

第八章

1. 为什么说细菌和病毒是遗传学研究的好材料？

答案：

参阅本章第一节。

2. 大肠杆菌的遗传物质的传递方式与具有典型减数分裂过程的生物有什么不同？

答案：

参阅本章第二节和第三章第二节。

3. 解释下列名词： F^- 菌株， F^+ 菌株，Hfr 菌株；F 因子， F' 因子，质粒，附加体；溶原性细菌，非溶原性细菌；烈性噬菌体，温和噬菌体，原噬菌体；部分合子（部分二倍体）。

答案：

参阅本章。

4. 部分合子在细菌的遗传分析中有什么用处？

答案：

参阅本章第二节。

5. 什么叫转导、普遍性转导、特异性转导（局限性转导）？

答案：

参阅本章第三节。

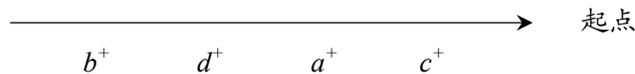
6. 转导和性导有何不同？

答案：

参阅本章第二节、第三节。

7. 一个基因型为 $a^+b^+c^+d^+e^+$ 并对链霉素敏感的大肠杆菌 Hfr 菌株与基因型为 $a^-b^-c^-d^-e^-$ 并对链霉素耐性的 F^- 菌株接合，30min 后，用链霉素处理，然后从成活的受体中选出 e^+ 型的原养型，发现它们的其他野生型（+）基因频率如下： a^+ 70%， b^+ 0%， c^+ 85%， d^+ 10%。
问： a 、 b 、 c 、 d 四个基因与供体染色体起点（最先进入 F^- 受体之点）相对位置如何？

答案：



8. 为了能在接合后检出重组子，必须要有一个可供选择用的供体标记基因，这样可以认出重组子。另一方面，在选择重组子的时候，为了不选择供体细胞本身，必须防止供体菌株的继续存在，换句话说，供体菌株也应带有一个特殊的标记，能使它自己不被选择。例如供体菌株是链霉素敏感的，这样当结合体在含有链霉素的培养基上生长时，供体菌株就被杀死了。问：如果一个 Hfr 菌株是链霉素敏感的，你认为这个基因应位于染色体的哪一端为好，是在起始端还是在末端？

答案：

在末端为好，以避免 str^s 基因也转移到受体菌株中，通过重组改变受体菌株的基因型。

9. 有一个环境条件能使 T 偶数噬菌体 (T-even phages) 吸附到寄主细胞上，这个环境条件就是色氨酸的存在。这种噬菌体称为色氨酸需要型 (C)。然而某些噬菌体突变成色氨酸非依赖型 (C^+)。有趣的是，当用 C 和 C^+ 噬菌体感染细菌时，将近一半的色氨酸非依赖型子代在进一步的实验中表现为基因型 C 。你如何解释这个发现？

答案：

噬菌体重新装配时，基因型是 C ，而外壳仍然是 C^+ 。

10. Doerman 用 T4 噬菌体的两个品系感染大肠杆菌。一个品系是小噬菌斑 (m)、快速溶菌 (r) 和浑浊噬菌斑 (tu) 突变型。另一个品系对这三个标记都是野生型 (+ + +)。把这种感染的溶菌产物涂平板，并分类如下：

基因型			噬菌斑数
m	r	tu	3 467
+	+	+	3 729
m	r	+	853
m	+	tu	162
m	+	+	520
+	r	tu	474
+	r	+	172
+	+	tu	965
			<hr/>
			10 342

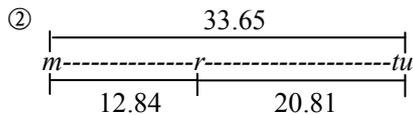
问：①计算 $m-r$ ， $r-tu$ 和 $m-tu$ 的连锁距离。②你认为这三个基因的连锁序列怎样？③在这个杂交中，并发系数是多少？它意味着什么？

答案：

$$① \quad m-r = (162+520+474+172)/10342 = 12.84\%$$

$$r-tu = (853+162+172+965)/10342 = 20.81\%$$

$$m-tu = (853+520+474+965)/10342 = 27.19\%$$



$$m-tu \text{ 之间有双交换: } (m+tu, +r+) = (162+172)/10342 = 3.23\%$$

$$\text{所以 } m-tu \text{ 之间距离为 } 27.19+2 \times 3.23=33.65$$

$$③ \text{ 并发率} = \frac{0.0323}{0.1284 \times 0.2081} = \frac{0.0323}{0.0267} = 1.21$$

这说明没有干涉，也许存在着负干涉。

11. 用一野生型菌株抽提出来的 DNA 来转化一个不能合成丙氨酸 (Ala)、脯氨酸 (Pro) 和精氨酸 (Arg) 的突变型菌株，产生不同转化类型的菌落，其数如下：

8400	$ala^+ pro^+ arg^+$	840	$ala^+ pro^- arg^-$
2100	$ala^+ pro^- arg^+$	1400	$ala^+ pro^+ arg^-$
420	$ala^- pro^+ arg^+$	840	$ala^- pro^+ arg^-$
840	$ala^- pro^- arg^+$		

问：①这些基因间的图距为多少？②这些基因的顺序如何？

答案：

$$\textcircled{1} \text{ pro-ala 之间距离} = \frac{\text{pro}^+ \text{ala}^- + \text{pro}^- \text{ala}^+}{\text{pro}^+ \text{ala}^+ + \text{pro}^+ \text{ala}^- + \text{pro}^- \text{ala}^+} = 4200/14000 = 30\%$$

同理，*pro-arg* 之间距离=5180/14000=37%

ala-arg 之间距离=3500/14000=25%

② 三基因之间顺序为 *pro*----*ala*-----*arg*，且 *pro-arg* 之间的距离需要校正。

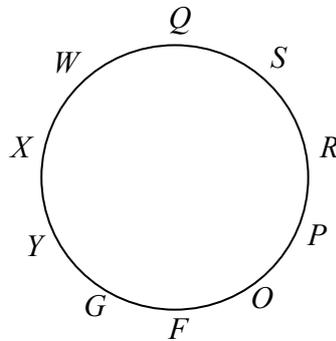
12. 利用中断杂交技术，检查了 5 个 Hfr 菌株（1，2，3，4，5），想知道这几个菌株把若干不同基因（*F*，*G*，*O*，*P*，*Q*，*R*，*S*，*W*，*X*，*Y*）转移到一个 F⁻ 菌株的顺序。结果发现，各个 Hfr 菌株都以自己特有的顺序转移，如下所示（各品系只记下最初转移进去的 6 个基因）：

转移顺序	Hfr 菌株				
	1	2	3	4	5
第一	<i>Q</i>	<i>Y</i>	<i>R</i>	<i>O</i>	<i>Q</i>
第二	<i>S</i>	<i>G</i>	<i>S</i>	<i>P</i>	<i>W</i>
第三	<i>R</i>	<i>F</i>	<i>Q</i>	<i>R</i>	<i>X</i>
第四	<i>P</i>	<i>O</i>	<i>W</i>	<i>S</i>	<i>Y</i>
第五	<i>O</i>	<i>P</i>	<i>X</i>	<i>Q</i>	<i>G</i>
第六	<i>F</i>	<i>R</i>	<i>Y</i>	<i>W</i>	<i>F</i>

问：这些 Hfr 菌株的原始菌株的基因顺序如何？（提示：Hfr 品系是环状 DNA。）

答案：

每个菌株的转移顺序虽然不同，但基因的相对位置相同，因此可以推出：



13. 为了检出 λ 噬菌体的 4 个基因（*co*₁，*mi*，*c* 和 *s*）间的连锁关系，Kaiser 做了一个杂交实验，下面是杂交结果的一部分数据：

亲本	子代
(a) <i>co</i> ₁ ⁺ × ⁺ <i>mi</i>	5162 <i>co</i> ₁ ⁺ , 6510 ⁺ <i>mi</i> , 311 ⁺⁺ , 341 <i>co</i> ₁ <i>mi</i>
(b) <i>mi</i> ⁺ × ⁺ <i>s</i>	502 <i>mi</i> ⁺ , 647 ⁺ <i>s</i> , 65 ⁺⁺ , 56 <i>mi s</i>
(c) <i>c</i> ⁺ × ⁺ <i>s</i>	566 <i>c</i> ⁺ , 808 ⁺ <i>s</i> , 19 ⁺⁺ , 20 <i>c s</i>
(d) <i>c</i> ⁺ × ⁺ <i>mi</i>	1213 <i>c</i> ⁺ , 1205 ⁺ <i>mi</i> , 84 ⁺⁺ , 75 <i>c mi</i>

问：①每个杂交组合的重组率是多少？②画出 *co*₁，*mi*，*c* 和 *s* 4 个基因的连锁图。

答案：

- (1) co_1 与 mi $(311+341) / (5162+6510+311+341) = 5.3\%$
 mi 与 s $(65+56) / (502+647+65+56) = 9.5\%$
 c 与 s $(19+20) / (566+808+19+20) = 2.76\%$
 c 与 mi $(84+75) / (1213+1205+84+75) = 6.17\%$
- (2) co_1 mi c s

14. 用 P1 进行普遍性转导，供体菌是 $pur^+nad^+pdx^-$ ，受体菌是 $pur^-nad^-pdx^+$ 。转导后选择具有 pur^+ 的转导子，然后在 100 个 pur^+ 转导子中鉴定其他供体菌基因有否也转导过来。所得结果如下表：

基因型	菌落数
nad^+pdx^+	1
nad^+pdx^-	24
nad^-pdx^+	50
nad^-pdx^-	25
合计	100

问：① pur 和 nad 的共转导频率是多少？② pur 和 pdx 的共转导频率是多少？③ 哪个非选择性基因座最靠近 pur ？④ nad 和 pdx 在 pur 的同一侧，还是在它的两侧？⑤ 根据你得出的基因顺序，解释实验中得到的基因型的相对比例。

答案：

- (1) pur 和 nad 的共转导频率为 $(1+24) / (1+24+50+25) = 25\%$ 。
(2) pur 和 pdx 的共转导频率为 $(24+25) / (1+24+50+25) = 49\%$ 。
(3) 由于 pdx 与 pur 的共转导频率更高，所以 pdx 与 pur 更近。
(4) 由于 pdx 与 nad 的共转导频率大于 nad 与 pur 的共转导频率，如果 nad 和 pdx 在 pur 同侧。
(5) 根据三者的共转导频率，可知顺序为 $pur-pdx-nad$ 。