

标准答案

遗传方式为伴 X 染色体的隐性遗传。

全部雌禽可以保留，雄禽要进一步淘汰。

让雄禽与表型正常的雌禽进行杂交，如果后代出现白化个体，则该雄禽可以淘汰掉。

例题 10：一个没有血友病的男人与表型正常的女人结婚后，有了一个患血友病和 Klinefelter's 综合征的儿子。说明他们两人的染色体组成和基因型。

知识要点

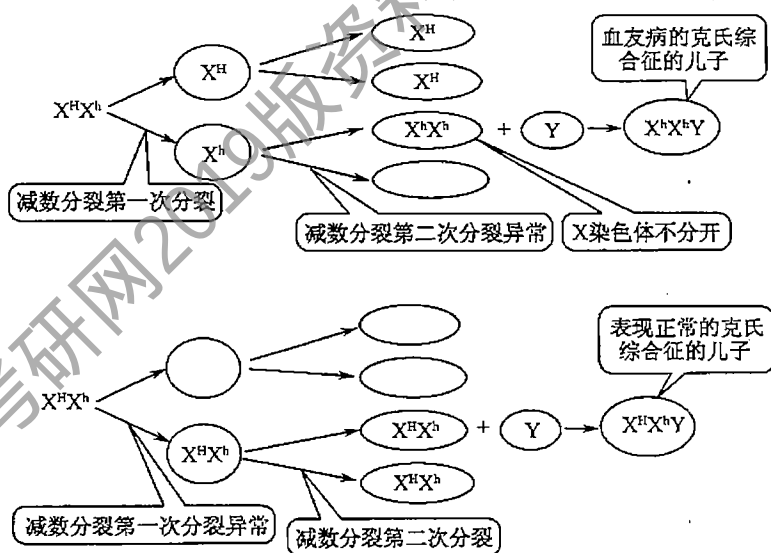
1. 血友病的遗传特点：伴 X 的隐性遗传。
2. 克氏 (Klinefelter's) 综合征的染色体组成 47, XXY。
3. 人的精卵形成过程。

解题思路

患血友病的克氏 (Klinefelter's) 综合征的儿子的染色体组成和基因型一定是 X^hX^hY 。

表型正常的女子的染色体组成和基因型为 X^HX^h 。

没有血友病的男人染色体组成和基因型为 X^HY 。



标准答案

女的染色体组成和基因型是 X^HX^h ，男的染色体组成和基因型是 X^HY 。

例题 11：红绿色盲是 X 连锁隐性遗传的，一个家庭中有两名色盲的女儿和一个

正常的儿子，问双亲的基因型和表型是什么？他们再生两名孩子都是色盲的概率是多少？（南开大学 2003 年考研试题）

知识要点

1. 色盲的遗传方式是伴 X 的隐性遗传。
2. 伴性遗传概念及特点（见例题 2）。

解题思路

根据色盲是伴 X 的隐性遗传的特点，由于女儿的两个 X 染色体一个来自父亲一个来自母亲，所以他们的父母均带有一个色盲基因，即他们的父亲是色盲患者，基因型是 X^aY 。由于儿子是正常的说明其母亲另一个 X 染色体上携带正常的色觉基因，因此其母亲是色盲基因的携带者，基因型是 X^AX^a 。

根据双亲的基因型，可以看出他们生一个孩子患色盲的概率为 $1/2$ ，因此若生两个孩子都是色盲的概率即为 $1/4$ 。

标准答案

父亲基因型为 X^aY ，表现型为色盲。

母亲基因型为 X^AX^a ，表现型为正常。

两名孩子都是色盲的概率为 $1/4$ 。

【试题荟萃】

一、名词解释

1. 异配性别 (heterogametic sex) (中国科学院昆明植物所 2001 年考研试题)
2. 伴性遗传 (sex-linked inheritance) (中国科学院昆明植物所 2002 年、云南大学 2003 年考研试题)
3. 同配性别 (homogametic sex) (南开大学 2000、2003 年考研试题)
4. 剂量补偿效应 (dosage compensation effect)
5. X 小体 (X body)
6. 性反转 (sex reversal)
7. 从性遗传 (sex-influenced inheritance)
8. 限性遗传 (sex-limited inheritance)

二、填空题

1. 人的兔唇在男性中为显性，在女性中为隐性，因此两个杂合双亲的儿子有兔唇的概率是_____，所有孩子中有这种性状的概率是_____。（北京师范大学 2002 年考研试题）

2. 生物体的性别决定方式有多种类型，试确定下列个体的性别：人类 XXY _____，XO _____；果蝇 AAXXY _____，AAXY _____，AAAXX _____；鸡 ZW _____。（北京师范大学 1999 年考研试题）

3. 二倍体蜜蜂 $2n=32$ ，则在形成雌配子和雄配子的过程中，可以看到二倍体数目分别是 _____ 和 _____。（北京师范大学 2000 年考研试题）

4. 蜜蜂蜂王的神经细胞内含有 32 条染色体，它所产生的卵母细胞内具有 _____ 条染色体；卵细胞中具有 _____ 条染色体；工蜂的神经细胞内具有 _____ 条染色体；雄蜂的神经细胞内含有 _____ 条染色体；它所产生的精子中具有 _____ 条染色体。（河南师范大学 2004 年考研试题）

5. 人类某一性状在男女中都有表现，但是在男性中比例较高，此为 _____ 遗传。若此性状在男女中都有表现，只是在女性中比例较高，此为 _____ 遗传。（河南师范大学 2001 年考研试题）

6. 一血友病男性患者的正常女儿与一正常男性结婚，预计所生的第一和第二个小孩都患血友病的概率为 _____。（中山大学 2004 年考研试题）

7. 一个父亲是色盲而本人色觉正常的女人，与一个色盲男人结婚，他们生了一个儿子和一个女儿，儿子和女儿是色盲的概率分别是 _____ 和 _____。（上海师范大学 2005 年考研试题）

8. 单倍体雄蜂形成单倍性精子的方式是 _____。（中国科学院水生生物所 2000 年考研试题）

9. 家鸡羽毛有无条纹是性连锁遗传的，无条纹的是隐性，用无条纹的雄性与条纹雌性杂交，所有雄性后代都是 _____。（南开大学 2002 年考研试题）

10. 一雌蜂和雄蜂交配产生 F_1 代，在 F_1 代雌雄个体交配产生的 F_2 代中，雄蜂基因型共有 AB、Ab、aB、ab 四种。雌蜂的基因型共有 AaBb、Aabb、aaBb、aabb 四种，则两个亲本的基因型分别是 _____ 和 _____。（上海师范大学 2005 年考研试题）

11. 母鸡有时会发生性反转而变成公鸡。如令这性反转形成的公鸡与正常母鸡交配，预期其子代中两性的基因为 _____ 其比例为 _____（无 Z 染色体的卵不能孵化）。

三、判断题

1. 雄果蝇和雄蚕的连锁基因在形成配子时都不能产生重组。（ ）（南京师范大学 2004 年考研试题）

2. 人的 Y 染色体不带任何基因，因此 XY 染色体间不能配对。（ ）（河南师范大学 2000 年考研试题）

3. 表型与性别有关的性状，其基因不一定都位于性染色体上。（ ）（河南师范大学 2001 年考研试题）

4. 两只芦花鸡交配，后代有半数的母鸡为非芦花鸡，说明亲本公鸡是杂合体。() (中山大学 2004 年考研试题)
5. X 染色体数与常染色体组数之比称性指数，所有 XY 型生物都由性指数的大小决定性别状态。() (中山大学 2004 年考研试题)
6. 人类同卵双生中，姐妹间的差异往往要大于兄弟之间的差异。() (中山大学 2005 年考研试题)
7. 两个色盲的双亲不可能生出正常的女儿，而两个表型正常的双亲则有可能生育出色盲的儿子。() (中国科学院昆明植物所 2002 年考研试题)
8. 生物的性别只取决于性染色体，而不属于常染色体遗传。() (中国海洋大学 2004 年考研试题)
9. Turner's 综合征患者的发生率要比 Klinefelter's 综合征患者的发生率要高。() (中国科学院等离子体物理研究所 2004 年考研试题)
10. 性连锁是由于性染色体上的基因和位于常染色体上的基因交换的结果。()
11. 人类的秃顶只在男性中表现，可见是属于伴性遗传。()
12. 母亲色盲父亲正常，所生男孩正常而女孩色盲。()
13. 我国电视台曾报道 1988 年 2 月某地一农家，一只阉公鸡生下了七只蛋的消息，根据我们所学的遗传学知识，可知是由于该公鸡发生了基因型改变的结果。()

四、选择题

1. 下列性别畸形个体的体内相对不含雄性激素的是()。(徐州师范大学 2005 年考研试题)
- A. 睾丸女性化综合征 B. Klinefelter's 综合征
C. XYY 综合征 D. Turner's 综合征
2. 如果想知道成年人是否是 XXY 型，最简单的方法是()。(河南师范大学 2004 年考研试题)
- A. 取羊水细胞进行 X 质体和 Y 质体检查 B. 取口腔黏膜细胞进行上述检查
C. 取成纤维细胞进行上述检查 D. 取血细胞进行上述检查
3. 对性染色体的研究表明，人类性别决定是由()控制的。(中国科学院水生生物所 2001 年考研试题)
- A. 是否有 Y 染色体 B. X 染色体对常染色体的比率
C. Y 染色体对常染色体的比率 D. X 染色体对 Y 染色体的比率
4. 白眼雌蝇与红眼雄蝇杂交，后代出现白眼雌蝇的概率是()。
- A. 1 B. 1/2 C. 1/4 D. 0
5. 一个女人的父亲是色盲，她的兄弟中有两人和一个舅舅是血友病患者如

果这个女人有一个血友病的患儿，则她的基因型必定是什么？()

- A. $X^{BH}X^{BH}$ B. $X^{Bh}X^{BH}$ C. $X^{BH}X^{bh}$ D. $X^{Bh}X^{BH}$

6. 睾丸女性化是()。

- A. X-连锁隐性遗传 B. 常染色体隐性遗传
C. X-连锁显性遗传 D. 常染色体显性遗传

7. 外耳道多毛症是一种遗传病，父亲是患者，则儿子全是患者，女儿全正常。此遗传病基因是()。

- A. 位于X染色体上的显性基因 B. 位于Y染色体上的隐性基因
C. 位于常染色体上的显性基因 D. 位于常染色体上的隐性基因

8. 一外生殖器异常患者，染色质检查发现有X小体2个，Y小体1个，其核型可能为()。(广州医学院2002年考研试题)

- A. 46, XY B. 47, XXY C. 49, XXXX
D. 48, XXXY E. 47, XYY

9. 纯种芦花雄鸡和非芦花母鸡交配，得到子一代。子一代个体互相交配，问子二代的芦花性状与性别的关系是()。

- A. 雄鸡全为芦花羽，雌鸡 1/2 芦花羽，1/2 非芦花
B. 雌鸡全部为芦花羽，雄鸡 1/2 芦花羽，1/2 非芦花
C. 雄鸡全部为芦花羽，雌鸡 1/2 芦花羽，1/2 非芦花
D. 雌雄鸡均为 1/2 芦花羽，1/2 非芦花

10. 最早用果蝇为材料发现性连锁遗传的科学家是()，发现果蝇的X染色体不分离现象并直接证明遗传的染色体学说的科学家是()。

- A. Bridges, Mendel B. Morgen, Sturtevant
C. Morgen, Bridges D. Bridges, Morgen

五、简答题

1. 简要说明你所知道的性别决定机制。(东北师范大学2001年考研试题)

2. 性别决定的方式有哪几种？(厦门大学1999年考研试题)

3. 在人类中称为色觉白化症的性连锁突变能使男人和纯合女人的视网膜上的色素消失。在杂合女人中视网膜上往往相间分布有色素部分和白化部分，如何解释这种现象？(厦门大学2001年考研试题)

4. 要识别刚孵出的小鸡的性别是很困难的，但是很容易区别它们的羽毛是芦花的还是非芦花的。设：(1) 芦花基因为显性；(2) 鸡的性别决定为ZW型。利用芦花能遗传而且是性连锁的特点，试提出一个能在孵化后立即鉴别出性别的实验方案。(河南师范大学2000年考研试题)

5. 雌性胎生哺乳动物细胞中两条X染色体中的一条在发育早期随机失活，请说明：

(1) 证据。

(2) 细胞学原因。

(3) 分子生物学原因。(东北师范大学 1999 年考研试题)

6. 一个其父亲为色盲的正常女人与一正常男人婚配，预期其子女的类型及比率如何？

7. 在鸡中，羽毛的显色需要显性基因 C 的存在，基因型 cc 的鸡总是白色。我们已经知道，羽毛的芦花斑纹是由伴性（或 Z 连锁）显性基因 B 控制的，而且雌鸡是异配性别。一只基因型是 ccZ^bW 的白羽母鸡跟一只芦花公鸡交配，子一代都是芦花斑纹，如果这些子代个体相互交配，它们的子裔的表型分离比是怎样的？（注：基因型 $C_Z^bZ^b$ 和 C_Z^bW 鸡的羽毛是非芦花斑纹。）

8. 植物 *Lychnis alba* 是雌雄异株。把阔叶雌株与窄叶雄株杂交，得到的 F_1 代雌雄植株都是阔叶的，但 F_2 雄性植株有两种类型——阔叶和窄叶，你怎样解释？哪一个性别是异配性别（ XY ），哪一个性别是同配性别？

9. (1) 双亲都是色盲，他们能生出一个色觉正常的儿子吗？(2) 双亲都是色盲，他们能生出一个色觉正常的女儿吗？(3) 双亲色觉正常，他们能生出一个色盲的儿子吗？(4) 双亲色觉正常，他们能生出一个色盲的女儿吗？

10. 在黑腹果蝇中，有一截刚毛（bobbed bristles）基因存在于 X 和 Y 的同源区域，所以 X 和 Y 上都有这个基因，记作 bb ，它对野生型基因（ $+$ ）为隐性。隐性纯合体的刚毛短而细。如有一截刚毛雌蝇（ $X^{bb}X^{bb}$ ）与纯合体正常刚毛雄蝇（ $X^{+}Y^{+}$ ）交配，问 F_1 和 F_2 的基因型和表型的比例如何？

11. 简述性染色体和常染色体的异同点。

12. 哺乳动物中，雌雄比例大致接近 $1:1$ ，怎样解释？

13. 伴性遗传有何特点？分为几大类？

第六章 细菌与噬菌体遗传

【真题解析】

例题 1：酵母菌的中性小菌落的线粒体 DNA 有缺陷，但决定线粒体的核基因是正常的。分离型小菌落的线粒体 DNA 是正常的，但带有一个决定线粒体有缺陷的隐性核基因。将这样的中性小菌落和分离型小菌落杂交。问：二倍体 F_1 表型是什么？由二倍体细胞产生的子囊孢子发育成的单倍体世代的表型如何？（浙江大学 2000 年考研试题）

知识要点

1. 酵母菌是单细胞子囊菌，它的生活周期中具有形态上相同的单倍体和二倍体世代交替。成熟的二倍体营养细胞可以进行出芽生殖。但在某些环境条件下，二倍体细胞会进行减数分裂，形成单倍体的四个子囊孢子，子囊孢子释放出来后长大形成单倍体成体细胞。

2. 酵母菌二倍体细胞的形成是由两个单倍体的子囊孢子相互结合形成，双方提供等量的核物质和细胞质。正常的核基因、正常的细胞质基因是显性的。

3. 酵母菌的小菌落类型分为分离型小菌落、中性小菌落、抑制型小菌落。分离型小菌落是由于核基因发生了突变，表现为经典的孟德尔式遗传，与野生型大菌落杂交形成的二倍体细胞为正常的，二倍体细胞减数分裂形成的 4 个子囊孢子 $1/2$ 发育成大菌落， $1/2$ 发育成小菌落；中性小菌落是由于细胞质中的线粒体上的基因发生了突变，大多数中性小菌落都没有 mtDNA，与野生型大菌落杂交形成的二倍体细胞为正常的，但此二倍体细胞减数分裂形成的 4 个子囊孢子全部发育成为大菌落；抑制型小菌落是许多突变型的表现，是由于核基因的突变，或者 mtDNA 的突变，或者两方面因素都存在。抑制型小菌落可以在二倍体中表现出来，完全抑制型的可以把二倍体细胞全部转变成小菌落的，也可以把由此产生的四个子囊孢子都转变成小菌落的。

解题思路

1. 根据知识要点 1，此二倍体 F_1 是生活周期中的一个时期；根据知识要点 2 知道此杂交产生的二倍体 F_1 细胞质中有正常线粒体也有不正常线粒体，细胞核中有突变基因也有正常基因，因此，此二倍体 F_1 的表现型为正常大菌落。

2. 根据知识要点 3，此二倍体 F_1 减数分裂形成的四个子囊孢子的细胞质中有正常细胞质也有不正常细胞质，但是，有 2 个子囊孢子的核基因是突变的，有

2 个子囊孢子的核基因是正常的，因此，产生的 4 个子囊孢子的表现型为 2 正常大菌落，2 个小菌落。

标准答案

二倍体 F_1 表型是正常大菌落。

由二倍体细胞产生的子囊孢子发育成的单倍体世代的表型是 2 大菌落，2 小菌落。

解题捷径

分离型小菌落、中性小菌落，只要核中有不正常基因，不管细胞质中有否正常基因，其表型都为小菌落。当核中有正常基因时，质中有正常基因其表型为大菌落，质中没有正常基因其表型为小菌落。

例题 2：给你一条长为 300 个核苷酸的 RNA，你怎样判断它是 tRNA、rRNA 还是 mRNA？它来源于真核生物还是来源于细菌？（中国科学院遗传所 2000 年考研试题）

知识要点

1. 无论真核生物、原核生物的 tRNA 的长度均为 70~90 个核苷酸、原核生物的 5S rRNA 为 120 个核苷酸、16S rRNA 为 1540 个、23S rRNA 为 2900 个；真核生物的 5S rRNA 为 120 个、5.8S rRNA 为 160 个、18S rRNA 为 1900 个、28S rRNA 为 4700 个。

2. 原核生物是边转录边翻译蛋白质，mRNA 边降解，mRNA 片段不容易得到。真核生物是转录后 mRNA 要经过加工，通过核孔转移到细胞质中才进行翻译活动，真核生物的 mRNA 容易得到。

解题思路

1. 根据知识要点 1 可知，此 300 个核苷酸的 RNA 为 mRNA。
2. 根据知识要点 2 推知，此 mRNA 为真核生物的。

标准答案

根据 tRNA、rRNA、mRNA 的长度判断此 RNA 只能为 mRNA。
来源于真核生物。

解题捷径

记住 tRNA、rRNA 的大概长度和原核生物的 mRNA 不易获得。

例题 3：细菌中断杂交实验，Hfr 基因型为 $MNO P$ ， F^- 为 $mno p$ 。试验 I 的结果，基因传递次序为 $M、P、N、O$ ；试验 II 为 $M、O、N、P$ ；试验 III 为 $P、M、O、N$ 。据以上结果，绘出细菌染色体示意图。标明上述基因。另外绘制 3

个细菌的染色体图，分别标明上述三个试验的 F 因子的插入位置和方向。（中国农业大学 1995 年考研试题）

知识要点

1. 基因单方向转移情况下，当某基因有时是第一个转移过去，有时是最后一个转移进去时，说明该生物的染色体为环状的。（已有实验证明细菌的染色体为环状的）。

2. 细菌的基因从 Hfr 到 F^- 为单方向转移，离原点越近的基因转移的越早，否则转移的越晚。

3. Hfr 菌株的形成是由于 F 因子插入到染色体 DNA 中，F 因子插入时的方向、位置是随机的。

4. 细菌的基因转移时是先在 F 因子的原点处断开，然后原点就像火车头一样拉着其他基因进入 F^- 细胞。

解题思路

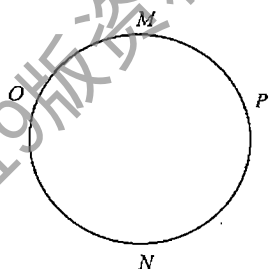
1. 根据知识要点 1，细菌的染色体是环状的。

2. 根据知识要点 2，可以确定基因在染色体上的位置次序。

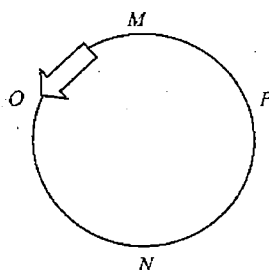
3. 根据知识要点 3、4 可以绘出三个 Hfr 菌株中 F 因子插入的位置和方向。

标准答案

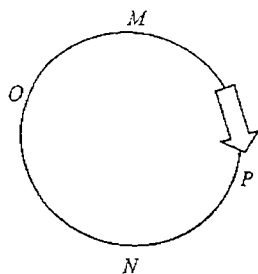
细菌的染色体及几个基因的排列次序为：



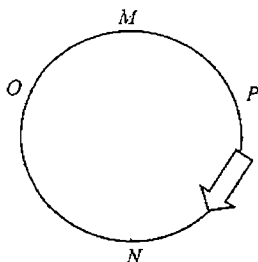
试验 I 中 Hfr 菌株的 F 因子插入位置方向：



试验 II 中 Hfr 菌株的 F 因子插入位置方向：



试验Ⅲ中 Hfr 菌株的 F 因子插入位置方向：



→ 为 F 因子

解题捷径

关键是记住细菌的染色体为环状的，遗传物质单方向转移，F 因子插入的位置、方向随机。

例题 4：两个杆菌基因 a 和 b 基因转化实验数据如下表。根据转化分析中连锁的定义，指出这两个基因是否连锁？如果是连锁的，二者相距多远？

实验	供体 DNA	受体 DNA	重组子类型	个体数
A	$a^+ b^-$	$a^- b^+$	$a^+ b^-$	232
	$a^- b^+$		$a^- b^+$	341
			$a^+ b^+$	7
B	$a^+ b^+$	$a^- b^-$	$a^+ b^-$	130
			$a^- b^+$	96
			$a^+ b^+$	247

知识要点

1. 相互连锁的基因共同转化的可能性远远大于两个不连锁的基因。
2. 两个实验中双转化类型比例一样时不连锁；双转化类型比例不一样时连锁。
3. 转化过程中两个基因相距越远发生交换的可能性越大。
4. 两个连锁的基因 a 、 b 或不连锁的基因 a 、 b 都有发生共同转化的可能，但当降低 DNA 浓度时，基因 a 、 b 同时转化频率与单独转化时频率相等，说明连锁。若不连锁，则 a 、 b 同时转化比例远远大于单个基因转化时频率。

解题思路

1. 根据知识要点 1 可以知道这两个基因是连锁的，因为在实验 A 中 a^+ 与 b^+ 基因是在不同的 DNA 片段上，可以视为不连锁。此时， a^+ 与 b^+ 的双转化的个体数仅有 7 个，比例为： $(7/232+341+7) \times 100\% = 1.21\%$ ；而实验 B 中只有一种 DNA 片段， a^+ 与 b^+ 的双转化的个体数有 247 个，比例为： $(247/130+96+247) \times 100\% = 52.2\%$ 。因此，两个基因是连锁的。

2. 根据知识要点 2，两个实验中双转化类型的比例明显不一样，所以， a^+ 与 b^+ 是连锁的。

3. 根据知识要点 3 可以利用实验 B 的数据，找出交换类型 $a^+ b^-$ 和 $a^- b^+$ ，利用它们的数据计算两个基因间的距离。

标准答案

这两个基因连锁。

这两个基因间相距 47.78 个图距单位，即：

$$\frac{130+96}{130+96+247} \times 100\% = 47.78\%$$

解题捷径

直接比较两个实验中双转化类型的数目，判断是否连锁。若题中给的有降低 DNA 浓度的条件，则可以利用知识要点 4 进行判断。

例题 5：用一野生型菌株提取出来的 DNA 转化一个不能合成丙氨酸 (Ala)、脯氨酸 (Pro) 和精氨酸 (Arg) 的突变菌株，产生不同类型的菌落，其数目如下：

(1) $ala^+ pro^+ arg^+$	8400
(2) $ala^+ pro^- arg^+$	2100
(3) $ala^+ pro^- arg^-$	840
(4) $ala^- pro^+ arg^+$	420
(5) $ala^- pro^+ arg^-$	1400
(6) $ala^- pro^- arg^+$	840
(7) $ala^- pro^- arg^-$	840

试问这三个基因在基因组上的排列顺序和距离？(中国农业大学 1998 年、浙江大学 1999 年考研试题)

知识要点

1. 两个基因相距越远，转化时发生交换的可能性越大。
2. 细菌的重组特点是没有相反重组子出现。
3. 双交换类型是数目最少的类型。

解题思路

1. 根据题意是用得到的 $ala^+ pro^+ arg^+$ DNA 片段去转化 $ala^- pro^- arg^-$ 菌株。

2. 根据知识要点 1 可以根据交换类型的多少测定基因间的距离， $ala-pro$ 间的交换类型有类型 2、3、4、7； $pro-arg$ 间的交换类型有类型 2、5、6、7； $ala-arg$ 间的交换类型有类型 3、4、5、6。

3. 根据知识要点 2 转化后只能出现 1~7 七种类型的转化子菌落，不会出现 $ala-pro-arg^-$ 。并且在计算各个基因间的距离的公式中分母只能有六种类型的数目。如：

$$ala-pro = 2+3+4+7/1+4+2+3+5+7 = 0.30$$

$$pro-arg = 2+5+6+7/1+2+4+5+6+7 = 0.37$$

$$ala-arg = 3+4+5+6/1+2+3+4+5+6 = 0.25$$

根据以上的计算可以判定 ala 基因位于中间。

4. 根据知识要点 3 可以直接判定 ala 基因位于中间。

标准答案

这三个基因在基因组上的位置和次序为：

pro	ala	arg
0.30 0.25		

解题捷径

数目最少的类型是双交换类型，直接把基因定位在中间，然后分别计算基因 $pro-ala$ 间、基因 $ala-arg$ 间的值即可。

至于在上面计算出的 $pro-arg$ 间的值仅有 0.37，那是由于少计算了双交换值，类型 3、4 其实都为 $pro-arg$ 之间的交换，但是在计算时没有算上，即 $840+420/14\ 000=0.09$ ，所以加上二倍双交换值即 $0.37+2\times 0.09=0.55$ ，刚好与 $0.30+0.25$ 相等。

例题 6：当用基因型为 $ACNRX$ 的菌株作为原始的 DNA，来转化一个基因型为 $acnr x$ 的菌株，这里，基因的顺序是未知的。发现如下子代菌株：除 $AcnRx$ 、 $acNrX$ 、 $aCnRx$ 和 $AcnrX$ 外，还有单个基因转化的类型 $aCnr x$ 。问这些基因的顺序如何？

知识要点

转化过程中相距较近的基因发生共转化的可能性大。

解题思路

根据知识要点出现 $AcnRx$ 说明 A 与 R 近，出现 $AcnrX$ ，说明 A 与 X

近。因此，基因顺序可能为 XAR 或 ARX ，但结果中没有 RX 出现，因此，基因顺序只能是 XAR 。

出现 $acNrX$ 说明 N 与 X 近，可能为 NXA 或 NAX ，结果中没有 NA 出现，因此只能是 NXA 。四个基因的顺序为： $NXAR$ 。

出现 $aCnRx$ 说明 C 与 R 近，可能为 $NXARC$ 或 $NXACR$ 结果中没有 AC 出现，因此，只能是 $NXARC$ 。

标准答案

这些基因的顺序为： $\underline{N \quad X \quad A \quad R \quad C}$

解题捷径

牢记知识要点即可。

例题 7：噬菌体感染宿主细胞 $a^+ b c^+$ ，得到转导噬菌体 $a^+ b c^+$ ，此噬菌体再感染细胞 $a b^+ c$ ，得到：(1) $a^+ b^+ c$ 3%；(2) $a^+ b c^+$ 46%；(3) $a^+ b^+ c^+$ 27%；(4) $a b c^+$ 1%；(5) $a^+ b c$ 23%。计算基因间的距离，写出基因的位置顺序。

知识要点

1. 两个基因相距越远，发生单个转导的频率越高，也即发生交换的频率越高。重组子的数目代表了基因间距离的大小。
2. 数目较少的类型往往是双交换类型。

解题思路

1. 根据知识要点 1 可以计算基因间的距离，如类型 1、3、4 属于基因 $a-b$ 间的交换；类型 1、4、5 属于基因 $a-c$ 间的交换；类型 3、5 属于基因 $c-b$ 间的交换。

2. 根据知识要点 2 可以从类型 1 $a^+ b^+ c$ 3% 直接确定基因 a 位于中间，因为只有该类型是 a 基因发生了交换。既顺序为： $b \quad a \quad c$

在此没有用数目最少的类型 4 $a b c^+$ 1%，因为该种类型是基因 b 、 c 发生了交换，是四线双交换的结果，由于四线双交换，所以数目更少。虽然判断基因的位置时没用到该种类型，但该种类型数目比类型 1 更少，更说明了基因 a 位于中间。

标准答案

基因间的距离为：

$$a-b=3+27+1/3+46+27+1+23=0.31$$

$$a-c=3+23+1/3+46+27+1+23=0.27$$

$$c-b=27+23/3+46+27+1+23+2(3+1/3+46+27+1+23)=0.58$$

• 90 •

根据以上的计算结果，基因间的顺序为：

c	a	b
0.27	0.31	

解题捷径

根据知识要点2可以直接确定基因的位置顺序。根据位置顺序把各种类型的基因型重新书写，然后计算基因间距离。

例题8：用 $pro^+ argx^-$ 作为供体， $pro^- argy^-$ 作为受体，利用 P1 噬菌体作 arg 拟等位突变型的精细结构分析。根据下表在 pro^+ 转导子中测得 arg^+ 重组子数的结果，计算各个基因间的距离，写出 $arg-1$ 、 $arg-2$ 、 $arg-3$ 的位置和图距。

供 体		受 体		$pro^- argy^-$	
pro^+	$argx^-$	$arg-1$		$arg-2$	
		pro^+	arg^+	pro^+	arg^+
	$arg-1$	—	—	14 459	492
	$arg-2$	12 358	403	—	—
	$arg-3$	2978	55	18 239	998

知识要点

1. 位置越近的基因越容易被共同包装，发生共转导机会越多。
2. 拟等位基因指位置上紧邻、功能上相关的一些基因。
3. 相距较远的基因交换的机会较多，产生的重组子就多。

解题思路

1. 根据知识要点1，题中讲的 pro 基因与 arg 基因位置较近，二者可以发生共转导。这个实验是利用 pro 基因与 arg 基因的共转导进行 $arg-1$ 、 $arg-2$ 、 $arg-3$ 位点的遗传分析。
2. 根据知识要点2， $arg-1$ 、 $arg-2$ 、 $arg-3$ 基因位置相距非常近，功能相关，彼此之间可以发生交换，产生重组子。
3. 根据知识要点3，当测定 pro^+ 转导子时，同时为 arg^+ (arg^+ 是 $argx^-$ 与 $argy^-$ 之间的重组类型) 的比例，就是测定各个 arg 基因之间的距离。例如表中 $pro^+ arg-1^-$ 转化受体 $pro^- arg-2^-$ 产生了 492 个 $pro^+ arg-2^+$ ，比例占 3.4%，这说明了 $arg-1$ 与 $arg-2$ 两个基因之间的距离。

标准答案

基因之间的距离为：

$$RF_{arg-1-arg-2} = 492 / 14\,459 \times 100\% = 3.4\%$$

$$RF_{arg-2-arg-1} = 403 / 12\,358 \times 100\% = 3.26\%$$

$$RF_{arg-3-arg-1} = 55/2978 \times 100\% = 1.85\%$$

$$RF_{arg-3-arg-2} = 996/18\,239 \times 100\% = 5.46\%$$

在分母中都仅用了一个数据，如在计算 $RF_{arg-1-arg-2}$ 之间的值时仅用了 14 459，而没有用 492，这是因为在 14 459 个 pro^+ 中有 492 个为 $pro^+ arg-2^+$ ，其他同理。

三个基因的顺序为：

$$\begin{array}{c} arg-3 \quad 1.85 \quad arg-1 \quad 3.33 \quad arg-2 \\ \quad \quad \quad 5.46 \\ (3.33 \text{ 为 } 3.4 \text{ 和 } 3.26 \text{ 的平均}) \end{array}$$

解题捷径

根据 996/18 239 的数据可以直接把基因 $arg-1$ 定位在中间。

例题 9：以下是一些基因的共转导频率：A 与 B 共转导频率 0.3；B 与 C 共转导频率 0.2；A 与 C 共转导频率 0.05。计算基因间的距离，写出基因的排列顺序。

知识要点

1. 两个基因相距越近，发生共转导的频率就越高。
2. P1 噬菌体能包装大肠杆菌基因组的 $1/50$ ，即：相当于 2min 的图距。
3. P1 噬菌体共转导频率 = $(1-d/L)^2$ 。 d ：以分钟计算的供体两个基因间的距离； L ：以分钟计算的转导 DNA 的长度。此公式中 $L=2$ 。用此公式求共转导率可以测基因的顺序，求 d 值可以测基因间的距离。

解题思路

根据知识要点 2、3，把有关数据代入公式，即可计算基因间的距离。然后根据直线定理确定基因的顺序。

标准答案

基因之间的距离为：

$$A-B \quad 0.3 = (1-d/2)^2 \quad 0.669 = 1-d/2 \quad d/2 = 1-0.669$$

$$d = 2(1-0.669) = 0.662$$

$$B-C \quad 0.2 = (1-d/2)^2 \quad 0.59 = 1-d/2 \quad d/2 = 1-0.59$$

$$d = 2(1-0.59) = 0.82$$

$$A-C \quad 0.05 = (1-d/2)^2 \quad 0.37 = 1-d/2 \quad d/2 = 1-0.37$$

$$d = 2(1-0.37) = 1.26$$

$0.662 + 0.82 = 1.482 > 1.26$ 是因为 ABC 三个基因共同转导的那一部分没有考虑在内。

基因之间的顺序为：

A	B	C
	0.662	0.82

解题捷径

可以根据知识要点1直接确定基因的顺序。

例题 10：一个共转导结果有如下七种类型的数据：(1) $AB = 0.3$ ，(2) $AC = 0.2$ ，(3) $BC = 0.05$ ，(4) $CD = 0.08$ ，(5) $CE = 0.3$ ，(6) $DE = 0.4$ ，(7) $DB = 0.1$ ，判断基因的顺序和距离。

知识要点

1. 两个基因相距越近，发生共转导的频率就越高。
2. P_1 噬菌体能包装大肠杆菌基因组的 $1/50$ ，既相当于 2min 的图距。
3. P_1 噬菌体共转导频率 $= (1 - d/L)^3$ 。 d ：以分钟计算的供体两个基因间的距离； L ：以分钟计算的转导 DNA 的长度。此公式中 $L=2$ 。求共转导频率可以测基因的顺序，求 d 值可以测基因间的距离。

解题思路

1. 首先把题中给的资料数据进行整理，把互相有联系的数据集中在一起，如利用类型 (1) $AB=0.3$ ，(2) $AC=0.2$ ，(3) $BC=0.05$ 可以确定基因 A、B、C 的顺序。利用类型 (4) $CD=0.08$ ，(5) $CE=0.3$ ，(6) $DE=0.4$ 可以确定基因 C、E、D 的顺序。

2. 根据知识要点1和直线定律确定基因的顺序，如基因 A、B、C 的顺序的确定，题中可以看到基因 ABC 之间 BC 的共转导率最小，为 $BC=0.05$ ，因此，这三个基因的顺序为 BAC。基因 CED 之间 CD 的共转导率最小，为 $CD=0.08$ ，因此，这三个基因的顺序为 CED。则以上5个基因的顺序为 BACE D。在此可以看到 BD 基因之间相距最远，应该共转导率最小，但题中资料 BD 基因的共转导率为 $DB=0.1$ ，不是最小的，比类型3、类型4都大，这是因为基因组是环状的。

3. 根据知识要点3将有关数据代入共转导的公式即可以计算基因间的距离。

标准答案

基因的排列顺序为：B A C E D

基因间的距离为：A-B	0.3 = $(1-d/2)^3$	$d=0.662$
A-C	0.2 = $(1-d/2)^3$	$d=0.80$
C-E	0.3 = $(1-d/2)^3$	$d=0.662$
E-D	0.4 = $(1-d/2)^3$	$d=0.85$
D-B	0.1 = $(1-d/2)^3$	$d=1.08$

解题捷径

牢记基因相距远时发生共转导频率低，相距近时发生共转导频率高的要点。

对题中资料整理，每次分析三个基因。

例题 11：a、b、c、d、e 是 T4 *r*II 的点突变体，1、2、3、4 为缺失突变体。根据下列结果画出缺失突变体的缺失图和点突变的位置、顺序。表中“+”和“-”表示它们对 *E. coli* B 混合感染时有无野生型重组子出现。（南开大学 2005 年考研试题）

	a	b	c	d	e
1	+	+	-	+	+
2	+	+	-	-	-
3	-	-	+	-	+
4	+	-	+	+	+

知识要点

1. 缺失可以发生在 T4 *r*II 区段的不同部位，形成不同的缺失突变体。
2. T4 *r*II 区段可以在不同的位点发生突变，形成不同的点突变体。
3. 只有野生型才能在对 *E. coli* B 感染后产生噬菌斑。若用缺失突变型和点突变型混合感染 *E. coli* B，若出现噬菌斑说明二者发生了重组，点突变的位置不在该缺失区段内；若不出现噬菌斑，说明二者没有发生重组，点突变的位置在该缺失区段内。

解题思路

1. 根据知识要点 1，可以假定野生型的 T4 *r*II 是含有 1、2、3、4 号区段。T4 *r*II 的缺失突变体 1 是 1 号区段缺失，缺失突变体 2 是 2 号区段缺失，缺失突变体 3 是 3 号区段缺失，缺失突变体 4 是 4 号区段缺失。
2. 根据知识要点 2，T4 *r*II 的 5 种点突变体可以发生在 T4 *r*II 的不同区段。
3. 根据知识要点 3 分析表中实验结果，可以推测点突变的位置。

标准答案

缺失突变体的缺失图：

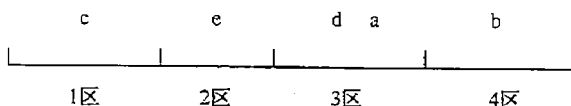
正常噬菌体 DNA	1	2	3	4
缺失 1 区突变型	2	3	4	
缺失 2 区突变型	1	3	4	
缺失 3 区突变型	1	2	4	
缺失 4 区突变型	1	2	3	

点突变的位置：

点突变 a 位于 3 区，点突变 b 位于 3、4 区，点突变 c 位于 1、2 区，点突变

d 位于 2、3 区，点突变 e 位于 2 区。（有些缺失突变体的缺失区段互相有重叠）

点突变的顺序



解题捷径

点突变与缺失突变体混合感染后若不出现噬菌斑，说明二者不能发生重组，说明点突变位于该缺失区段。

若两个点突变都与某一区段缺失的突变型不能互补，则两个基因相距较近。

例题 12：一个 RNA 病毒形成的 A、B、C、D、E 五种蛋白质及每种蛋白质的产量数据如下：A=250、B=150、C=200、D=50、E=100。有一点突变使五种蛋白质的量发生变化：A=250、B=50、C=200、E=5、D=1。确定这 5 个基因的顺序和点突变的位置。

知识要点

1. RNA 病毒的整个基因组往往作为一个转录单位，随着转录、翻译的进行，结构基因编码的蛋白质总是按一定的比例合成，上游基因编码的蛋白质比例较大，越靠下游的基因编码的蛋白质比例越小。（天然极性）

2. 点突变在某一位置发生后仅仅会影响该位点下游的基因的表达，使下游基因的表达量下降，位于该位点下游越远，基因表达量下降的幅度越大，而对该位点上游的基因的表达没有影响。（极性效应）

解题思路

1. 根据知识要点 1，可以利用每种蛋白质的量的大小来进行基因定位，表达量最大的基因在上游，表达量最小的基因在下游。5 个基因的顺序为：A、C、B、E、D。

2. 根据知识要点 2，可以利用每种蛋白质比例下降的幅度确定点突变的位置。题中看到 B 蛋白下降了 3 倍，E 蛋白下降了 20 倍，D 蛋白下降了 50 倍，A 蛋白、C 蛋白没有下降，因此，可以判断点突变发生在基因 C 与 B 之间。

标准答案

5 个基因的顺序为：A C B E D

点突变发生的位置：A C B E D

解题捷径

该题属于转录定位，哪个基因的表达量最大哪个基因在最前端，从哪个基因的表达量开始下降点突变就位于哪个基因的前面。

例题 13：T4 噬菌体的两个品系感染大肠杆菌。其一是 A：小噬菌斑 (m)、快速溶菌 (r)、噬菌斑浑浊 (tu) 突变型；另一品系是野生型大噬菌斑、正常溶菌、噬菌斑清亮 (+++)。将感染后的溶菌物涂平板培养，获得如下结果：

m	r	tu	3467	+	+	+	3729
m	r	+	853	m	+	tu	162
m	+	+	520	+	r	tu	474
+	r	+	172	+	+	tu	965

根据以上结果确定三个基因的排列次序和其间的距离。计算其并发系数（中国农业大学 1993 年、青岛海洋大学 2002 年考研试题）

知识要点

1. 噬菌体基因重组的特征与真核生物一样，重组时 DNA 以线型存在，有相反重组子出现，单交换、双交换都有意义。
2. 数目最少的类型是双交换类型。
3. 并发系数是实际双交换值与理论双交换值的比，并发系数最大为 1，最小为 0，并发系数与干涉的关系为，干涉 = 1 - 并发系数，当一般情况下干涉最大为 1，最小为 0。但当干涉的值大于 1 时，说明可能存在负干涉。

解题思路

1. 根据知识要点 1，噬菌体的基因重组过程与真核生物一样，在分析计算时与真核生物计算交换值一样将各个数据代入公式即可。
2. 根据知识要点 2，可以利用双交换类型直接确定基因的顺序，然后逐个计算基因间的距离。如 m + tu 162、+ r + 172 两种类型是双交换的，是基因 + 与 r 间发生的，因此，基因顺序为

m r tu

3. 根据知识要点 3 可以计算并发系数。

标准答案

基因顺序为：m r tu

基因间的距离为：

$$m-r = (162 + 520 + 474 + 172) / 10\ 342 = 12.84\%$$

$$r-tu = (853 + 162 + 172 + 965) / 10\ 342 = 20.81\%$$

$$m-tu = (853 + 520 + 474 + 965) / 10\ 342 = 27.19\%$$

一般情况下 m-tu 间的值加上二倍的双交换值应该等于 12.84 + 20.81 = 33.65，但在此 27.19 + 2 (162 + 172 / 10\ 342) ≠ 33.65 而是 30.42)

$$\text{并发系数} = 162 + 172 / 10\ 342 = 3.23 = 1.21$$

并发系数等于 1.21，则，干涉 = 1 - 1.21 = -0.21，说明可能存在负干涉。

解题捷径

利用双交换类型直接确定基因的顺序。

例题 14：有四株大肠杆菌分别为 1、2、3、4，它们的基因型为 a^+b^- ，另外四株分别为 5、6、7、8，基因型为 a^-b^+ 。将基因型不同的菌株两两混合培养，在基本培养基上测定重组子 a^+b^+ 出现情况如下表。写出每一个菌株的性别（即 F^+ 、 F^- 还是 Hfr）。（表中 O 代表无重组体，M 代表有重组体，L 代表有大量重组体）（中国科学院 1998 年，河南师范大学 2006 年考研试题）

	5	6	7	8
1	O	M	M	O
2	O	M	M	O
3	L	O	O	M
4	O	L	L	O

知识要点

1. 细菌的遗传物质的转移是单方向性的，即只能从 Hfr 或 F^+ 转向 F^- 。

2. $Hfr \times F^-$ 有大量重组体， $F^+ \times F^-$ 有少量重组体，其他的接合没有重组体。

解题思路

根据知识要点 2，7 号菌株与 1 号菌株接合后产生大量重组体，说明 1 号菌株可能是 Hfr、 F^- ，7 号菌株也可能是 Hfr、 F^- 。但 7 号菌株与 4 号菌株接合产生重组体，说明 4 号可能是 F^+ 、 F^- ，7 号也可能是 F^+ 、 F^- ，据以上分析 7 号菌株只能是 F^- 。知道了 7 号菌株是 F^- ，则 1、2、3、4 号菌株的类型就可推出。进而推出 5、6、8 菌株的类型。

标准答案

1. Hfr 2. F^- 3. F^- 4. F^+ 5. F^+ 6. F^+ 7. F^- 8. Hfr

解题捷径

从表中横行既有 L 类型又有 M 类型的一行开始分析，只要推出一种的类型就可以很快推出全部的类型。从表中竖行既有 L 类型又有 M 类型的一行开始分析也可以很快得出结果。

例题 15：下表是 A、B、C、D、E 五种缺陷型菌株在含 W、X、Y、Z 四种物质的培养基上的生长情况（“-”号示不能生长，“+”号示能生长），画出这四种物质的代谢途径和 A、B、C、D、E 五个基因在代谢途径中作用的位置。（河南