重难考点 · 突破

考点 10 ▸ 显性的相对性

22. C

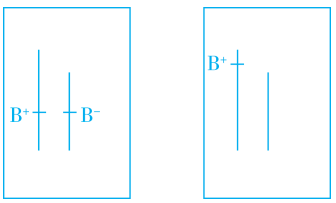
思路分析 由翻毛鸡与正常羽鸡杂交，F_1 均为轻度翻毛鸡，F_1 雌雄个体相互交配，F_2 表型及比例为翻毛：轻度翻毛：正常羽=1：2：1 可知，翻毛对正常羽可能为不完全显性。

【解析】通过翻毛鸡与正常羽鸡杂交实验结果可推知，翻毛对正常羽可能为不完全显性，A 正确；F_1 轻度翻毛鸡应为杂合子，与正常羽鸡（纯合子）杂交，子代表型比例为 1：1，B 正确；翻毛鸡羽毛翻卷、皮肤外露，耐寒能力差，散热好，不适合生长在武汉这种冬冷夏热的环境，C 错误；F_2 中翻毛（纯合子）：轻度翻毛（杂合子）=1：2，设该性状由基因 A/a 控制，翻毛的基因型为 AA，则 F_2 中翻毛与轻度翻毛的基因型及比例为 AA：Aa=1：2，即 A：a=2：1，随机交配的子代中轻度翻毛（杂合子）个体所占的比例为 $\frac{2}{3}\times\frac{1}{3}\times2=\frac{4}{9}$，D 正确。

23. A 【解析】女性为杂合 A 型血（I^Ai），男性为 O 型血（ii），后代为 O 型血（ii）的概率为 $\frac{1}{2}$。女性为 Rh 阴性（rr），男性为 Rh 阳性，已知该汉族人群中 Rh 阴性（rr）的概率为 1%，r 基因频率 $q=\frac{1}{10}$，R 基因频率 $p=\frac{9}{10}$。男性 Rh 阳性时，其为杂合子（Rr）的概率为 $\frac{2pq}{p^2+2pq}=\frac{2}{11}$，故后代 Rh 阴性（rr）的概率 $=\frac{2}{11}\times\frac{1}{2}=\frac{1}{11}$，所以二者生育一个 Rh 阴性且为 O 型血的后代概率为 $\frac{1}{2}\times\frac{1}{11}=\frac{1}{22}$，A 正确，B、C、D 错误。

24.（除标注外，每空 2 分，共 12 分）

（1）$A^-A^-B^+B^+$　（2）用低镉水稻和纯合海水稻杂交得 F_1，F_1 自交得 F_2，统计 F_2 的表型及比例；或用低镉水稻和纯合海水稻杂交得 F_1，F_1 与低镉水稻杂交得 F_2，统计 F_2 的表型及比例（4 分）　（3）3 或 6　（4）



思路分析 根据题干信息可知，水稻关于吸镉情况和耐盐情况的两对性状共有 6 种表型，表型与基因型的对应关系为低镉耐盐（$A^+_B^-B^-$）、低镉不耐盐（$A^-A^-B^-B^-$）、中镉耐盐（$A^+_B^+B^-$）、中镉不耐盐（$A^-A^-B^+B^-$）、高镉耐盐（$A^+_B^+B^+$）、高镉不耐盐（$A^-A^-B^+B^+$）。

【解析】（1）普通水稻的表型为高镉不耐盐，故普通水稻基因型是 $A^-A^-B^+B^+$。

（2）根据题意，实验的目的是探究 A^+/A^- 和 B^+/B^- 是否位于同一对染色体上，即探究这两对基因的遗传遵循分离定律还是自由组合定律，常用的方法有杂合子自交法或测交法。杂合子自交观察后代性状分离比是 3：1 或其变式，还是 9：3：3：1 或其变式，若为 3：1 或其变式，则遵循基因分离定律，即两对基因位于一对同源染色体上；杂合子测交观察后代分离比是 1：1，还是 1：1：1：1，若为 1：1，则遵循基因分离定律，即两对基因位于一对同源染色体上。故实验设计思路为用低镉水稻（$A^-A^-B^-B^-$）和纯合海水稻（$A^+A^+B^+B^+$）杂交得 F_1（$A^+A^-B^+B^-$），F_1 自交得 F_2，统计 F_2 的表型及比例。如果 F_2 的表型及比例为高镉耐盐：中镉耐盐：低镉不耐盐=1：2：1，则 A^+/A^- 和 B^+/B^- 位于同一对染色体上。或用低镉水稻和纯合海水稻杂交得 F_1，F_1 与低镉水稻杂交得 F_2，统计 F_2 的表型及比例，如果 F_2 的表型及比例为中镉耐盐：低镉不耐盐=1：1，则 A^+/A^- 和 B^+/B^- 位于同一对染色体上。

（3）双杂合中镉耐盐稻基因型为 $A^+A^-B^+B^-$，该植株自交，若 A^+/A^- 和 B^+/B^- 位于一对染色体上，那么后代表型有高镉耐盐、中镉耐盐和低镉不耐盐或低镉耐盐、中镉耐盐和高镉不耐盐 3 种；若 A^+/A^- 和 B^+/B^- 位于两对同源染色体上，则自交后代有高镉耐盐、高镉不耐盐、中镉耐盐、中镉不耐盐、低镉耐盐和低镉不耐盐 6 种表型。

（4）根据题意，对某中镉水稻（B^+B^-）镜检时发现其一条 2 号染色体发生部分缺失，则吸镉基因在 2 号染色体上的位置有两种情况，具体位置见答案。

考点 11 ▸ 性别相关的分离定律特殊情况

25. D 【解析】由题意可知，安哥拉兔的长毛和短毛受一对等位基因控制，属于从性遗传，相关基因位于常染色体上，且分析题表可知，F_1 均为杂合子，F_2 雄兔中长毛：短毛=3：1，雌兔中长毛：短毛=1：3，说明控制长毛和短毛的基因在遗传上遵循分离定律，A 正确；F_1 中雌雄兔的基因型相同，但兔毛长度不同，推测兔毛长度可能与性激素的种类及含量有关，B 正确；分析题意可

知，F_2 长毛雄兔中杂合子∶纯合子=2∶1，因此杂合子所占比例为$\frac{2}{3}$，C 正确；实验二 F_2 雄兔中短毛兔均为纯合子，雌兔的短毛兔中纯合子∶杂合子=1∶2，故实验二 F_2 中短毛兔随机交配，后代中纯合子占比为$\frac{1}{3}+\frac{2}{3}\times\frac{1}{2}=\frac{2}{3}$，D 错误。

26.（除标注外，每空 2 分，共 12 分）

（1）紫茎（1 分）　含基因 D 的雄配子不育　（2）B1B2（1 分）　基因型为 B1B1 的植株死亡（或基因 B1 纯合致死）　（3）ee 或 Ee　0　$\frac{1}{4}$

【解析】（1）紫茎植株自交，后代出现紫茎和绿茎，即发生了性状分离，说明紫茎为显性性状。该植物的紫茎和绿茎由一对等位基因控制，且紫茎植株自交出现性状分离，说明紫茎植株为杂合子，基因型为 Dd，理论上讲，其自交后代的表型和比例应为紫茎∶绿茎=3∶1，实际却为紫茎∶绿茎=1∶1，若其产生的雄配子存在异常，雌配子正常，即当含基因 D 的雄配子不育时，自交子代会出现紫茎∶绿茎=1∶1 的结果。

（2）由题图 1 三组实验结果可知，该植物花的蓝色对粉色和白色为显性，粉色对白色为显性，即基因 B1 对基因 B2、基因 B3 为显性，基因 B2 对基因 B3 为显性，结合①②实验结果可推知蓝花植株甲和蓝花植株乙的基因型分别为 B1B2、B1B3，实验③子代中蓝花植株∶粉花植株=2∶1，说明基因型为 B1B1 的植株死亡或基因 B1 纯合致死。

（3）依题意可知，该植物叶片上有无白斑这一相对性状的遗传符合母体效应，由题图 2 可知叶片有白斑的植株的基因型为 ee 或 Ee，母本基因型为 ee 时子代表现为叶片有白斑，则叶片无白斑的植株的基因型可能为 EE、ee 或 Ee；据图可知，F_1 的基因型为 Ee，表现为叶片有白斑，由于子代的性状由母本染色体基因型决定，因此 F_1 自交所得的 F_2 都表现为叶片无白斑，F_2 中叶片有白斑的植株所占比例为 0；F_2 的基因型及比例为 EE∶Ee∶ee=1∶2∶1，F_2 自交，只有基因型为 ee 的植株自交子代表现为叶片有白斑，其余均为叶片无白斑，因此 F_3 中叶片有白斑的植株所占比例为$\frac{1}{4}$。

27.（每空 2 分，共 12 分）

（1）Z　（2）翅膀颜色　灰翅只在雄性中表现，且不符合伴性遗传的规律　（3）BbZ^aW　BbZ^AZ^a　（4）$\frac{1}{2}$

【解析】（1）根据实验结果可知，F_1 中直触角都为雄性，而弯触角都为雌性（与亲本的雄性关于触角形状的表型一致），说明该性状的遗传与性别相关联，可判断控制触角形状的基因位于 Z 染色体上。

（2）由亲本和子代的翅膀颜色可知，灰翅只在雄性中表现，且不符合伴性遗传的规律，符合限性遗传的特征，基因型 BB、Bb、bb 在雌性中均表现为白翅，基因型 BB、Bb 在雄性中表现为白翅，基因型 bb 在雄性中表现为灰翅。

（3）根据（1）分析可知，亲本触角形状相关基因型为 Z^AW、Z^aZ^a，结合（2）分析可知，亲本的基因型为 BBZ^AW 和 bbZ^aZ^a，F_1 的基因型为 BbZ^aW、BbZ^AZ^a。

（4）依据上述分析，可以得到 F_2 的基因型，将 F_2 中的白翅直触角雌蛾（基因型及概率为$\frac{1}{4}BBZ^AW$、$\frac{1}{2}BbZ^AW$、$\frac{1}{4}bbZ^AW$）和灰翅直触角雄蛾（基因型为 bbZ^AZ^a）杂交，子代中表现为白翅直触角个体（$_bZ^AW$、BbZ^AZ^-）所占比例为$\frac{1}{2}\times\frac{1}{2}+\frac{1}{2}\times\frac{1}{2}=\frac{1}{2}$。

考点 12 ▸ 致死现象

28.（除标注外，每空 1 分，共 11 分）

（1）单瓣花　单瓣花乙自交出现单瓣∶重瓣=3∶1 的性状分离比（或单瓣花自交后代出现性状分离，新出现的性状为隐性，2 分）　（2）含单瓣基因的花粉（精子）致死或含单瓣基因的卵细胞（2 分）　（3）丙　乙　若丙作为父本为正交，产生的子代表型及比例为单瓣花∶重瓣花=1∶1，反交产生的子代表型及比例为单瓣花∶重瓣花=3∶1，则说明基因型为 D 的花粉（精子）致死；若丙作为父本为正交，产生的子代表型及比例为单瓣花∶重瓣花=3∶1，反交产生的子代表型及比例为单瓣花∶重瓣花=1∶1，则说明基因型为 D 的卵细胞致死（4 分）

【解析】（1）单瓣花乙自交出现单瓣∶重瓣=3∶1 的性状分离比，说明单瓣花是显性性状。

（2）单瓣丙自交子代出现了重瓣，说明丙的基因型是 Dd，但自交子代单瓣花∶重瓣花=1∶1，说明存在致死现象，推测可能是含单瓣基因 D 的配子致死，即可能是含单瓣基因的花粉（精子）致死或含单瓣基因的卵细胞致死。

（3）若要设计实验验证上述推测，即要验证是丙产生含 D 的花粉（精子）致死还是丙产生含 D 的卵细胞致死，那么可以采用丙（Dd）和乙（Dd）进行正反交实验。若丙（Dd）作为父本为正交，产生的子代表型及比例为单瓣花∶重瓣花=1∶1，反交产生的子代表型及比例为单瓣花∶重瓣花=3∶1，则说明父本丙（Dd）产生的基因型为 D 的花粉（精子）致死；若丙（Dd）作为父本为正交，产生的子代表型及比例为单瓣花∶重瓣花=3∶1，反交产生的子代表型及比例为单瓣花∶重瓣花=1∶1，则说明母本丙（Dd）产生的基因型为 D 的卵细胞致死。

29.（除标注外，每空 2 分，共 14 分）

（1）常（1 分）　F_2 全翅∶残翅=3∶1 且雌雄比例为 1∶1　AAX^BX^B、aaX^bY　$\frac{2}{3}$　（2）①X（1 分）　3　$AAX^{bE}Y$　②$\frac{1}{28}$

【解析】(1)根据长翅和残翅杂交所得的 F_1 全为长翅可知,全翅为显性,残翅为隐性。F_2 全翅∶残翅=3∶1 且雌雄比例为 1∶1,说明 A/a 位于常染色体上;F_2 中小翅只有雄性,可知 B/b 位于 X 染色体上,且长翅为显性,小翅为隐性。根据上述分析可知,亲代雌果蝇基因型为 AAX^BX^B,雄果蝇基因型为 aaX^bY,F_1 基因型为 AaX^BX^b,AaX^BY,相互交配,F_2 基因型及占比为 $\frac{1}{16}AAX^BX^B$、$\frac{1}{16}AAX^BX^b$、$\frac{2}{16}AaX^BX^B$、$\frac{2}{16}AaX^BX^b$、$\frac{1}{16}aaX^BX^B$、$\frac{1}{16}aaX^BX^b$、$\frac{1}{16}AAX^BY$、$\frac{1}{16}AAX^bY$、$\frac{2}{16}AaX^BY$、$\frac{2}{16}AaX^bY$、$\frac{1}{16}aaX^BY$、$\frac{1}{16}aaX^bY$,其中长翅雌果蝇有 $\frac{1}{16}AAX^BX^B$、$\frac{1}{16}AAX^BX^b$、$\frac{2}{16}AaX^BX^B$、$\frac{2}{16}AaX^BX^b$,长翅雄果蝇有 $\frac{1}{16}AAX^BY$、$\frac{2}{16}AaX^BY$,长翅果蝇相互交配,产生的雌配子类型及概率为 $\frac{1}{2}AX^B$、$\frac{1}{6}AX^b$、$\frac{1}{4}aX^B$、$\frac{1}{12}aX^b$,雄配子类型及概率为 $\frac{1}{3}AX^B$、$\frac{1}{6}aX^B$、$\frac{1}{3}AY$、$\frac{1}{6}aY$,所以 F_2 长翅果蝇相互交配,根据棋盘法可得,后代雄果蝇中长翅个体所占的比例为 $\frac{2}{3}$。

(2)①由于 F_1 没有出现性反转个体,F_1 雌雄个体随机交配,F_2 雌、雄果蝇个体数比例为 7∶9,说明基因型 ee 在性反转前雌性中出现的概率为 $\frac{1}{8}$,若 E/e 基因位于常染色体上,那么 F_2 中基因型 ee 的概率为 $\frac{1}{8}$,由于 F_1 是随机交配,$ee=e\times e=\frac{1}{8}$,这不符合常染色体遗传规律,所以 E/e 基因不可能位于常染色体上,可能位于 X 染色体上,由于 F_1 没有性反转个体出现,所以亲本基因型组合为 $X^EX^E\times X^eY$ 或 $X^EX^e\times X^EY$,若基因型组合为 $X^EX^E\times X^eY$,则 F_2 无法出现性反转个体,不符合题意,故雌性亲本基因型为 X^EX^e,雄性亲本基因型为 X^EY。又因为亲本为一只长翅雌蝇与一只小翅雄蝇,且 F_2 没有残翅个体,所以长翅雌蝇基因型为 AAX^BX^B 或者 AAX^BX^b,小翅雄蝇基因型为 AAX^bY;综上,亲代雌果蝇的基因型可能有 $AAX^{BE}X^{Be}$、$AAX^{BE}X^{be}$ 或 $AAX^{Be}X^{bE}$3 种,亲代雄果蝇的基因型为 $AAX^{bE}Y$。

②不育个体基因型为 X^eX^e,F_2 可育雌果蝇基因型及占比为 $\frac{3}{7}X^EX^E$、$\frac{4}{7}X^EX^e$,可育雄果蝇基因型及占比为 $\frac{6}{8}X^EY$、$\frac{2}{8}X^eY$(不育雄蝇 X^eX^e 不参与交配)。产生的配子中,雌配子 X^E 的概率为 $\frac{3}{7}\times1+\frac{4}{7}\times\frac{1}{2}=\frac{5}{7}$,$X^e$ 的概率为 $\frac{4}{7}\times\frac{1}{2}=\frac{2}{7}$,雄配子 X^E 的概率为 $\frac{6}{8}\times\frac{1}{2}=\frac{3}{8}$,$X^e$ 的概率为 $\frac{2}{8}\times\frac{1}{2}=\frac{1}{8}$。后代中基因型 X^eX^e 的概率为 $\frac{2}{7}\times\frac{1}{8}=\frac{1}{28}$,即不育个体所占比例为 $\frac{1}{28}$。

考点 13 ▸ 探究特定基因是否位于特定染色体上

30.(除标注外,每空 1 分,共 13 分)

(1)黑斑　常染色体　F_1 雌雄小鼠的表型及比例为黑斑∶白斑=3∶1,说明该性状与性别无关(2 分)　(2)$\frac{1}{2}$　遵循

(3)AaX^BX^b　让 F_1 中的短尾雌鼠与长尾雄鼠作为亲本杂交,观察其后代的表型及比例(2 分)　后代雌鼠均为长尾、雄鼠均为短尾　基因 B/b 位于 X 染色体上　后代雌雄鼠的表型及比例均为长尾∶短尾=1∶1　基因 B/b 位于常染色体上

【解析】(1)根据题干信息可知,F_1 雌雄个体中,黑斑∶白斑=(3+3)∶(1+1)=3∶1,说明黑斑对白斑为显性,且基因 A/a 位于常染色体上,实验中亲本关于体色的基因型均为 Aa。

(2)由(1)分析可知,亲本小鼠关于体色的基因型均为 Aa,不考虑 B/b 等其他基因,则 F_1 黑斑小鼠的基因型及占比为 $\frac{1}{3}$AA、$\frac{2}{3}$Aa,其产生的雌雄配子类型及比例均为 A∶a=2∶1,F_1 黑斑雌、雄小鼠随机交配,F_2 的基因型及比例为 AA∶Aa∶aa=4∶4∶1,故 F_2 黑斑小鼠(AA、Aa)中杂合子所占比例为 $\frac{1}{2}$。题干中 F_1 雌雄小鼠均有四种表型,且比例为 3∶1∶3∶1,两对相对性状之比分别是 3∶1 与 1∶1,故这两对基因的遗传遵循自由组合定律。

(3)F_1 小鼠关于尾型的表型及比例为长尾∶短尾=1∶1,长尾对短尾为显性,若基因 B/b 位于常染色体上,则其亲本的基因型为 AaBb 和 Aabb;若基因 B/b 位于 X 染色体上,则其亲代雌性小鼠的基因型为 AaX^BX^b,雄性小鼠的基因型为 AaX^bY。若想要探究基因 B/b 所在位置,可让 F_1 中的短尾雌鼠与长尾雄鼠交配,观察其后代的表型及比例。若基因 B/b 位于 X 染色体上,则短尾雌鼠(X^bX^b)×长尾雄鼠(X^BY)→长尾雌鼠(X^BX^b)、短尾雄鼠(X^bY),即后代雌鼠均为长尾、雄鼠均为短尾;若基因 B/b 位于常染色体上,则短尾雌鼠(bb)×长尾雄鼠(Bb)→长尾鼠(Bb)、短尾鼠(bb),即后代雌雄鼠的表型及比例均为长尾∶短尾=1∶1。

31.(每空 2 分,共 14 分)

(1)伴 Z 染色体隐性遗传　实验②黑色个体的性别比例　(2)3　F_2 黑色个体中都含有 P_2 的 SSR1　F_1 在减数分裂Ⅰ前期发生染色体片段互换,产生了含黑色基因和 P 的 SSR1 连锁(互换)的配子和含黑色基因和 P_2 的 SSR1 连锁(正常)的配子

(3)BBZ^aW、bbZ^AZ^A　1∶2∶1

【解析】(1)实验①F_1 全为野生型,F_2 出现黑色性状,即黑色为隐性性状,且黑色仅出现在雌性中,结合亲本为纯合品系,可推测 P_1 品系黑色性状的遗传方式为伴 Z 染色体隐性遗传。要判断 P_2 的突变基因是否也在 Z 染色体上,最直接的方法是统计实验②黑色个体的性别比例。如果 P_2 的突变基因在常染色体上,那么实验②F_2 的黑色个体中雌雄比例应为 1∶1,如果 P_2 的突变基因也在 Z 染色体上,则实验②F_2 黑色个体应均为雌性。

(2)由电泳图谱可知,F_2 黑色个体中都含有 P_2 的 SSR1,而 SSR1 和 SSR2 分别位于家蚕常染色体的 3 号和 1 号上,故推测控制 P_2 品系体色的基因位于 3 号染色体上。由电泳图谱可知,F_2 中只有 15 号个体同时含有两个亲本的 SSR1,推测根本原因是 F_1 在减数分裂Ⅰ前期发生染色体片段互换,产生了含黑色基因和 P 的 SSR1 连锁(互换)的配子和含黑色基因和 P_2 的 SSR1 连锁(正常)的配子,二者结合后发育成 15 号个体。

(3)已知品系 P_1 黑色为伴 Z 染色体隐性遗传,P_2 品系黑色为 3 号常染色体隐性遗传,P_1(黑)×P_2(黑)→F_1 全为野生型,推出 P_1 基因型为 BBZ^aW,P_2 基因型为 bbZ^AZ^A。SSR2 在 1 号染色体上,遗传时遵循分离定律遗传,F_2 中只含 P_1SSR2 条带:同时含 P_1 和 P_2SSR2 条带:只含 P_2SSR2 条带≈1∶2∶1。

考点 14 ▸ 可遗传变异的判断及异常配子成因分析

32.(每空 2 分,共 12 分)

(1)染色体(数目)变异　(减数分裂Ⅰ后期)7 号同源染色体未分离或(减数分裂Ⅱ后期)7 号染色体的两条姐妹染色单体分开后移向细胞同一极　(2)AAa　A∶Aa∶AA∶a=4∶2∶1∶2　(3)不能　当乙植株的基因型为 Aa 或 Aaa 时,子代中抗病植株与感病植株的比例均为 1∶1

【解析】(1)甲植株的三体是 7 号染色体多了一条导致的,属于可遗传变异中的染色体数目变异,产生的原因可能是甲植株的亲本在减数分裂Ⅰ后期 7 号同源染色体未分离或减数分裂Ⅱ后期 7 号染色体的两条姐妹染色单体分开后移向细胞同一极。

(2)由题干可知,甲植株抗病但生长迟缓,且与感病植株(aa)杂交,正反交后代均有感病植株,因此推测甲植株的基因型为 AAa 或 Aaa。根据甲植株作母本时后代感病植株占$\frac{1}{6}$,可知甲植株产生的不含 A 基因的雌配子的概率为$\frac{1}{6}$。根据三体减数分裂时染色体分离规律可知基因型为 AAa 的植株产生雌配子的基因型及比例为 A∶Aa∶AA∶a=2∶2∶1∶1,即只能产生 a 配子,概率为$\frac{1}{6}$,符合题意(而基因型为 Aaa 的植株产生雌配子的基因型及比例为 a∶Aa∶A∶aa=2∶2∶1∶1,产生 a 和 aa 配子的概率为$\frac{1}{2}$,不符合题意),即甲植株基因型为 AAa。甲植株作父本时,产生的雄配子的基因型及比例为 A∶Aa∶AA∶a=2∶2∶1∶1,染色体数目异常的雄配子均只有 50%能完成受精,故甲植株作父本时产生的可育配子的基因型及比例为 A∶Aa∶AA∶a=4∶2∶1∶2,可育的 a 配子的概率为$\frac{2}{9}$,符合杂交组合①的子代表型比例。

(3)根据题意,让杂交组合②子代某抗病的植株乙作为母本与感病植株(aa)杂交,乙植株的基因型可能为 Aa、AAa 和 Aaa。当乙植株的基因型为 Aa 时,其产生的雌配子种类及比例为 A∶a=1∶1,杂交所得后代基因型及比例为 Aa∶aa=1∶1,即抗病植株∶感病植株=1∶1;当乙植株的基因型为 Aaa 时,其产生的雌配子种类及比例为 A∶aa∶a∶Aa=1∶1∶2∶2,杂交子代中抗病植株∶感病植株=1∶1。因此仅根据该杂交无法确定乙植株的基因型。

33.(除标注外,每空 2 分,共 12 分)

(1)染色体(结构)变异(1 分)　BE、Be、Bb、bE、be、Ee(1 分)　$\frac{1}{3}$　(2)长翅灰体∶残翅黑檀体=7∶1　$\frac{6}{7}$　(3)DdX^FX^f、DdX^fY^F　ddX^fX^f

【解析】(1)题图中 2 号染色体上的片段和 3 号染色体上的片段发生了交换,非同源染色体上的片段交换称为易位,变异类型属于染色体(结构)变异。F_1 的基因型是 BbEe,形成配子时,四条染色体随机两两分离,产生的配子基因型为 BE、Be、Bb、bE、be、Ee,其中含有 2 号、3 号染色体全部遗传信息的配子为 BE 和 be,占$\frac{1}{3}$。

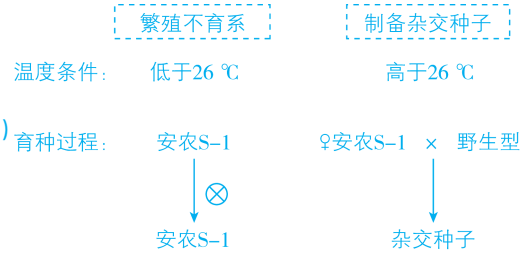
(2)已知如果受精卵的 2 号或 3 号染色体同源片段存在缺失或增加,则受精卵停止发育,因此能够存活的基因型只有 BBEE、bbee 和 BbEe,F_1 雌雄个体均产生 BE、Be、Bb、bE、be、Ee 六种比例相同的配子。其中每种雄配子均能找到对应的雌配子形成基因型为 BbEe 的子代,共 6 份,再加上 BBEE、bbee 各 1 份。因此存活个体的表型及比例为长翅灰体∶残翅黑檀体=7∶1,长翅灰体果蝇中易位杂合体(BbEe)的比例为$\frac{6}{7}$。

(3)将表格中的数据约分可得表型比例,若不考虑性别,为 9∶3∶3,若考虑性别,雌性为 3∶3∶1,雄性为 3∶1,为 9∶3∶3∶1 的变式,推测棒眼分叉毛雌性原本有 1 份,但由于致死消失。补全致死后可得,雌雄中圆眼∶棒眼均为 3∶1,可知基因 D/d 位于常染色体上,圆眼为显性,亲本基因型均为 Dd;雌性直毛∶分叉毛≈1∶1,雄性均为直毛,可知基因 F/f 位于性染色体上,直毛为显性,且亲本均为杂合子。根据子代雄性均为显性可知,Y 染色体上携带了显性基因 F,因此可知亲本基因型为 X^FX^f 和 X^fY^F。综上所述,亲本圆眼直毛雌雄果蝇的基因型为 DdX^FX^f、DdX^fY^F,子代中棒眼分叉毛雌性(基因型为 ddX^fX^f)个体致死。

考点 15 ▸ 遗传变异在育种方面的应用

34.(除标注外,每空 2 分,共 12 分)

(1)自花传粉(1分)　母本(1分)　(2)育性正常和雄性不育是一对相对性状,受一对等位基因控制,该相对性状的遗传符合分离定律,雄性不育为隐性性状(答出2条即可)　(3)



或者低于26 ℃条件下安农S-1自交获得安农S-1;高于26 ℃条件下,以安农S-1作为母本与野生型杂交,收获的种子就是杂交种子。(3分)　(4)设计思路:在低于32 ℃时将突变体t1和t2杂交,在温度高于32 ℃时检测F_1育性;预期结果:F_1表现为雄性不育(3分)

(5)不是,与安农S-1相比,突变体t1和t2的雄性不育起点温度更高,偶遇低温天气时,更容易由雄性不育转变为雄性可育,从而能够自交,降低杂交种子的纯度

【解析】(1)水稻花是两性花,杂交实验中,为了防止母本自花传粉,须对母本进行人工去雄。科学家发现的安农S-1温敏不育系突变体水稻在温度高于26 ℃时表现为花粉败育,因此该品系在温度高于26 ℃时不能产生可育的雄配子,故在温度高于26 ℃条件下杂交时只能作为母本。

(2)温度高于26 ℃时安农S-1表现为雄性不育,将野生型(育性正常)与安农S-1杂交,F_1均为育性正常,F_1自交后代中育性正常∶雄性不育=3∶1,说明育性正常和雄性不育是一对相对性状,受一对等位基因控制,该相对性状的遗传符合分离定律,且雄性不育为隐性性状。

(3)安农S-1温敏不育系突变体水稻在温度高于26 ℃时表现为花粉败育,说明其在温度低于26 ℃时表现为雄性可育,若要利用安农S-1和野生型水稻繁殖不育系、制备杂交种子,可让安农S-1在低于26 ℃条件下自交获得安农S-1以繁殖不育系;以安农S-1作母本,与野生型在高于26 ℃的条件下杂交繁育后代,即可获得杂交种子。图示制备过程详见答案。

(4)若t1和t2是同一基因隐性突变引起的雄性不育,则t1和t2均为隐性纯合子,即不含可育基因,可在低于32 ℃时将突变体t1和t2杂交,在温度高于32 ℃时检测F_1育性,若F_1表现为雄性不育,则说明t1和t2是同一基因突变引起的雄性不育。

(5)与安农S-1相比,由于突变体t1和t2表现花粉败育的起点温度更高,偶遇低温天气时,更容易由雄性不育转变为雄性可育,从而能够自交,降低杂交种子的纯度,因此与安农S-1相比,突变体t1和t2更不利于制种。

35.(除标注外,每空1分,共10分)

(1)自由组合　间接　(2)A　a　(3)丙　甲　丙　若F_1作母本,由于含A基因的雌配子无法接受含a基因的雄配子而不能结实,无法获得异交不亲和的糯性玉米(2分)　(4)单倍体育种

【解析】(1)两对基因A/a与B/b独立遗传,因此这两对基因在减数分裂过程中遵循基因的自由组合定律(同时也遵循分离定律)。基因通过控制相关酶的合成来调节代谢过程,进而控制生物体的性状,这属于间接调控。

(2)由题意可知,A、a是与结实有关的基因,第④组父本为丙(aabb),母本为甲(AABB),因此推测第④组不结实的原因是甲产生的基因型为A的雌配子(AB)与丙产生的基因型为a的雄配子(ab)在结合时存在生殖障碍。

(3)异交不亲和且能稳定遗传的糯性玉米新品种基因型为AAbb:只能产生含A的雌配子,当接受其他玉米(如含a)的花粉时,会因异交不亲和而无法结实,从而避免了“串粉”现象,同时纯合子AAbb能稳定遗传,且表现为糯性。为培育该新品种,以甲、乙、丙三类玉米为材料进行选育工作。第一步:目标获得F_1的基因型为AaBb,则可用甲与丙杂交,丙(aabb)作母本时,其含a的雌配子可接受父本甲(AABB)含A的雄配子,能顺利结实,因此以丙为母本,甲为父本杂交,获得F_1。第二步:再用丙与F_1植株杂交得F_2,若F_1作母本,由于含A基因的雌配子无法接受含a基因的雄配子而不能结实,无法获得异交不亲和的糯性玉米,所以应以丙作母本。

(4)杂交育种的育种周期长,利用单倍体育种可缩短育种时间,加快育种进程,即将上述方案中F_1(AaBb)产生的花药(或花粉)进行离体培养获得单倍体,再用秋水仙素处理单倍体幼苗,筛选出异交不亲和的糯性玉米新品种。

考点16 ▸ 遗传信息的传递及“方向性”问题

36.(除标注外,每空1分,共8分)

(1)3′→5′方向　(2)相同　这些核糖体结合的是同一条mRNA,以同一条mRNA为模板翻译出来的多肽链的氨基酸排列顺序相同(2分)　b端　(3)减少　避免物质和能量的浪费,使细胞内的资源得到更合理的利用(2分)

【解析】(1)转录时,RNA聚合酶与启动子结合,沿DNA模板链的3′→5′方向移动(转录时RNA的延伸方向是5′→3′),从而驱动基因转录。

(2)题述核糖体翻译出来的多肽相同,原因是这些核糖体结合的是同一条mRNA,以同一条mRNA为模板翻译出来的多肽链的氨基酸排列顺序相同。核糖体沿mRNA的5′端向3′端移动,题图2中“瞬时碰撞”使翻译停顿的核糖体向b端移动,且后续该核糖体更靠近b端,说明核糖体在该mRNA上是从左向右移动的,即b端是mRNA的3′端。

(3)由题图1可知,当细胞中的rRNA缺乏时,RBS被封闭,RP1、RP2、RP3等蛋白质的合成会减少,其生物学意义是避免物质和能量的浪费,使细胞内的资源得到更合理的利用。

37.(除标注外,每空1分,共11分)

(1)2　(2)X^BX^b　$\frac{1}{2}$　(3)Aa×Aa　$\frac{1}{9}$　(4)核糖体　mRNA　少量的mRNA分子可以迅速合成大量的蛋白质,提高翻译的效率(2分)　(5)$\frac{1}{6}$　(6)DNA复制

【解析】(1)将A—T与T—A视为同一种配对方式时DNA分子中碱基互补配对方式有A—T、G—C,共2种。

(2)红眼雄果蝇基因型为X^BY,红眼雌果蝇与红眼雄果蝇杂交,子代出现白眼雄果蝇(X^bY),说明亲本雌果蝇携带白眼(b)基因,基因型为X^BX^b;子代红眼雌果蝇的基因型及比例为X^BX^B∶X^BX^b=1∶1,其中纯合子所占比例为$\frac{1}{2}$。

(3)由题意可知,两只灰身果蝇杂交,子代灰身∶黑身=3∶1,符合杂合子自交的性状分离比,因此亲本基因型组合为Aa×Aa;子代灰身果蝇中AA基因型个体占$\frac{1}{3}$,Aa基因型个体占$\frac{2}{3}$,自由交配时只有Aa×Aa能产生黑身后代,故子代灰身果蝇自由交配,后代中黑身果蝇的占比为$\frac{2}{3}\times\frac{2}{3}\times\frac{1}{4}=\frac{1}{9}$。

(4)翻译的场所是核糖体,密码子位于mRNA分子上;一条mRNA上可相继结合多个核糖体,使少量的mRNA分子可以迅速合成大量的蛋白质,提高翻译效率。

(5)Aa×Aa的子代中,灰身个体中基因型AA占$\frac{1}{3}$;$X^BX^b\times X^BY$的子代中,红眼雌果蝇中基因型为X^BX^B的占$\frac{1}{2}$。因此灰身红眼雌果蝇中纯合子(AAX^BX^B)的占比为$\frac{1}{3}\times\frac{1}{2}=\frac{1}{6}$。

(6)基因突变是生物变异的根本来源,基因突变主要发生在DNA复制过程中,对应细胞分裂间期中的DNA复制阶段。

考点17 ▸ 基因表达过程中三个水平的调控

38.(除标注外,每空2分,共11分)

(1)转录(1分)　翻译(1分)　(2)5′-CGAUGCAACCGUUU-3′　(3)RNA聚合酶(1分)　抑制　(4)启动子区域高度甲基化,阻止RNA聚合酶与其结合,抑制转录起始　使用DNA去甲基化剂,去除启动子区域的甲基化,恢复基因转录

【解析】(1)途径1是DNA启动子区域甲基化,影响基因表达的转录过程;途径2是将双链RNA通过酶切割成短小的siRNA,siRNA与蛋白质结合形成复合体,复合体识别与siRNA互补的靶mRNA,并将其切割成片段,从而阻止基因表达的翻译过程。

(2)若siRNA的碱基序列为5′-AAACGGUUGCAUCG-3′,靶mRNA的碱基序列与其反向互补,则mRNA对应部分的碱基序列为5′-CGAUGCAACCGUUU-3′。

(3)组蛋白乙酰化通常使染色质结构松散,有利于RNA聚合酶识别并结合在启动子部位,进行下一步的基因表达;而当去乙酰化酶活性过高时,染色质处于紧密状态,从而抑制相关基因的表达。

(4)某遗传病患者的致病基因未发生突变,但该基因的启动子区域发生高度甲基化,符合表观遗传现象,该患者致病基因“沉默”的具体过程是启动子区域高度甲基化,阻止RNA聚合酶与其结合,抑制转录起始;若要恢复该基因的表达,可在分子水平采取干预的思路是使用DNA去甲基化剂,去除启动子区域的甲基化,恢复基因转录。

39.(除标注外,每空2分,共12分)

(1)胞嘧啶(1分)　RNA聚合酶(1分)　(2)上升　减弱　(3)干旱环境下,基因A甲基化频率上升,导致其表达受阻,转录抑制因子表达量降低,对抗旱基因的抑制作用减弱,使抗旱基因的表达量显著增加(须答出转录抑制因子对抗旱基因的抑制作用)　抗旱基因表达量增加,增强植物对干旱环境的适应性　(4)农业生产方面:调控干旱地区植物DNA甲基化水平,调节抗旱基因高效表达,培育抗旱性强的作物品种,保障粮食生产供应。生态保护方面:在生态脆弱的干旱区域,调控DNA甲基化水平以提升本土植物的抗旱能力,提高植被覆盖率,改善区域生态环境(答出1点即可)

【解析】(1)据题图1分析可知,DNMT(DNA甲基转移酶)催化DNA甲基化的直接底物是DNA分子上的胞嘧啶(C);DNA甲基化修饰会阻碍RNA聚合酶与启动子的识别与结合,从而抑制基因转录。

(2)由题图2可知,某植物种群繁殖第5代后环境温度骤升,基因A甲基化频率从40%骤增至约65%,且后续世代中基因A甲基化频率持续上升,说明环境温度升高后,A基因的甲基化频率呈现上升趋势。由题干信息“转录抑制因子基因A的表达产物可特异性结合抗旱基因的启动子”可知,基因A的表达产物是转录抑制因子,会抑制抗旱基因的表达。基因A的甲基化频率越高,基因A的表达越受抑制,其表达的转录抑制因子就越少。转录抑制因子减少,对抗旱基因启动子的结合能力减弱,对抗旱基因的抑制作用就会减弱。

(3)干旱环境通常伴随着较高的温度,温度升高导致基因A的甲基化频率上升,抑制基因A的转录,其编码的转录抑制因子表

达量降低。转录抑制因子减少，对抗旱基因的转录抑制减弱，使抗旱基因的表达量显著增加。抗旱基因表达量增加，即会合成更多与抗旱相关的蛋白质，帮助植物维持细胞渗透压，减少水分流失，保护细胞结构，从而增强植物对干旱环境的适应能力，提高植物在干旱条件下的存活率，利于种群在干旱环境中的生存和繁衍。

(4) DNA 甲基化是可调控的表观遗传修饰，不改变基因序列，仅改变基因表达及表型，因此在农业和生态领域有重要应用。农业生产方面：调控干旱地区植物 DNA 甲基化水平，调节抗旱基因高效表达，培育抗旱性强的作物品种，保障粮食生产供应。生态保护方面：在生态脆弱的干旱区域，调控 DNA 甲基化水平以提升本土植物的抗旱能力，提高植被覆盖率，改善区域生态环境。

考点 18 ▸ 基因功能的探究

40. (每空 2 分，共 12 分)

(1) $\frac{7}{8}$　(2)①第一组存活的 F_1 含有 a 基因的成体数小于不含 a 基因的成体数，第二组存活的 F_1 含 a 基因成体数的占比高于第一组　T_A 群体中存在插入两个及以上 a 基因的个体，产生含有 a 基因配子的比例大于 $\frac{1}{2}$　②C、E、A、C(或 C、E、C、A)

(3)品系 1(♂)×甲(♀)→所得 F_1 自交，选择 F_2 中雄性不育个体作母本与品系 1 杂交→…→获得具有品系 1 优良性状的雄性不育株　将步骤一所得植株作母本和步骤二所得植株作父本杂交获得子代

【解析】(1)由题意可知，根据实验结果推测出丙产生了新的显性突变基因 B，使雄性不育基因 a 导致的不育性状得以恢复，且两基因位于非同源染色体上，又因为甲为纯合雄性不育植株，且携带雄性不育基因 a，则植株甲的基因型为 aabb，植株甲与野生型杂交产生的后代均可育，可推知野生型基因型为 AAbb，植株甲与野生型杂交所得存活的 F_1 基因型为 Aabb；植株甲与丙杂交产生的后代均可育，则丙的基因型为 AABB，甲与丙杂交产生的 F_1 基因型为 AaBb，故甲和野生型杂交所得存活的 F_1 与甲、丙杂交得到的 F_1 杂交，即 Aabb×AaBb，产生的子代基因型为 AABb、AAbb、AaBb、Aabb、aaBb、aabb，子代雄性不育幼苗(aabb)所占的比例为 $\frac{1}{4}\times\frac{1}{2}=\frac{1}{8}$，则子代中雄性可育幼苗占比为 $1-\frac{1}{8}=\frac{7}{8}$。

(2)由题意可知，野生型拟南芥的基因型为 AAbb，纯合子 T_B 不含 b 基因。①分析实验结果可得，杂交组合一产生的存活的 F_1 中，含有 a 基因的成体数小于不含 a 基因的成体数，说明 a 基因引起部分子代死亡，含有 a 基因但不含有 B 基因的成体数所占比例为 $\frac{95}{630}$；杂交组合二产生的存活的 F_1 中，含有 a 基因同时含有 B 基因的成体数所占比例为 $\frac{415}{607}$，$\frac{95}{630}<\frac{415}{607}$，说明 B 基因可抑制 a 基因的作用。第二组存活的 F_1 中含有 a 基因的成体数比例超过 $\frac{1}{2}$ 的原因可能是 T_A 群体中存在插入两个及以上 a 基因的个体，产生含有 a 基因配子的比例大于 $\frac{1}{2}$。②植物中核蛋白 N 与叶绿体发育有关。新的研究发现，a 基因的表达产物可与核蛋白 N 形成复合体。本实验的目的是验证 B 基因通过抑制 a 基因的表达而解除 a 对 N 的影响，因此实验的自变量为拟南芥种类和导入基因的种类，因变量是叶绿体的发育情况，Ⅰ~Ⅳ应依次填写 C、E、A、C(或C、E、C、A)。

(3)现有两个具有某优良性状的品系 1 和 2，科研人员利用甲和丙进行杂交实验，获得兼具品系 1、2 优良性状的杂种植株，同时避免后代白化，由于需要将两个品种的优良性状集中到一个个体上，因而需要通过杂交育种实现。在相关的育种流程中，甲表现为雄性不育，因而在杂交育种的过程中只能作为母本，因此步骤一：选择品系 1(♂)×甲(♀)→所得 F_1 自交，选择 F_2 中雄性不育个体作母本与品系 1 进行连续回交，进而获得具有品系 1 优良性状的雄性不育株。步骤二：品系 2×丙→所得子代经 PCR 鉴定，选择有 B 基因的 F_1 与品系 2 进行多次回交，获得 B 基因纯合兼具品系 2 优良性状的植株。步骤三：将步骤一所得植株(雄性不育)作母本和步骤二所得植株作父本杂交获得子代，即可获得目标类型。