}{3}$Aa，乙自交子代白花个体的基因型及占比为$\frac{1}{3}$aa、$\frac{2}{3}$aa′，二者杂交后代中白花个体的基因型包括 aa、aa′，其中 aa′为杂合子，即并非均为纯合子，C 错误；甲自交子代基因型及比例为 AA∶Aa∶aa=1∶2∶1，乙自交子代基因型及比例为 aa∶aa′∶a′a′=1∶2∶1，混合群体中配子类型及占比为$\frac{1}{4}$A、$\frac{1}{2}$a、$\frac{1}{4}$a′，随机传粉后红花个体(A_、a′a′)占$\left[\left(\frac{1}{4}\right)^2+\frac{1}{4}\times\left(\frac{1}{2}+\frac{1}{4}\right)\times2\right]+\left(\frac{1}{4}\right)^2=\frac{1}{2}$，D 正确。

3. C 【解析】由于子代雌果蝇全是红眼，雄果蝇中红眼∶白眼=1∶1，可知红眼和白眼的遗传和性别相关，即基因 B/b 位于 X 染色体上，A 正确；长翅红眼的雌雄果蝇杂交，得到 F_1，子代雌果蝇中长翅红眼∶残翅红眼=3∶1，雄果蝇中长翅红眼∶长翅白眼=1∶1，说明长翅、红眼是显性性状，故亲本雄果蝇的基因型为 AaX^BY，亲本雌果蝇的基因型为 AaX^BX^b，F_1 雄果蝇无残翅(aa)出现，且长翅红眼∶长翅白眼=1∶1，说明亲本(雄性)产生的致死配子的基因型是 aY，B 正确；亲本雄果蝇的基因型为 AaX^BY，亲本雌果蝇的基因型为 AaX^BX^b，且亲本(雄性)产生的致死配子的基因型是 aY，故 F_1 雄性个体中长翅红眼的基因型为 AaX^BY 或 AAX^BY，C 错误；F_1 中长翅红眼雄果蝇的基因型及占比为$\frac{1}{2}$$AaX^BY$、$\frac{1}{2}$$AAX^BY$，结合 aY 雄配子致死，产生的有活性的配子基因型及比例为 AX^B∶AY∶aX^B=3∶3∶1，D 正确。

4. B 【解析】由题意可知，黄花的基因型为 aaB_dd，红花的基因型为 aaB_D_，白花的基因型为 A_ _ _ _ _、aabb_ _。纯合红色植株甲的基因型为 aaBBDD，实验一中 F_2 表型及比例为白花∶红花=13∶3，由于后代无黄花，故推测纯合白花植株乙的基因型为 AAbbDD；实验二中 F_2 表型及比例为白花∶红花∶黄花=12∶3∶1，推测纯合白花植株丙的基因型为 AABBdd，A 正确。实验一亲本的基因型为 aaBBDD、AAbbDD，F_1 的基因型为 AaBbDD，F_2 白花植株的基因型及概率为$\frac{4}{13}$AaBbDD、$\frac{2}{13}$AaBBDD、$\frac{2}{13}$AABbDD、$\frac{1}{13}$AABBDD、$\frac{1}{13}$aabbDD、$\frac{2}{13}$AabbDD、$\frac{1}{13}$AAbbDD，其中自交后代不发生性状分离的有 AABbDD、AABBDD、aabbDD、AAbbDD、AabbDD，共占$\frac{7}{13}$，B 错误。实验二亲本的基因型为 aaBBDD、AABBdd，F_1 的基因型为 AaBBDd，F_2 红花的基因型及概率为$\frac{1}{3}$aaBBDD、$\frac{2}{3}$aaBBDd，产生配子的种类及比例为 aBd∶aBD=1∶2，F_2 红花随机交配，后代中黄花(aaB_dd)占$\frac{1}{3}\times\frac{1}{3}=\frac{1}{9}$，C 正确。白色植株乙(AAbbDD)、丙(AABBdd)杂交，后代的基因型为 AABbDd，全部表现为白花，D 正确。

5. C

思路分析　解答母体效应遗传题的核心是抓住“子代表型由母体基因型决定”这一关键，先根据子代表型推导母体基因型，再结合孟德尔遗传定律分析子代基因型。

【解析】右旋螺(♂)和左旋螺(♀)杂交,F_1 全为左旋,F_1 自交所得 F_2 全为右旋,说明母本的基因型为 dd,父本的基因型为 DD,F_1 的基因型为 Dd,A 正确;F_1(Dd)自交,F_2 的基因型及比例为 DD∶Dd∶dd=1∶2∶1,共三种基因型,B 正确;F_2 中单个椎实螺饲养时自交,其子代均为右旋,说明该椎实螺基因型为 DD 或 Dd(基因型为 DD、Dd 的母体,子代全为右旋),C 错误;将 F_2 所有个体进行群养,F_2 的基因型及比例为 DD∶Dd∶dd=1∶2∶1,其中基因型为 DD、Dd 的个体作母本时所得的子代全为右旋,基因型为 dd 的个体作母本时所得的子代全为左旋,因此子代表型及比例为左旋∶右旋=1∶3,D 正确。

6. **C**

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

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

实战训练 ▸ 2

7. (除标注外,每空 2 分,共 13 分)

(1)遵循(1 分)　(2)AabbCc(1 分)　不相同(1 分)　$\frac{1}{3}$　(3)A 基因与 C 基因位于同一条染色体上(与 b 不在同一条染色体上)　若 A 基因与 b 基因位于同一条染色体上,或 A 基因与 b 基因及 C 基因均不在同一条染色体上,F_1 深黄色个体测交结果应为深黄色∶浅黄色∶白化=1∶1∶2　(4)$\frac{1}{9}$　黑色∶深黄色∶浅黄色∶白化=3∶2∶1∶2

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

【解析】(1)根据思路分析可知,品系乙的基因型为 aabbCC,品系丙的基因型为 AABBcc 或 AAbbcc 或 aaBBcc 或 aabbcc,丁由乙品系单基因突变而来,基因型为 AabbCC。杂交组合一中,乙与丙杂交,F_1 均为黑色(_ _B_C_),F_1 相互交配,F_2 表型比出现了 9∶3∶3∶1 的变式,说明杂交组合一中丙的基因型为 aaBBcc,F_1 基因型为 aaBbCc,B/b 与 C/c 这两对等位基因的遗传遵循基因的自由组合定律。

(2)杂交组合二为丁(AabbCC)与丙(AABBcc 或 AAbbcc 或 aaBBcc 或 aabbcc)杂交,F_1 出现浅黄色个体(aabbCc)与深黄色个体(A_bbCc),说明杂交组合二中丙的基因型为 aabbcc,杂交组合二 F_1 深黄色个体的基因型为 AabbCc,结合上述分析,杂交组合一和杂交组合二所用的亲本丙基因型不相同。杂交组合一中,F_1 基因型为 aaBbCc,F_2 浅黄色个体(aabbC_)中纯合子(aabbCC)占$\frac{1}{3}$。

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

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

实战训练 ▸ 3

8.（除标注外，每空 1 分，共 12 分）

（1）基因突变　抗镉、不抗镉　（2）全为抗镉　$\frac{1}{2}$　抗镉：不抗镉=13：3(2 分)　$\frac{1}{4}$　（3）aaBB、aaBb(2 分)　AaBB(2 分)　1、3

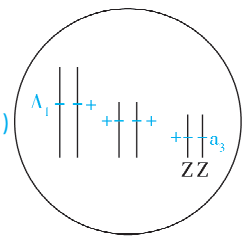
【解析】(1) 化学诱变是利用化学物质诱导生物发生基因突变，从而筛选出具有新性状的突变体。所以通过化学诱变筛选获得拟南芥抗镉品种甲和抗镉品种乙，利用了基因突变的原理。在实验一中，野生型(不抗镉)与品种甲(抗镉)杂交，F_1 均抗镉，F_2 出现不抗镉个体，可知抗镉为显性性状，不抗镉为隐性性状；在实验二中，野生型(不抗镉)与品种乙(抗镉)杂交，F_1 均不抗镉，F_2 出现抗镉个体，说明不抗镉为显性性状，抗镉为隐性性状。

(2) 若假说一正确，甲的抗镉(设受 A_1 控制)对不抗镉是显性性状，乙的抗镉(设受 A_2 控制)对不抗镉是隐性性状，设野生型基因型为 A_0A_0，因此可推知 A_1 对 A_0、A_2 为显性，A_0 对 A_2 为显性。结合题图 1 可知，甲、乙基因型分别为 A_1A_1 与 A_2A_2，二者杂交所得 F_1 的基因型为 A_1A_2，F_1 自交得到的子代基因型及概率为 $\frac{1}{4}A_1A_1$、$\frac{1}{2}A_1A_2$、$\frac{1}{4}A_2A_2$，全表现为抗镉。其中纯合子所占比例是 $\frac{1}{2}$。若假说二正确，抗镉和不抗镉这一对相对性状由位于非同源染色体上的两对等位基因控制，假设这两对等位基因为 A/a、B/b，甲是野生型发生显性突变产生，乙是野生型发生隐性突变产生，故可假设野生型(不抗镉)的基因型为 aaBB，则甲的基因型为 AABB，乙的基因型为 aabb，甲、乙杂交得到的 F_1 的基因型(表型)为 AaBb(抗镉)，F_1 自交得 F_2，F_2 表型(基因型)及比例为抗镉(A_B_、aabb、A_bb)：不抗镉(aaB_)= 13：3。其中纯合子所占比例是 $\frac{1}{4}$。

(3) 实验结果表明假说二正确，品种甲与基因 A/a 有关，品种乙与基因 B/b 有关，根据(2)分析可知，F_2 中不抗镉个体的基因型是 aaBB、aaBb。F_2 中自交不发生性状分离的抗镉植株的基因型为 AABB、AABb、AAbb、Aabb 和 aabb。品种甲的基因型为 AABB，故电泳条带从上到下依次对应的基因为 A、a、b、B，故个体 1、2、3 的基因型分别为 aabb、AaBB、Aabb，自交不发生性状分离的抗镉植株是 1 和 3。

实战训练 ▸ 4

9.（除标注外，每空 1 分，共 12 分）

（1）显　隐　位于两对同源染色体上　（2）$\frac{8}{9}$　$\frac{3}{16}$　（3）

(2 分)　（4）5　银羽♂：银羽♀：白羽♀= 4：3：1(2 分)　（5）选择品系 2 中的雌性与品系 3 中的雄性杂交(2 分)

思路分析　**分析三组杂交实验**

杂交一：品系 1(白羽)与野生型(银羽)杂交，F_1 均为白羽，F_1 相互交配所得 F_2 白羽：银羽=3：1，且雌雄中表型比值相同，说明白羽为显性性状，相关基因位于常染色体上，品系 1 基因型为 A_1A_1(只考虑 A_1/+)；

杂交二：品系 1(白羽)与品系 2(白羽)杂交，F_1 均为白羽，F_2 白羽：银羽=13：3，且雌雄表型比值相同，说明品系 1 和品系 2 的白羽性状受两对独立遗传的等位基因控制，且品系 2 为隐性突变，相关基因位于常染色体上，基因型为 a_2a_2(只考虑+/a_2)；

杂交三：品系 3(白羽，母本)与品系 1(白羽，父本)杂交，F_2 个体中白羽：银羽=13：3，说明品系 1 和品系 3 的白羽性状受两对独立遗传的等位基因控制；雌性个体中，白羽：银羽=7：1，雄性个体中，白羽：银羽=3：1，说明品系 3 的突变基因位于 Z 染色体上且为隐性突变，母本基因型为 $Z^{a_3}W$(只考虑+/a_3)。

【解析】(1) 根据杂交一判断品系 1 与野生型杂交，F_1 全为白羽，F_2 出现 3：1 的性状分离比，说明品系 1 为显性突变；杂交二中品系 1 与品系 2 杂交，F_2 性状分离比为 13：3(9：3：3：1 的变式)，说明两对基因的遗传符合自由组合定律，即位于两对同源染色体上，且品系 2 为隐性突变。

(2) 只考虑 A_1/+，杂交一 F_1 基因型为 A_1+，F_2 白羽基因型及概率为 $\frac{1}{3}A_1A_1$、$\frac{2}{3}A_1$+，雌雄个体随机交配，产生配子的类型及概率为 $\frac{2}{3}A_1$、$\frac{1}{3}$+，后代中银羽(++)占比为 $\frac{1}{3}\times\frac{1}{3}=\frac{1}{9}$，因此白羽占比为 $1-\frac{1}{9}=\frac{8}{9}$；考虑 A_1/+、+/a_2，杂交二 F_1 基因型为 A_1++a_2，F_2 中白羽纯合子有 A_1A_1++、$A_1A_1a_2a_2$、++a_2a_2，共 3 种，占 F_2 的 $\frac{3}{16}$。

(3)根据杂交一和杂交二可知控制品系 1 和品系 2 白羽性状的基因位于非同源染色体上,且均位于常染色体上,由思路分析可知,品系 3 的突变基因位于 Z 染色体上且为隐性突变,三对基因分别独立遗传。杂交三中,品系 3 ♀基因型为++++$Z^{a_3}W$,品系 1 ♂基因型为 A_1A_1++Z^+Z^+,F_1 基因型为 A_1+++$Z^+Z^{a_3}$、A_1+++Z^+W,F_1 中雄性个体三对基因位于染色体的情况见答案。

(4)由(3)可知,杂交三 F_1 雌雄个体相互交配,F_2 中白羽♀基因型有 A_1A_1++$Z^{a_3}W$、A_1A_1++Z^+W、A_1+++$Z^{a_3}W$、A_1+++Z^+W、++++$Z^{a_3}W$,共 5 种。杂交三 F_2 中银羽个体关于品系 1 突变基因的基因型均为++,只考虑品系 3 的突变基因,则 F_2 中银羽雌性基因型全为 Z^+W,雌性产生配子中 W 占$\frac{1}{2}$、Z^+占$\frac{1}{2}$,银羽雄性中 $Z^+Z^{a_3}$∶Z^+Z^+=1∶1,雄性产生配子中 Z^{a_3} 占$\frac{1}{4}$、Z^+占$\frac{3}{4}$。雌雄个体相互交配后,子代雄性基因型为 Z^+Z^+、$Z^+Z^{a_3}$,全部为银羽,共占$\frac{1}{2}=\frac{4}{8}$;雌性中 Z^+W(银羽)占$\frac{3}{4}\times\frac{1}{2}=\frac{3}{8}$,$Z^{a_3}W$(白羽)占$\frac{1}{4}\times\frac{1}{2}=\frac{1}{8}$,因此后代表型及比例为银羽♂∶银羽♀∶白羽♀=4∶3∶1。

(5)品系 2 和品系 3 都为隐性突变,选择品系 3 的雄性与品系 2 雌性进行杂交可以通过羽色来区分雌雄,仅考虑相关基因,品系 3(♂)基因型为++$Z^{a_3}Z^{a_3}$,品系 2(♀)基因型为 $a_2a_2Z^+W$,二者杂交子代中雄性全为银羽(+$a_2Z^+Z^{a_3}$),雌性全为白羽(+$a_2Z^{a_3}W$)。

实战训练 ▸ 5

10.(每空 2 分,共 14 分)

(1)杂交时可避免去雄操作　10　(2)紫粒　$\frac{1}{12}$　20%(或$\frac{1}{5}$)　(3)将乙品系收获的紫粒(AaGg)种下,待成熟后让其自交,统计子代的表型及比例　若子代有 4 种表型,比例为 6∶3∶2∶1(或后代的紫粒∶黄粒=3∶1),说明这两对基因位于两对同源染色体上;若子代只有 2 种表型,比例为 2∶1(或后代的紫粒∶黄粒=2∶1),说明这两对基因位于同一对同源染色体上

【解析】(1)玉米是雌雄同株单性花植物,进行杂交实验时可避免去雄操作。二倍体玉米 $2n=20$,无性染色体,玉米基因组计划需测定 10 条染色体上的 DNA 碱基序列。

(2)纯种紫粒单向异交不亲和品系甲与纯种黄粒正常品系乙间行种植,可进行自交和杂交,甲品系收获的籽粒颜色全部相同,乙品系收获的籽粒颜色有两种,说明紫粒为显性性状,黄粒为隐性性状,甲、乙的基因型分别为 AAGG、aagg。若两对等位基因独立遗传,甲与乙杂交,F_1 的基因型是 AaGg,产生雌雄配子的类型及比例为 AG∶Ag∶aG∶ag=1∶1∶1∶1,且含有 G 的卵细胞(占 2 份)与含有 g 的花粉(占 2 份)结合形成的受精卵败育,故 F_1 自交所得后代 16 份中会缺失 4 份,正常发育个体中纯种黄粒正常(aagg)所占比例为$\frac{1}{16-4}=\frac{1}{12}$。根据数学归纳法,基因型为 Aa 的玉米连续自由交配,每代均淘汰黄粒,可推出 F_n 中 AA=$\frac{n}{n+2}$,Aa=$\frac{2}{n+2}$,a 的基因频率=$\frac{1}{n+2}\times100\%$,淘汰黄粒 3 次,F_3 中 a 的基因频率为 20%。

(3)甲品系上收获的紫粒的基因型为 AAGG,乙品系上收获的紫粒的基因型为 AaGg,黄粒基因型为 aagg,欲从甲品系收获的籽粒或乙品系收获的籽粒中选择合适的材料,设计最简单的实验探究等位基因 A/a、G/g 在染色体上的位置关系,可让乙品系收获的紫粒(AaGg)自交,根据子代表型种类及比例来判断。若子代有 4 种表型,比例为 6∶3∶2∶1(或后代的紫粒∶黄粒=3∶1),说明这两对基因位于两对同源染色体上;若子代只有 2 种表型,比例为 2∶1(或后代的紫粒∶黄粒=2∶1),说明这两对基因位于同一对同源染色体上。

实战训练 ▸ 6

11.(除标注外,每空 2 分,共 12 分)

(1)不相同(1 分)　5(1 分)　$\frac{1}{3}$(1 分)　0(1 分)　(2)对实验二中 F_2 个体的眼色和体色同时进行调查统计　F_2 中深红眼粉红体色∶橙黄眼深红体色∶深红眼白体色∶黄眼白体色=6∶3∶3∶4　(3)①$\frac{1}{4}$　②K_3 和 K_4 的两个抗病基因均位于两对同源染色体上,且与 A/a 和 B/b 所在的同源染色体均不同

思路分析　9∶3∶4 以及 3∶6∶7 均是 9∶3∶3∶1 的变式,说明 A/a 和 B/b 的遗传遵循基因的自由组合定律,A/a 和 D/d 的遗传也遵循基因的自由组合定律。实验一 F_2 中深红眼∶橙黄眼∶黄眼=9∶3∶4,只考虑眼色,则 F_1 深红眼基因型为 AaBb,纯合 X_1 深红眼基因型为 AABB,纯合 X_3 黄眼基因型为 aabb,且红色素的合成由等位基因 A/a 控制(AA、Aa 的效应相同),则深红眼的基因型为 A_B_,橙黄眼的基因型为 A_bb,黄眼的基因型为 aaB_、aabb。实验二 F_2 中深红体色∶粉红体色∶白体色=3∶6∶7,只考虑体色,则 F_1 粉红体色基因型为 AaDd,X_2 和 X_3 均为纯合白体色,且 X_3 黄眼基因型为 aabb,d 基因对 A 基因的表达有抑制效应,则仅考虑体色,X_3 白体基因型为 aaDD,X_2 白体基因型为 AAdd,故深红体色的基因型为 A_DD,粉红体色的基因型为 A_Dd,白体色的基因型为 A_dd、aaD_、aadd。135∶45∶60∶9∶3∶4 的数字之和为 135+45+60+9+3+4=256=4^4,说明 K_3 和 K_4 的抗病性状和眼色由 4 对等位基因控制,且这 4 对等位基因独立遗传。

【解析】(1)结合思路分析判断,X_1 的基因型是 AABBDD、X_2 的基因型是 AABBdd、X_3 的基因型是 aabbDD。实验一中 F_1 深红眼个体基因型是 AaBbDD,实验二中 F_1 粉红体色个体基因型是 AaBbDd,两者基因型不相同。只考虑体色,实验二中 F_2 白体色基因型有 A_dd、aaD_、aadd,共五种。只考虑体色,则 F_2 的粉红体色个体基因型及概率为$\frac{1}{3}$AADd、$\frac{2}{3}$AaDd,随机交配后代中白体色个体占$\frac{1}{3}$[利用分离定律分别分析两对基因,只考虑 A/a,F_2 的粉红体色个体基因型及概率为$\frac{1}{3}$AA 和$\frac{2}{3}$Aa,随机交配,产生的雌雄配子基因型及概率均为$\frac{2}{3}$A、$\frac{1}{3}$a,则后代基因型及概率为$\frac{4}{9}$AA、$\frac{4}{9}$Aa、$\frac{1}{9}$aa;只考虑 D/d,F_2 的粉红体色个体基因型均为 Dd,随机交配,产生的后代基因型及概率为$\frac{1}{4}$DD、$\frac{1}{2}$Dd、$\frac{1}{4}$dd,故后代白体色个体(aa_ _+A_dd)占比为$\frac{1}{9}+\frac{8}{9}\times\frac{1}{4}=\frac{1}{3}$]。只考虑眼色,黄眼个体基因型为 aa_ _,深红体色个体均含有 A 基因,所以不会出现黄眼深红体色个体。

(2)判断基因 B/b 和 D/d 在染色体上的位置关系的调查方案是对实验二中 F_2 个体的眼色和体色同时进行调查统计,若位于一对同源染色体上,则 F_1 产生的配子是四种,分别为 ABd、AbD、aBd、abD,四种配子随机结合,F_2 中深红眼粉红体色∶橙黄眼深红体色∶深红眼白体色∶黄眼白体色=6∶3∶3∶4。

(3)①若 K_1、K_2 中各含有一个抗病基因,且 K_1 的抗病基因与 B 基因在同一条染色体上,K_2 的抗病基因与 A 基因在同一条染色体上,由思路分析可知 A/a 和 B/b 的遗传遵循基因的自由组合定律,则假设 K_1 的抗病基因是 E,K_2 的抗病基因是 F,K_1 与 K_2 杂交,只考虑抗病基因,则 K_1 产生的配子基因型及比例为 E∶O=1∶1(O 表示没有抗病基因),K_2 产生的配子基因型及比例为 F∶O=1∶1(O 表示没有抗病基因),则所得子代中有$\frac{1}{4}$没有抗病基因,表现为不抗病。②根据思路分析可知,抗病性状和眼色由 4 对等位基因控制,且这 4 对等位基因独立遗传,135∶45∶60∶9∶3∶4=(15∶1)(9∶3∶4),故 K_3 和 K_4 的抗病基因在染色体上的分布情况是 K_3 和 K_4 的 2 个抗病基因位于 2 对同源染色体上,且与 A/a 和 B/b 所在的同源染色体均不同。

实战训练 ▸ 7

12.(除标注外,每空 2 分,共 13 分)

(1)长翅(1 分)　MM(1 分)　Z(1 分)　MmZ^NZ^n、MmZ^NW　(2)$\frac{1}{2}$　(3)选取纯合的有鳞毛和纯合的无鳞毛的家蚕蛾雌、雄个体进行正反交实验得到 F_1　正反交均只出现一种性状　正反交结果不同

【解析】(1)F_1 雌雄个体中关于翅型的表型及比例均为长翅∶短翅=2∶1,所以该家蚕的长翅对短翅为显性性状,基因 M、m 位于常染色体上,根据实验结果可推测基因型为 MM 的个体不能存活;F_1 雄性的触角都为黑色,雌性中关于触角颜色的表型及比例为黑色∶红色=1∶1,可知家蚕触角颜色的遗传与性别相关,故基因 N、n 位于 Z 染色体上(若位于 W 染色体上,则雌性触角颜色应相同),故亲本基因型为 MmZ^NZ^n、MmZ^NW。

(2)F_1 长翅黑色雄蚕$\left(\frac{1}{2}MmZ^NZ^N、\frac{1}{2}MmZ^NZ^n\right)$与短翅红色雌蚕($mmZ^nW$)交配,只考虑触角颜色,雄配子类型及概率为$\frac{3}{4}Z^N$、$\frac{1}{4}Z^n$,雌配子类型及概率为$\frac{1}{2}Z^n$、$\frac{1}{2}W$,后代中基因 n 的频率与其亲本相同,即$\frac{\frac{1}{2}+\frac{1}{4}}{\frac{1}{2}+\frac{1}{4}+\frac{3}{4}}=\frac{1}{2}$。

(3)要通过实验来探究控制有鳞毛和无鳞毛的基因是位于常染色体上还是 Z 染色体上(不考虑 Z、W 同源区段),但由于不知道这对相对性状的显隐关系,可以利用正反交实验来探究,即选取纯合的有鳞毛和纯合的无鳞毛的家蚕蛾雌、雄个体进行正反交实验,观察并统计 F_1 个体的表型及比例(假设相关基因为 A 和 a)。若控制有鳞毛和无鳞毛的基因位于常染色体上,则正反交实验 F_1 基因型都为 Aa,故只出现一种性状,且 F_1 表现出来的性状为显性性状;若控制有鳞毛和无鳞毛的基因位于 Z 染色体上,正反交实验分别为 $Z^AZ^A\times Z^aW$(后代雌雄个体全表现显性性状)和 $Z^aZ^a\times Z^AW$(后代雄性个体全表现显性性状,雌性个体全表现隐性性状),即正反交结果不同,且 F_1 中雄性个体表现出来的性状为显性性状。

实战训练 ▸ 8

13.(除标注外,每空 2 分,共 12 分)

(1)伴 X 染色体显性遗传(1 分)　根据图 2 中的电泳图谱,可知 1、2 均只含一种基因,题设中表明该病为显性遗传病,若该病是常染色体显性遗传病,5 号应为杂合子,图 2 中 5 号只有一个条带,说明 5 号只有 A 或 a 基因,基因只在 X 染色体上,所以该病遗传方式为伴 X 染色体显性遗传　(2)碱基的排列顺序不同(脱氧核苷酸的排列顺序不同或碱基对的排列顺序不同,1 分)　不一定相同　(3)不能确定、不能确定　X^aY　(4)$\frac{9}{40}$

【解析】(1)根据图2中的电泳图谱,可知1、2均只含一种基因,题设中表明该病为显性遗传病,若该病是常染色体显性遗传病,5号应为杂合子,图2中5号只有一个条带,说明5号只有A或a基因,基因只在X染色体上,所以该病遗传方式为伴X染色体显性遗传。

(2)致病基因和正常基因的本质区别是碱基的排列顺序不同。据图2可知,6号为杂合子,而3号为纯合子,4号为杂合子,所以7号既可能是杂合子也可能是纯合子,电泳结果与图2中的6号个体不一定相同。

(3)根据题干:B区域探针结合正常基因a,b区域探针结合致病基因A。乙是8号(基因型为X^AY或X^aY)的B区域,8号基因型若为X^AY则没有a基因,乙区域为阴性,若基因型为X^aY则有a基因,乙区域为阳性,因此乙不能确定。丙是7号的b区域,7号不一定含有A基因,因此丙的检测结果也为不能确定。若某男性只在B区域出现阳性,说明该男性只有a基因没有A基因,基因型为X^aY。

(4)若1号患病,则根据图2可知,3号基因型为X^AY,4号基因型为X^AX^a,7号基因型及概率为$\frac{1}{2}X^AX^A$、$\frac{1}{2}X^AX^a$,7号和一男性婚配,人群中A的基因频率为20%,所以该男性基因型为X^AY的概率为$\frac{1}{5}$,为X^aY的概率为$\frac{4}{5}$,后代正常的概率为$\frac{1}{5}\times\frac{1}{2}\times\frac{1}{4}+\frac{4}{5}\times\frac{1}{2}\times\frac{1}{2}=\frac{9}{40}$。

实战训练 ▸ 9

14.(除标注外,每空2分,共14分)

(1)其体细胞中含B、b基因的两条X染色体随机失活,导致不同细胞中分别表达B或b基因　$\frac{1}{6}$　(2)①X^AX^a(1分)　来自父方的X染色体失活,来自母方的X染色体上含a基因且正常表达　②2.5%　③310 bp、118 bp　3(1分)　310

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

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

②Ⅱ-1(X^aY)和一个与Ⅱ-2(X^AX^A)基因型相同的女性婚配,后代的基因型为X^AX^a或X^AY,即后代男孩均不含致病基因,女孩均为杂合子,根据题干"女性杂合子中有5%的个体会患病"可知,后代患ALD的概率为$\frac{1}{2}\times5\%=2.5\%$。

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

实战训练 ▸ 10

15.(除标注外,每空2分,共11分)

(1)二(或2)(1分)　实验三F_1为AaBbDd,自交所得F_2表型之比是9∶3∶3∶1的变形,是两对同源染色体上杂合子自交的分离比　(2)不正确,8号染色体可能携带B/b或D/d基因,两者不连锁　(3)高甜浓香型(或"低甜清香型")　D/d(或"B/b")　B/b(或"D/d")

【解析】(1)由题意可知,B基因控制奎宁酸合成酶的合成,其催化产物是玉米香气的重要组成成分,BB与Bb具有相同的遗传效果,且D基因对其表达具有抑制作用。因此无香型基因型为B_DD、bb_ _,清香型为B_Dd,浓香型为B_dd。实验一甲(高甜无香型)×乙(低甜无香型),F_1全为高甜无香型,F_2中高甜无香型∶低甜无香型=3∶1,说明高甜对低甜为显性;实验三甲(高甜无香型)×丙(低甜浓香型),F_1为高甜清香型,F_2中高甜∶低甜=3∶1,无香型∶清香型∶浓香型=7∶6∶3,则甲的基因型为AAbbDD、乙为aaBBDD、丙的基因型为aaBBdd。实验三F_2中高甜无香型∶高甜浓香型∶低甜无香型∶低甜清香型∶低甜浓香

型：高甜清香型=6∶2∶1∶2∶1∶4，该比例为9∶3∶3∶1的变式，由此可知控制甜度和香气的三对等位基因位于2对同源染色体上，且Ab连锁，aB连锁。

(2)由题意可知，关于香气性状，甲为bbDD，丙为BBdd，浓香型的基因型为B_dd，清香型基因型为B_Dd，根据电泳图谱，不能确定8号染色体上携带D/d基因，理由是8号染色体可能携带B/b或D/d基因，两者不连锁。

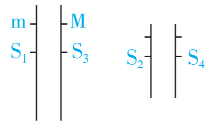
(3)情况1：选取实验3 F_2 中高甜浓香型个体(基因型AaBbdd)检测。该个体中，A基因来自甲、a基因来自丙，B基因来自丙、b基因来自甲，两条同源染色体上的d基因均来自丙。若8号染色体携带B/b基因，则该个体一条8号染色体来自丙，另一条来自甲，电泳结果应同时出现与甲、丙对应的条带；若8号染色体携带D/d基因，则两条8号染色体均来自丙，电泳结果只出现与丙相同的条带。

情况2：选取实验3 F_2 中低甜清香型个体(基因型aaBBDd)检测。该个体中，B基因均来自丙，D基因来自甲、d基因来自丙。若8号染色体携带B/b基因，两条8号染色体均来自丙，电泳结果只出现与丙相同的条带；若8号染色体携带D/d基因，一条8号染色体来自甲，另一条来自丙，电泳结果会同时出现与甲、丙对应的条带。

实战训练 ▸ 11

16.(除标注外，每空1分，共9分)

(1)显性　$\frac{3}{4}$　多　(2)表观遗传　RNA聚合酶　通过基因组编辑抑制KD8-C中*Dof1*基因的表达(或敲除*Dof1*基因)，然后检测其耐寒性的变化(2分)　(3)



4号染色体　6号染色体　(合理即可，2分)

【解析】(1)KD8-N(冷敏感型)和KD8-C(耐寒型)正反交，F_1 在冷胁迫下都表现出高结实率(耐寒)。正反交结果一致，且 F_1 均表现为耐寒，说明耐寒性为显性性状(显性性状在杂合子中能表现出来)。如果耐寒性由一对等位基因控制，F_1 为杂合子(基因型设为Aa)，自交后代的基因型(表型)及比例为AA(耐寒)∶Aa(耐寒)∶aa(冷敏感)=1∶2∶1。所以 F_2 中耐寒个体的理论比例为$\frac{3}{4}$。F_2 群体在冷胁迫下的结实率呈连续分布，不符合孟德尔分离定律的典型分离比，说明耐寒性不是由单基因控制的，而是受多基因调控(多基因控制的性状常表现为连续分布，如数量性状)。

(2)*ACT1*启动子区的甲基化水平变化(高甲基化抑制相关基因表达，低甲基化促进相关基因表达)，但DNA碱基序列本身未改变，仅通过甲基化修饰调控基因表达，这种遗传现象属于表观遗传。Dof1是一种转录因子，低温促进*Dof1*基因表达，*ACT1*启动子区的去甲基化有利于Dof1的结合，从而帮助RNA聚合酶与启动子结合，激活基因转录。核心设计思路：通过抑制(或敲除)KD8-C中的*Dof1*基因，破坏其表达产物与*ACT1*启动子区的结合，观察耐寒性变化。设计思路：通过基因组编辑技术(如CRISPR/Cas9)抑制KD8-C中*Dof1*基因的表达(或敲除*Dof1*基因)，构建Dof1功能缺失的突变体；然后在冷胁迫条件下，检测突变体与KD8-C的结实率(耐寒性)变化，若突变体结实率显著下降(冷敏感)，则证明Dof1的结合是*ACT1*表达和水稻获得耐寒性的必要条件。

(3)SSR是染色体上的特异性短核苷酸序列，可作为遗传标记定位基因。从题图2电泳结果分析，KD8-N(N)只有 S_1、S_2 条带，KD8-C(C)只有 S_3、S_4 条带；F_2 耐寒植株4号染色体SSR扩增结果中只出现 S_3 条带，6号染色体SSR扩增结果 S_2、S_4 条带随机分布，说明M/m基因位于4号染色体上，与 S_1、S_3 连锁，位置关系见答案。

实战训练 ▸ 12

17.(除标注外，每空1分，共14分)

(1)母本　(2)基因结构不同(或碱基对的排列顺序不同)　显　2　(3)26　$\frac{8}{9}$　(4)4　3　全为耐盐碱抗稻瘟病(2分)　耐盐碱抗稻瘟病∶盐碱敏感抗稻瘟病=15∶1(2分)　耐盐碱抗稻瘟病∶盐碱敏感抗稻瘟病=3∶1(2分)

【解析】(1)水稻是两性花植物，一朵花中既有雌蕊又有雄蕊，因此人工授粉时需对亲本中的母本进行去雄处理。

(2)抗稻瘟病基因和易感稻瘟病基因的本质区别是基因结构不同(或碱基对的排列顺序不同)。水稻的抗稻瘟病和易感稻瘟病是一对相对性状。实验①中，拥有相对性状的甲和丁杂交，F_1 表型为抗稻瘟病，且 F_1 自交得到 F_2，F_2 中发生性状分离，可知抗稻瘟病对易感稻瘟病为显性。实验②中，F_2 中性状分离比为15∶1，是9∶3∶3∶1的变式，即这一对相对性状至少受两对等位基因控制，且遵循基因的自由组合定律。

(3)实验③中，F_2 表型及比例为抗稻瘟病∶易感稻瘟病=63∶1，说明相应表型受三对等位基因的控制，若用A/a、B/b、C/c分别表示这三对等位基因，F_1 的基因型为AaBbCc，F_1 自交得到 F_2，F_2 基因型共有3×3×3=27(种)，其中易感稻瘟病基因型为aabbcc，则 F_2 抗稻瘟病植株的基因型有27−1=26(种)，F_2 中的纯合子共2×2×2=8(种)，其中1种是易感稻瘟病，剩余7种为

抗稻瘟病，即 F_2 抗稻瘟病植株中的纯合子比例为 $\frac{7}{63}=\frac{1}{9}$，杂合子所占比例为 $1-\frac{1}{9}=\frac{8}{9}$。

(4)据题图分析可知，2 号植株个体中，耐盐碱基因插入两对染色体上，遵循基因的自由组合定律，因此 2 号植株产生的雄配子类型有 2×2=4(种)，当含有耐盐碱基因的染色体都在一个配子中时，配子所含的耐盐碱基因最多，一条染色体上有 2 个耐盐碱基因，一条染色体上有 1 个耐盐碱基因，因此 1 个雄配子携带的耐盐碱基因最多有 3 个。1 号植株中，有两个耐盐碱基因插到一对同源染色体中，因此其产生的配子中都含耐盐碱基因，自交后代都具有耐盐碱性状；2 号植株个体中，耐盐碱基因插到两对染色体上，遵循基因的自由组合定律，植株只要含有 1 个耐盐碱基因即可表现出耐盐碱性状，不含则表现出盐碱敏感性状，因此自交后代表型及比例为耐盐碱：盐碱敏感=15：1；3 号植株中耐盐碱基因全部在一条染色体上，因此自交后代表型及比例为耐盐碱：盐碱敏感=3：1。1 号、2 号、3 号植株中一对同源染色体的两条染色体上都存在抗稻瘟病基因，因此自交后代都抗稻瘟病。综上所述，该团队将 1 号、2 号、3 号植株分别自交，理论上所得子一代的表型及比例分别是全为耐盐碱抗稻瘟病、耐盐碱抗稻瘟病：盐碱敏感抗稻瘟病=15：1、耐盐碱抗稻瘟病：盐碱敏感抗稻瘟病=3：1。

实战训练 ▸ 13

18.(除标注外，每空 2 分，共 11 分)

(1)叶绿素含量：*TAGL1* 敲除株系>gs>*TAGL1* 超表达株系　(2)相同(1 分)　通过 RdDM 途径抑制(四种)去甲基化酶的表达，使 *TAGL1* 启动子的甲基化程度较高，从而抑制 *TAGL1* 的表达，对叶绿素合成的抑制作用减弱　(3)隐性　实验设计思路：将 7 份条斑状株系分别两两杂交，观察 F_1 果实表型。预期结果：若 F_1 果实表现为野生型，则杂交亲本不是同一基因突变的结果；若 F_1 果实表现为条斑状，则杂交亲本是同一基因突变的结果(4 分)

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

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

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

实战训练 ▸ 14

19.(除标注外，每空 1 分，共 13 分)

(1)①细胞质　②3：1　(2)①提前终止　mRNA　②由基因和环境共同决定的(2 分)　(3)①将各品种的优良性状基因整合到一株水稻上(2 分)　雄性可育　通过基因重组获得具有多种优良性状的纯合子(2 分)　②单倍体育种；用基因检测的方法筛选所需要的植株(2 分)

【解析】(1)①由题意可知，雄性不育株在杂交过程中作母本，其与甲杂交子一代均表现为雄性不育，杂交子一代与甲回交，子代也均表现为雄性不育，即与母本表型相同，推测雄性不育为母系遗传，即控制雄性不育的基因(A)位于细胞质中。

②控制雄性不育的基因(A)位于细胞质中，基因 R 位于细胞核中，核基因 R 的表达产物能够抑制基因 A 的表达，则丙的基因型为 A(RR)或 a(RR)，雄性不育品系乙的基因型为 A(rr)，子代细胞质来自母本，因此 F_1 的基因型为 A(Rr)，核基因 R 的表达产物能够抑制基因 A 的表达，因此 F_1 表现为雄性可育，F_1 自交，子代的基因型及比例为 A(RR)：A(Rr)：A(rr)=1：2：1，因此子代中雄性可育株与雄性不育株的数量比为 3：1。

(2)①由题图 1 可知，t 基因的非模板链上原本 T 基因对应的“TCG”变为了“TAG”，根据碱基互补配对原则，在转录形成 mRNA 时，t 基因转录出的 mRNA 上会出现终止密码子(UAG)。在翻译过程中，遇到终止密码子会使翻译终止，所以 t 基因在表达过程中，翻译提前终止，导致其编码的核糖核酸酶功能丧失。核糖核酸酶功能丧失后无法降解 *UbL40* 基因的 mRNA，使得 UbL40 蛋白过量积累，导致花药败育。

②在高温条件下，水稻温敏雄性不育系不育；在较低温度条件下，*UbL40* 基因表达水平较低，花药发育正常，育性恢复。这表明生物的性状是基因和环境共同作用的结果。

(3)①S221 先后与多个品种杂交，是因为不同品种具有不同的优良性状，通过杂交可以将多个品种的优良性状集中到一个个体上，所以目的是将多个品种的优良性状集中到一个个体(一株水稻)上。S221 是显性核不育品系，在杂交过程中，编号 44006 的植株应选择雄性可育的，这样才能通过自交等操作进行后续培育。连续自交可以让后代中纯合子比例升高，通过基因重组获得具有多种优良性状的纯合子。

②若要加快育种进程，可采用单倍体育种，因为它能明显缩短育种年限，快速获得纯合子；也可用基因检测的方法筛选所需要的植株。

实战训练 ▸ 15

20.（除标注外，每空 2 分，共 14 分）

（1）利用自然界已有的优良性状基因进行育种，育种安全性高　品系 A（1 分）　在保留高油、低过敏原性状的同时，尽可能保留 A 品系的其他优良性状（或育种得到纯合高油性状大豆的效率高）　需要人工去雄，操作烦琐（1 分）　（2）植物组织培养（1 分）　植物体细胞具有全能性（1 分）　（3）不引入外源基因，无转基因安全隐患（或防止外源基因通过花粉扩散至近缘物种造成基因污染）　脱靶可能会破坏大豆营养合成关键基因，产生未知有毒有害物质，危害人体健康　脱靶可能会导致大豆性状异常，间接改变生物群落结构，降低生物多样性

【解析】（1）基因突变具有不定向性，有利变异少，诱变育种需要大量处理材料；杂交育种相对于诱变育种来说利用自然界已有的优良性状基因进行育种，育种安全性高。本实验目标是获得高油、低过敏原品系，高油是品系 A 的优良性状，F_1 与品系 A 回交可以积累高油基因，得到纯合高油性状大豆的效率高，加快育种进程，在保留高油、低过敏原性状的同时，尽可能保留 A 品系的其他优良性状；缺点是需要人工去雄，操作烦琐，增加了工作量。

（2）植物离体细胞或愈伤组织发育为完整植株，依赖植物组织培养技术，其原理是植物细胞的全能性。

（3）敲除内源基因而不是导入外源基因，避免了外源基因带来的潜在安全隐患，可以防止外源基因通过花粉扩散至近缘物种造成基因污染。脱靶的风险：从食品安全维度来看，错误编辑正常基因后，可能会破坏大豆营养合成关键基因，可能产生有毒有害的蛋白质或其他代谢产物，危害人体健康；从生物多样性维度来看，错误编辑的大豆性状可能会改变，可能通过基因漂移改变近缘物种的遗传特性，或改变大豆竞争力，使其他物种生存空间被挤压，间接改变大豆所处群落结构，降低农田生物多样性，破坏生态平衡。

实战训练 ▸ 16

21.（除标注外，每空 1 分，共 12 分）

（1）显性　突变基因位于 X 染色体上且在后代中显性纯合致死（2 分）　（2）常染色体隐性遗传　亮红眼　1 或 2（2 分）　$\frac{3}{28}$（2 分）　（3）近　4　增添

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

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

（2）通过正、反交实验可以判断基因的位置，亮红眼品系 A 与野生型果蝇进行正、反交，F_1 均为野生型，说明基因位于常染色体上，且野生型为显性性状，亮红眼为隐性性状，因此控制亮红眼基因的遗传方式为常染色体隐性遗传。假设野生型中控制眼色的基因为 D，纯合突变品系 A 中控制眼色的基因为 d，纯合突变品系 B 中控制眼色的基因为 D′，若品系 A、B 的突变仅涉及一对等位基因，则 D、d、D′为复等位基因，品系 A 的基因型为 dd，品系 B 的基因型为 D′D′，则将品系 A、B 杂交，子代的基因型为 D′d，表型为亮红眼。若品系 B 的亮红眼由控制品系 A 为亮红眼的基因之外的另一对基因控制，则两对等位基因可能位于 1 对同源染色体上，也可能位于 2 对同源染色体上。在（1）的基础上，假设褐色突变体 C 的基因型为 DDX^HX^h（假设基因 H、h 控制体色），品系 A 的雄果蝇基因型为 ddX^hY，选择品系 A 的雄果蝇（ddX^hY）与突变体 C（DDX^HX^h）杂交，F_1 基因型为 DdX^HX^h、DdX^hX^h、DdX^HY（致死）和 DdX^hY，F_1 相互交配，计算 F_2 中体色为褐色且眼色为野生型雌蝇（$D_X^HX^-$）的比例，F_2 基因型为 D_ 的概率是 $\frac{3}{4}$（由 F_1 的基因型 Dd 和 Dd 交配产生）。基因型为 X^HY 的个体致死，F_1 中的雌性个体基因型及概率为 $\frac{1}{2}X^HX^h$ 和 $\frac{1}{2}X^hX^h$，与雄性个体（X^hY）进行交配，可用配子法进行计算。雌性个体产生的配子基因型及概率为 $\frac{1}{4}X^H$、$\frac{3}{4}X^h$，雄性个体产生的配子基因型及概率为 $\frac{1}{2}X^h$、$\frac{1}{2}Y$。相互交配产生的子代基因型及概率为 $\frac{1}{8}X^HX^h$、$\frac{1}{8}X^HY$、$\frac{3}{8}X^hX^h$、$\frac{3}{8}X^hY$，其中基因型为 X^HY 的个体致死，所以子代中基因型为 X^HX^- 的概率为 $\frac{1}{7}$，因此 F_2 中体色为褐色且眼色为野生型的雌蝇的概率 $= \frac{3}{4} \times \frac{1}{7} = \frac{3}{28}$。

（3）相对分子质量较大的扩增产物迁移速率慢，其电泳条带与点样处的距离较近。根据野生型和突变品系 A 经引物 4 扩增的产物不同可知，突变区域位于 3 号染色体上第 4 对引物对应的区间。品系 A 经引物 4 扩增产物的电泳条带比野生型经引物 4 扩增产物的电泳条带更靠近点样处，说明突变后的基因相对分子质量更大，故突变性状产生的根本原因可能是 *scarlet* 基因内部发生了碱基对的增添。

实战训练 ▸ 17

22.（除标注外，每空 1 分，共 12 分）

（1）①相对性状　显　②非同源染色体上的非等位基因　③短芒品系 1 携带的显性基因表达，抑制细胞的伸长生长，麦芒的长度变短（2 分）　（2）①引物　②品系 2 中短芒基因　③2 和 5　（3）Ⅰ、Ⅱ，①（2 分）　（4）环境影响表型；存在其他基因影响表型；存

在表观遗传修饰现象(答出两点即可,2分)

【解析】(1)①相对性状是指同种生物同一性状的不同表现类型,据杂交1可知,小麦的短芒和长芒互为相对性状。杂交1中,P为短芒品系1×长芒品系,F_1均为短芒,说明品系1中的短芒基因为显性基因。

②由杂交2结果可知,F_1为双杂合子,F_2出现了(9+3+3)∶1的性状分离比,说明相关基因的遗传遵循自由组合定律,即短芒品系1和短芒品系2中控制短芒的基因在染色体上的位置关系是非同源染色体上的非等位基因。

③由图1可知,纵切片中深色的结构应该是细胞核,长芒品系的纵切片细胞核排列疏松,说明细胞比较长,而短芒品系1的纵切片细胞核排列紧密,说明细胞比较短,所以推测短芒形成的原因可能是短芒品系1携带的显性基因表达,抑制细胞的伸长生长,麦芒的长度变短。

(2)①PCR需要根据待扩增DNA的序列设计不同引物,以启动DNA的复制。

②由杂交2可知,麦芒的长短受两对等位基因的控制,结合杂交1的F_2结果可知,短芒品系1(纯合子)只含两对等位基因中的一对的显性基因,短芒品系2(纯合子)只含有另一对等位基因的显性基因,故选择杂交1的F_2个体进行SNP分析,可以排除品系2中短芒基因对芒长的影响。

③根据图2可知,F_2个体1和F_2个体2的SNP位点重合处在位点2和5之间,故控制短芒的基因应位于位点2和5之间。

(3)出现短芒可认为芒发育不完全。根据提供的方案,选择芒发育起始期的穗部和芒发育终止期的穗部为实验材料,预期结果为芒发育起始期穗部A基因表达水平高于发育终止期,可能是因为芒发育起始期穗部A基因表达水平高于发育终止期,导致芒变短,则可以证实"A基因是导致短芒的原因"。

(4)表型受基因型和环境共同控制。表型变异原因除题述定位区间中的基因差异外,可能还有环境、存在其他基因或存在表观遗传修饰现象等。

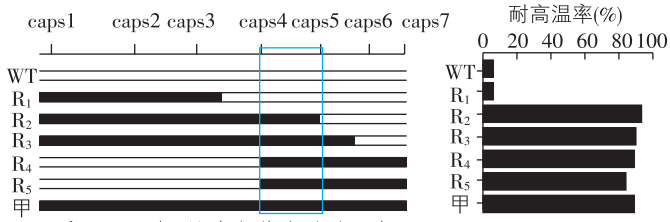
实战训练 ▸ 18

23. (除标注外,每空2分,共12分)

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

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

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



注:caps为3号染色体上的分子标记。

【解析】(1)据题意推断,纯合粳稻和纯合籼稻杂交,则F_1的染色体一半来自粳稻,一半来自籼稻,正常情况下,F_1自交子代表型应有粳稻、籼稻、粳—籼杂交种3种,而F_2中仅有的表型及比例为粳—籼杂交种∶籼稻=1∶1,推测含有粳稻某条染色体的花粉败育。

(2)①分别敲除A、B、C、E基因,造成的是染色体片段的缺失,属于染色体结构的变异。在显微镜下观察这些A、B、C、E的单基因去除植株的花粉粒形态,若C单基因去除的植株花粉形态均正常,其他单基因去除的植株有约一半花粉粒形态异常,说明C基因导致花粉败育,其他基因不影响花粉育性。

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

(3)①由题意可知,水稻甲基因型为hh,设该染色体缺失一个H基因的不耐高温的野生型水稻(WT)的基因型为HO,则F_1的基因型及比例为Hh∶hO=1∶1,F_1产生的配子基因型及比例为H∶h∶O=1∶2∶1;F_1随机交配,F_2基因型及比例为HH∶Hh∶HO∶hh∶hO∶OO(不能发育)=1∶4∶2∶4∶4∶1(不能发育),因此F_2中某个体为耐高温水稻(hh、hO)的概率是$\frac{8}{15}$。

②对WT、突变体甲和R_1~R_5进行分子标记及耐高温性检测,结果如题图3、题图4,耐高温的植株共有的片段位于caps4和caps5之间,所以推测耐高温突变基因位于分子标记caps4和caps5之间。F_1在减数分裂过程中,3号染色体可能因存在不同部位的染色体互换而产生多种重组类型,从而形成了R_1~R_5的DNA片段差异。