

_____种配子，自交后能够产生_____种基因型的个体。（上海师范大学 2005 年考研试题）

17. _____年，孟德尔遗传学说再次被发现被定为是遗传学科的诞生时间。（上海师范大学 2005 年考研试题）

18. 如果父亲是 B 型血，母亲是 O 型血，他们的第一个小孩是 O 型血；那么他们的第二个小孩是 O 型血的概率是_____；是 B 型血的概率是_____；是 A 或 AB 型血的概率是_____。（河南师范大学 2004 年考研试题）

19. 在 $AaBbCCDd \times aaBbCcDd$ 杂交中，各基因互不连锁，则子代中表型与 $aaBbCcDd$ 亲本相同的个体的概率是_____。（中山大学 2004 年考研试题）

20. 人类体细胞中有_____条染色体。在减数分裂形成配子时染色体组成情况：全部来源于父方的概率是_____；全部来源于母方的概率是_____；由父母双方的染色体组成的概率是_____。（河南师范大学 2005 年考研试题）

21. 基因型为 $AaBbCcDdEe$ 的个体自交，在后代中基因型为 $AABBCcddEe$ 的个体比例为_____，在四个位点上为杂合的个体的比例为_____。（河南师范大学 2005 年考研试题）

22. 分离定律的实质在于形成配子时_____彼此分离，自由组合定律的实质在于形成配子时_____彼此自由组合。受精时雌雄配子_____结合。（中国科学院昆明植物研究所 2002 年考研试题）

23. 许多基因影响同一性状的现象称为_____，而一个基因影响许多性状的发育称为_____。（中国科学院昆明植物研究所 2002 年考研试题）

24. 在 ABO 系统的血型遗传中，父亲是 AB 型，母亲是 O 型，其子女血型不可能是_____型和_____型。（中国科学院昆明植物研究所 2002 年考研试题）

三、判断题

1. 测交等于回交，因此回交也等于测交。（ ）（河南师范大学 2006 年考研试题）

2. A、b、c 三个等位基因虽然不在同一座位上，但它们控制同一性状，因此，它们属于复等位基因。（ ）（河南师范大学 2006 年考研试题）

3. 一些性状，凡是正交与反交结果不一样时就可以判断为细胞质遗传。（ ）（河南师范大学 2006 年考研试题）

4. 红花豌豆与白花豌豆杂交，子一代染色体加倍后得到异源四倍体。（ ）（河南师范大学 2006 年考研试题）

5. 复等位基因只存在于种群里，在同一个体中只能存在一组复等位基因的

两个成员。() (中国科学院水生生物研究所 1999 年考研试题)

6. 外表相同的个体，有时会产生完全不同的后代，这主要是由于外界条件影响的结果。() (北京师范大学 1995 年考研试题)

7. 基因型相同的生物体一定有着相同的表型，基因型不同的生物体其表型亦不会相同。() (中山大学 1992 年考研试题)

8. 拟等位基因指的是控制相同性状但位于不同座位上的基因。() (中山大学 1992 年考研试题)

9. 所有的非等位基因在配子形成时都能进行自由组合。() (中山大学 1995 年考研试题)

10. 拟表型的出现是环境因子促成的，与该生物体自身的基因型无关。() (中山大学 1995 年考研试题)

11. 孟买型的发现为复等位基因 I^A 、 I^B 、 i 系列增加了一个新的成员。() (中山大学 1995 年考研试题)

12. 拟等位基因也称假等位基因，实质上就是非等位基因。() (中山大学 1995 年考研试题)

13. 自由组合规律说的是雌雄个体产生不同类型的配子，在形成受精卵时是随机分配、自由组合的。() (南京师范大学 1995 年考研试题)

14. 等位基因就是同功基因。() (南京师范大学 1996 年考研试题)

15. 正反交结果不一致，说明性状的遗传基础在细胞质内。() (南京师范大学 1996 年考研试题)

16. 孟德尔选取豌豆作为他的实验材料，因为它是一种性状的一年生植物。() (中国科学院武汉病毒所 1997 年考研试题)

17. 基因型未知的显性个体与显性纯合体杂交以检测显性个体基因型的方法称为测交。() (中国科学院武汉病毒所 1999 年考研试题)

18. 一般情况下基因型相同表现型不一定相同，基因型不同表现型都可能相同。() (河南师范大学 1996 年考研试题)

19. 遗传学中所说的 F_2 代仅指 F_1 代自交产生的后代。() (河南师范大学 1996 年考研试题)

20. 凡是具有显性性状的个体都可以被认为是野生型的个体。() (河南师范大学 1996 年考研试题)

21. 测交子代表型的种类和比例是被测个体产生配子的基因型种类和比例的外部反映。() (中山大学 2004 年考研试题)

22. 显性和隐性等位基因不同成员之间相互作用的表现形式之一，上位和下位则是非等位基因之间相互作用所表现出来的异位显隐现象。() (中山大学 2004 年考研试题)

23. 一对等位基因 A 与 a 只能在减数第一次分裂中发生分离。() (河南

师范大学 2005 年考研试题)

24. 豌豆是自花授粉植物。() (中国科学院昆明植物研究所 2004 年考研试题)

25. 亲本原有的性状组合叫做亲组合。() (中国科学院昆明植物研究所 2004 年考研试题)

26. 卡平方法是用来检测实得数与理论数的差异的。() (中国科学院昆明植物研究所 1999 年考研试题)

27. 互补基因是指相同对的两个基因，它们互相作用产生了新性状。() (中国科学院昆明植物研究所 2004 年考研试题)

28. 致死基因的作用发生在胚胎期或成体阶段的称为合子致死。() (中国科学院昆明植物研究所 2004 年考研试题)

29. 由分离和自由组合定律可知，具相对性状的亲本杂交，F₁全是杂合体，所以其表型很不一致。() (中国科学院昆明植物研究所 2002 年考研试题)

30. 反应规范是指某一基因型对不同环境的可能反应范围或幅度，即在各种环境中所显示的表型全部。() (中国科学院昆明植物研究所 2002 年考研试题)

31. 遗传学的测交是指用杂种与亲本进行交配。() (中国科学院昆明植物研究所 2002 年考研试题)

32. 基因型为 $aaBBccDDFF$ 的个体是个杂合体。() (中国科学院昆明植物研究所 2002 年考研试题)

33. 二倍体生物减数分裂形成配子时，同源染色体各对等位基因发生分离，而位于非同源染色体的基因可自由组合。() (中国农业大学 2000 年考研试题)

34. $AaBb$ 细胞有丝分裂产生的细胞是 $AaBb$ ，而减数分裂产生的配子有 AB 、 Ab 、 aB 、 ab 。() (中国农业大学 2000 年考研试题)

四、选择题

1. 分离定律的实质是指()。(河南师范大学 2006 年考研试题)

- A. 性状分离
- B. 配子分离
- C. 等位基因分离
- D. 基因型分离

2. 假定一个座位上有 20 个复等位基因，那么可能存在的基因型有()。(河南师范大学 2006 年考研试题)

- A. 20 种
- B. 210 种
- C. 200 种
- D. 190 种

3. 一个表型正常的人，其舅父患某种常染色体隐性遗传病，他如果和表型正常的姨表妹结婚，后代中患该病的风险是()。(南京师范大学 1995 年考研试题)

- A. 1/32
- B. 1/36
- C. 1/64

第四章 连锁互换与基因作图

【真题解析】

例题 1：家鼠有两个隐性性状：低垂耳和易脱落的尾。这两个性状是由在 3 号染色体上的相距 6 mu 的两个基因所决定的。用纯合的正常耳 (De) 和易脱落尾 (ft) 家鼠与纯合的低垂耳 (de) 和正常尾 (Ft) 家鼠杂交， F_1 代再与低垂耳和易脱落尾的家鼠测交，问在 100 个测交后代中不同类型家鼠的期望比是多少？(南开大学 2003 年考研试题)

知识要点

1. 相引相 (coupling phase) 与相斥相 (repulsion phase)：把甲乙两个显性性状联系在一起遗传，而甲乙两个隐性性状联系在一起遗传的杂交组合，称为相引相或相引组 (coupling phase)；把甲显性性状和乙隐性性状联系在一起遗传，而乙显性性状和甲隐性性状联系在一起遗传的杂交组合，称为相斥相或相斥组 (repulsion phase)。

2. 减数分裂中如果在同源染色体所观察的两个基因的非姐妹染色单体间发生交换会导致连锁基因间的重组。mu 是重组单位， $1\text{mu}=1\text{cM}$ 。

3. 交换值等于测交后代中重组类型占的比例。

解题思路

根据知识要点 1，知道得到的 F_1 为相斥相。根据知识要点 2，基因间会发生交换和重组，且交换值为 6%。可以知道 F_1 产生的四种配子及比例分别为 $Deft$ 47%； $deFt$ 47%； $DeFt$ 3%； $deft$ 3%。根据知识要点 3，可以得出测交后代中四种表现型的比例。因此期望值分别为 47、47、3、3 只。

标准答案

$$47 : 47 : 3 : 3$$

例题 2：在番茄中，圆形果 (O) 对长形果 (o) 显性，单一花序 (S) 对复状花序 (s) 显性。两对基因连锁，图距为 20 单位。今以纯合圆形果单一花序植株与长形果复状花序植株杂交，问：

(1) F_2 中有哪些表现型？各类型理论百分比为多少？

(2) 如希望得到 5 株纯合圆形果复状花序植株， F_2 群体至少为多少？

(3) 假定这两对基因不连锁，要得到 5 株纯合圆形果复状花序植株， F_2 群体

数至少为多少？（上海师范大学 2002 年考研试题）

知识要点

1. 连锁遗传规律：连锁遗传的相对性状是由位于同一对染色体上的非等位基因控制，它们具有连锁关系，在形成配子时倾向于连在一起传递；交换型配子是由于非姐妹染色单体间交换形成的。因此，在产生的四种配子中，大多数为亲本型配子，少数为重组型配子，而且其数目分别相等，均为 1:1。

2. 相引相和相斥相概念及区别。

3. 重组频率和图距的关系。

解题思路

1. 根据题意，纯合圆形果单一花序植株基因型为 $OOSS$ ，与长形果复状花序植株基因型为 $ooss$ 二者杂交后 F_1 代基因型为 $OoSs$ ，两基因排列为相引相。

2. 由于两个基因间图距为 20 单位，因此 F_1 代产生的配子及比例如下：

配子	OS	os	Os	oS
比例	40%	40%	10%	10%

自交后 F_2 代的基因型及比例如下：

基因型：	$OOSS$	$OoSS$	$OOSs$	$OoSs$	$OOss$	$Ooss$	$ooSS$	$ooSs$	$ooss$
比例：	16%	8%	8%	34%	1%	8%	1%	8%	16%

因此表现型及比例为：

圆形果单一花序 ($O_S_$)	66%	圆形果复状花序 (O_ss)	9%
长形果单一花序 ($ooS_$)	9%	长形果复状花序 ($ooss$)	16%

3. 纯合的圆形果复状花序植株的基因型为 $OOss$ ，该类型植株的理论比应为 1%，因此如果要得到 5 株该基因型的植株，那么群体至少应该有 500 株。

4. 假定这两个基因不连锁，那么其关系为自由组合的关系。 F_1 代产生的配子为四种且比例相同。基因型为 $OOss$ 的植株是由两个相同的 Os 配子结合得到的，因此 F_2 代中 $OOss$ 基因型个体的理论比例为 1/16，要得到 5 株这样的植株群体至少应为 80 株。

标准答案

(1) 圆形果单一花序 ($O_S_$) 66%，圆形果复状花序 (O_ss) 9%，
长形果单一花序 ($ooS_$) 9%，长形果复状花序 ($ooss$) 16%。

(2) 500。

(3) 80。

例题 3：在果蝇中，有一品系对三个常染色体隐性基因 a 、 b 和 c 是纯合的，但不一定在同一条染色体上，另一品系对显性野生型等位基因 A 、 B 、 C 是纯合的，把这两个个体交配，用 F_1 雌蝇与隐性纯合雄蝇亲本回交，观察到下列结果：

表型	数目
<i>abc</i>	211
<i>ABC</i>	209
<i>aBc</i>	212
<i>AbC</i>	208

问：(1) 这两个基因中哪两个是连锁的？

(2) 连锁基因间的重组值是多少？（中国科学院遗传所 2004 年考研试题；厦门大学 2000 年考研试题）

知识要点

自由组合和连锁互换都可以产生重组型的后代，但是两种重组型后代产生的机制是有很大的区别：自由组合产生的重组型后代是非同源染色体间的重组造成的基因之间的自由组合；而连锁互换产生的重组型后代是由于染色体内重组产生的，是由于非姐妹染色单体间的交换造成的基因间的重新组合。从产生的重组型后代的比例上来说，如果是测交后代，自由组合产生的重组型和亲本型在比例上是一致的，而连锁互换产生的重组型后代远远小于亲本型。如果两个基因完全连锁，测交后代中没有重组型出现。

解题思路

根据知识要点，三对等位基因的杂合体和纯合隐性亲本杂交后代的表现型一般会有以下可能：

1. 三个基因完全连锁，那么测交后代一般只有两种表现型，类似于 1 对等位基因测交后代的表现型。
2. 三个基因有两个完全连锁，那么测交后代一般会有 4 种表现型，类似于 2 对等位基因测交后代的表现型。
3. 三个基因不完全连锁或者三个基因不在同一染色体上，那么测交后代一般会有 8 种表现型，只不过这两种情况的后代的比例不同。

标准答案

- (1) 显然 *ac* 是连锁的。
- (2) 是完全连锁，重组值是 0。

解题捷径

根据测交后代是四种表现型可以判断虽然是三个基因的遗传，但是实际上类似两个基因测交的后代表型数，因此必然有两个基因是完全连锁的，重组值是 0。通过观察发现 *ac* 两个基因总是连锁在一起的，因此可以明显判断出 *ac* 是完全连锁的。

例题 4：有一果蝇品系对四个不同的隐性基因 *a*、*b*、*c*、*d* 是纯合体，*aabbccdd*

与 AABCCDD 杂交，其 F_1 雌蝇再与隐性纯合雄蝇回交，产生 2000 个子代，表型数据如下：

表型				数目	表型				数目
a	b	c	d	668	a	+	c	+	69
+	+	+	+	689	+	b	+	+	1
+	+	+	d	98	+	b	+	d	76
a	b	c	+	97	a	b	+	+	1
a	b	+	d	5	+	+	c	d	1
+	+	c	+	5	a	+	+	+	145
a	+	c	d	2	+	b	c	d	143

- 问：(1) 这四个基因之间的重组距离是多少？画出它们之间的连锁图。
 (2) 第一和第三基因之间的干涉度是多少？
 (3) 第二和第四基因之间的干涉度是多少？
 (4) 三交换的数目与预期值相等吗？其并发率和干涉度是多少？（厦门大学 1998 年考研试题）

知识要点

1. 重组频率和图距的关系（见例题 2）。
2. 双交换的发生频率很低，在测交子代中表现出来的数目就很小。这是判定是否发生双交换的依据。假如两次交换的发生与否是相互独立的，那么双交换的预期频率应为两个单交换频率的乘积。
3. 如果在某对基因间发生一次交换的条件下，会影响另一对基因间交换的发生，这种现象称为干涉。干涉度 = 1 - 并发系数。
4. 并发率 = $\frac{\text{实际双交换值}}{\text{预期双交换值}}$

解题思路

这是一个四个基因的连锁分析， F_1 的雌蝇是四个基因的相引相的杂合体，由于回交的雄蝇是隐性纯合，因此，回交后代的表现型直接反映 F_1 雌蝇的基因型。对于基因的重组值的计算和三点测验的方法一样。根据计算出来的两两基因间的单交换值计算预期双交换值，然后根据实际双交换值与预期双交换值的比值计算并发系数和干涉度。

标准答案

$$(1) \text{RF}(a-b) = \frac{436}{2000} \times 100\% = 21.8\%$$

$$\text{RF}(a-c) = \frac{300}{2000} \times 100\% = 15\%$$

$$RF(b-c) = \frac{160}{2000} \times 100\% = 8\%$$

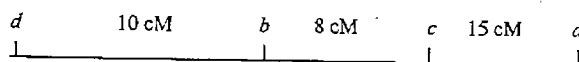
$$RF(c-d) = \frac{350}{2000} \times 100\% = 17.5\%$$

$$RF(b-d) = \frac{200}{2000} \times 100\% = 10\%$$

$$RF(a-d) = \frac{630}{2000} \times 100\% = 31.5\%$$

由于 ad 之间的重组值 (31.5) 约等于 ab (21.8) 和 bd (10) 之和，因此可以判断 ad 相距最远， b 位于 ad 之间，同理，可以判断 c 位于 ab 之间。

由以上结果可以确定四个基因间的连锁图如下：



(2) 干涉度 = $1 - C$ (并发系数)，第一个基因 d 和第三个基因 c 之间的双交换值 = $\frac{5}{2000} \times 100\% = 0.25\%$ 。

第一和第三个基因的并发系数 $C = 0.25\% / (10\% \times 8\%) = 0.3$

第一个基因 d 和第三个基因 c 之间的干涉度为： $1 - 0.3 = 0.7$ 。

(3) 计算同 2。

(4) 三交换产生的表型为 $d+c+$ 和 $+b+a$

三交换理论的比例为： $10\% \times 8\% \times 15\% = 0.12\%$

实际的比例为： $\frac{2}{2000} \times 100\% = 0.1\%$

三交换的并发系数为： $C = 0.83$ ，干涉度为： $1 - 0.83 = 0.17$ 。

例题 5：已知一个连锁图为 $\overset{a}{|} \xrightarrow{10} \overset{b}{|} \xrightarrow{20} \overset{c}{|}$ ，并发系数为 50%，一基因型为 abc/ABC 个体。问：

(1) 此个体能形成哪几种配子？比例如何？

(2) 自交后代中三个位点上为隐性纯合的个体占多大比例？

(3) 自交后代中三个位点上均为杂合的个体占多大比例？（河南师范大学 2001 年考研试题）

知识要点

如果在两条非姐妹染色单体上分别发生两次单交换，单交换 I 的概率为 α ，单交换 II 的概率为 β ，如果这两次交换同时发生（即为双交换），其概率理论上为 $(\alpha)(\beta)$ ，假设实际测得双交换的概率为 γ 。并发系数 (coefficient of coincidence or coincidence) C 为观察到的双交换数除以预期双交换的比值。 $C = \gamma / (\alpha)(\beta)$ 这个结果远小于 1，也就是说实际发生的双交换比预期发生的概率要小。

得多，这是由于一次重组事件的发生，干扰了另一次重组事件的发生，这一现象称为染色体的干涉 (chromosomal interference) 或称为交叉干涉 (chiasma interference)，以 I 来表示。干涉和并发系数的关系以下式表示： $I=1-C$ 。

解题思路

首先根据题意知道三个基因是连锁的关系，由于并发系数是 50%，因此可知是不完全连锁，所以判断可以产生 8 种类型的配子。

其次，根据给定的三个基因间的距离可以知道两两基因间的单交换值。根据单交换值计算理论双交换值，然后再根据并发系数的计算公式计算出实际双交换值，即可确定每种配子的比例。

标准答案

(1) 因为并发系数为 50%，因此是不完全干涉，可以产生 8 种配子。两个单交换的交换值分别为 10% 和 20%，双交换的交换值为 $10\% \times 20\% \times 50\% = 1\%$ 。8 种配子的比例为：

ABC	35.0%，	abc	35.0%，
ABc	9.75%，	abC	9.75%，
AbC	0.5%，	aBc	0.5%，
aBC	4.75%，	Abc	4.75%。

(2) 自交后代中三个位点都是隐性纯合的比例为 $35\% \times 35\% = 12.25\%$ 。

(3) 自交后代中三个位点均杂合的比例为 $35\% \times 35\% + 9.75\% \times 9.75\% + 0.5\% \times 0.5\% + 4.75\% \times 4.75\% = 12.25\% + 0.95\% + 0.0025\% + 0.225\% = 13.43\%$ 。

例题 6: his^- 和 lys^- 是啤酒酵母中发现的两个等位基因，为了能正常生长，在基本培养基中需要分别添加组氨酸和赖氨酸。以 $his^- lys^-$ 与 $his^+ lys^+$ 做杂交，分析了 818 个四分子，得到以下结果：

第一种四分子： $2 his^- lys^+ + 2 his^+ lys^- = 4$

第二种四分子： $2 his^- lys^- + 2 his^+ lys^+ = 502$

第三种四分子： $1 his^- lys^- + 1 his^- lys^+ + 1 his^+ lys^- + 1 his^+ lys^+ = 312$

问：(1) 计算考虑双交换和不考虑双交换所得到的图距，哪一个值更高，为什么？

(2) 两个基因座之间的单交换频率是多少？

(3) 在这一实验中期望的非亲二型子囊是多少？(南开大学 2002、2003 年考研试题)

知识要点

1. 啤酒酵母的子囊孢子是单倍体细胞，在有性生殖中，由它萌发长出的菌丝亦是单倍体，即它们是减数分裂的产物。所以一对等位基因决定的性状在杂交

子代中就可以看到分离。在啤酒酵母中，一次减数分裂产物包含在一个子囊中，所以从一个子囊中的子囊孢子的性状特征就很容易直观地看到一次减数分裂所产生的四分体中一对等位基因的分离。如果这一对等位基因与子囊孢子的颜色或形状有关，那么在显微镜下可以直接观察到子囊孢子的不同排列方式。

2. 当不考虑双交换时往往会低估基因间的图距。

3. 交换值等于交换型的子囊孢子数占全部子囊孢子的百分数。

4. 亲二型子囊指含有两种子囊孢子且基因型与二亲本相同的子囊；非亲二型子囊指含有两种子囊孢子且基因型与两个亲本不相同的子囊。非亲二型子囊的多少与两个基因间的距离远近有关系。非亲二型子囊的产生是一对同源染色体的四条姐妹染色单体间都发生了交换所致。

解题思路

1. 根据知识要点 2，如果计算的时候考虑双交换计算的图距要高于不考虑双交换的图距。

2. 根据知识要点 3，从已知的三种类型的四分子来看，第一种中的四分子均为交换型的，第二种均为亲本型，而第三种有一半是交换型。因此两个基因的单交换频率为

$$[(4 \times 4) + (312 \times 2) / 818 \times 4] \times 100\% = 19.6\%$$

3. 根据知识要点 4，第一种四分子属于非亲二型的子囊，其实际比例为 0.49%。其期望比例则为 $19.6\% \times 19.6\% = 3.84\%$

标准答案

(1) 如果计算图距的时候考虑双交换，计算的图距要高于不考虑双交换的。因为，不考虑双交换时，把实际的交换值低估了。

(2) 19.6%。

(3) 期望的非亲二型子囊是 3.84%。

例题 7：一只患有血友病的雌兔同时还患有软骨病，该雌兔和一只缺尾的雄兔交配，F₁代雌性全都是野生型，而雄兔患有血友病和软骨病。F₁代相互交配，得到以下 F₂代：

表现型	雄性只数	雌性只数	交换类型	基因型
正常	48	485	单交换	ABC
缺尾	437	0	亲本型	ABc
软骨	4	16	双交换	AbC
血友病	12	14	单交换	aBC
血友病、软骨	439	484	亲本型	abC
血友病、缺尾	2	0	双交换	aBc
软骨、缺尾	12	0	单交换	Abc
血友病、软骨、缺尾	46	0	单交换	abc

以上基因是否连锁，若连锁，求出基因顺序及图距。（南开大学 2000 年考研试题）

知识要点

1. 伴性遗传 (sex-linked inheritance): 也称为性连锁遗传, 指位于性染色体上的基因所控制的某些性状总是伴随性别而遗传的现象。X 连锁显性遗传特点: 患者的双亲必有一方是患者, 雌性患者多于男性; 雄性患者后代中, 女儿都是患者; 患病有世代连续性。X 连锁的隐性遗传的特点: 雄性患者多于女性患者, 系谱中往往只有雄性患者; 有交叉遗传现象, 即外公→女儿→外孙; 世代不连续性。

2. 三点测验。三点测验是基因定位最常用的方法。通过一次杂交和一次测交, 能同时确定三个非等位基因间的排列顺序和遗传距离, 而且结果也比较精确。三点测验的具体步骤如下。

第一步, 判断这三对基因是否连锁。若这三对基因不连锁, 即独立遗传 (分别位于非同源的三对染色体上), 测交后代的八种表现型应该彼此相等, 而现在的比例相差很远。若是两对基因位于一对同源染色体上, 另一对独立, 应该每四种表现型的比例一样, 总共有两类比例值。现在的结果也不是如此。试验结果是每两种表现型的比例一样, 共有四类不同的比例值, 这正是三对基因连锁在同一对同源染色体上的特征。

第二步, 确定排列顺序。既然这三对基因是连锁的, 在染色体上就有一个排列顺序的问题。首先在 F_2 群体中找出两种亲本表现型和两种双交换表现型。双交换的可能性肯定是最少的, 而亲本型个体数应该最多。

第三步, 计算重组值, 以确定三对基因间的遗传距离。由于每个双交换是由两个单交换组成的, 所以在估算两个单交换时, 必须分别加上双交换值, 才能正确地反映实际发生的单交换频率。

3. 染色体图 (chromosome map): 又称基因连锁图 (linkage map) 或遗传图 (genetic map), 是根据基因之间的交换值 (或重组值), 确定连锁基因在染色体上的相对位置而绘制的一种简单线性示意图。

4. 图距 (map distance): 两个基因在染色体图上距离的数量单位称图距。图距单位称为厘摩 (cM), 1% 交换值 = 1 cM。

解题思路

根据已知的一只患有血友病的雌兔同时还患有软骨病, 该雌兔和一只缺尾的雄兔交配, F_1 代雌性全都是野生型, 而雄兔患有血友病和软骨病的条件可以知道这三个性状均为 X 连锁的隐性性状。利用其 F_2 代的表型和比例计算交换值时一般只看其雄性个体的表型和数据, 因此题中的雌性个体的只数只是干扰项, 可以不予考虑。

解题思路

1. 根据亲本的基因型是 $AAbb$ 和 $aaBB$ ，可以判断两个基因在 F_1 代是相斥相。

2. 由于表型为 $aabb$ 的个体的基因型也只有 $aabb$ 一种，而且基因型为 $aabb$ 的个体是由 ab 配子结合而来的，因此可以根据 $aabb$ 表型的个体所占的比例开平方来计算出 ab 配子的比例，即 $aabb$ 个体的比例 $= \frac{2}{200} \times 100\% = 1\%$ 。那么 ab 配子的比例即为 10% ，根据基因间的交换特点，相对应的交换型配子比例是相同的，即 AB 的比例也是 10% 。

3. 两个基因间的交换值为 20% ，即图距为 20 cM 。

标准答案

20 cM

解题捷径

如果是自交法计算交换值，首先判断两基因是相引相还是相斥相，如本题是相斥相的话，双隐性配子的百分比 = 双隐性纯合体的比例开平方 $\times 100\%$ ，交换值 = $2 \times$ 双隐性配子的百分比。同样，如果是相引相，交换值 = $1 - 2 \times$ 双隐性配子的百分比。

例题 9：在番茄中，基因 O (oblate)、 P (peach)、 S (compound inflorescence) 是在第二号染色体上。用这三个基因都是杂合的 F_1 与三个基因是纯合的隐性个体进行测交，得到下列结果：

子代表型	+++	++s	+p+	+ps	o++	o+s	op+	ops
数目	73	348	2	96	110	2	306	63

- (1) 这三个基因在第二号染色体上的顺序如何？
- (2) 两个纯合亲本的基因型是什么？
- (3) 这三个基因间的图距是多少？画出这三个基因的遗传连锁图。
- (4) 并发系数是多少？

知识要点

1. 三点测验的概念及计算方法（见例题 8）。
2. 并发系数的概念（见例题 6）。

解题思路

1. 根据给定数据判断这是三个基因连锁的测交结果。
2. 根据数据区别亲本类型、单交换类型和双交换类型的基因型。由于连锁

基因的后代个体中亲本类型要远远多于交换类型的个体数量，因此最多的两种（ $++s, op+$ ）个体的基因型即为亲本类型，数量最少的两种（ $+p+, o+s$ ）为双交换类型的基因型，其余四种分别为两种单交换类型的基因型。

3. 确定基因间的顺序。由于三个基因的连锁遗传中如果发生双交换就等于中间基因的位置发生了变化，位于两边的基因相对位置不变。因此将亲本类型和双交换类型进行比较找出位置发生变化的一个基因，说明该基因位于三个基因的中间，以确定三个基因的排列顺序。

4. 计算重组值，确定图距。

5. 计算并发系数。

标准答案

(1) 这三个基因在第二号染色体上的顺序： $p o s$ 。

(2) 两个纯合体亲本的基因型： $++s/++s$ 和 pos/pos 。

(3) $R(p-o) = (110+96)/1000 + (2+2)/1000 = 21\%$ ，

$R(s-o) = (73+63)/1000 + (2+2)/1000 = 14\%$ ，

$R(p-s) = (110+96+73+63+2+2+2+2)/1000 = 35\%$ 。

三个基因的连锁遗传图如下：



(4) 并发系数 = $\frac{0.4\%}{21\% \times 14\%} = 0.136$ 。

解题捷径

首先通过双交换类型确定基因的顺序

例题 10: 基因型为 $AaBbCc$ 的个体，在下列情况下产生的配子的种类和比例是多少？

(1) 三对基因彼此独立。

(2) 其中两对基因连锁，第三对独立。

(3) 三对基因是连锁的，而且假定只发生一次交换，这一次交换有的性母细胞发生在连锁区段内，有的发生在连锁区段外。

(4) 三对基因是连锁的，而且有双交换。（北京师范大学 1997 年考研试题）

知识要点

1. 独立遗传的表现特征：如两对相对性状表现独立遗传且无互作，那么将两对具有相对性状差异的纯合亲本进行杂交，其 F_1 表现其亲本的显性性状， F_1 自交 F_2 产生四种类型：亲本型：重组型：重组型：亲本型，其比例分别为 9：3：

3:1。如将 F_1 与双隐性亲本测交，其测交后代的四种类型比例应为 1:1:1:1，如为 n 对独立分配的基因，则 F_2 表现型比例为 $(3:1)^n$ 的展开。

2. 连锁遗传的表现特征：如两对相对性状表现不完全连锁，那么将两对具有相对性状差异的纯合亲本进行杂交，其 F_1 表现其亲本的显性性状， F_1 自交 F_2 产生四种类型：亲本型、重组型、重组型、亲本型，但其比例不符合 9:3:3:1，而是亲本型组合的实际数多于该比例的理论数，重组型组合的实际数少于理论数。如将 F_1 与双隐性亲本测交，其测交后代形成的四种配子的比例也不符合 1:1:1:1，而是两种亲本型配子多，且数目大致相等，两种重组型配子少，且数目也大致相等。

解题思路

三对基因彼此独立，那么在产生配子时是按照自由组合和独立分配的规律来进行的，因此可以产生 2^3 种配子，而且每种配子所占的比例相等。

如果其中有两对基因连锁的话，要分两种情况：一是这两对基因完全连锁，二是不完全连锁。如果是前者则可将完全连锁的两对基因当成一对，因此可以形成 2^2 种比例相等的配子，如果是后者则形成 2^3 种比例不等的配子。

如果是三对基因连锁，而且发生一次交换，并且由于有的交换是发生在连锁区段外，所以产生的配子种类有四种，其中有亲本型和重组型两种，而且亲本型要大于重组型配子。

如果三对基因连锁，而且有双交换发生，那么可以产生的配子的种类是 2^3 。

标准答案

(1) 三对基因彼此独立，可以产生 8 种相同比例的配子。

(2) 其中两对基因连锁，如果是完全连锁，则产生 4 种配子，比例相等。如果是不完全连锁则产生 8 种配子。

(3) 三对基因连锁发生一次交换，说明另外两个基因是完全连锁，那么可以产生 4 种配子。

(4) 三对基因连锁，而且有双交换，那么可以产生 8 种配子，两种亲本型，两种双交换型，4 种单交换型。

例题 11：纯合紫眼 ca 、卷翅 cu 、皱翅 fl 果蝇与野生果蝇杂交， F_1 雌果蝇进行测交，后代表现型如下：

皱翅 ($ca\ cu\ fl/+ + fl$)	4	紫眼	173
卷翅	26	皱翅、紫眼	24
皱翅、卷翅	167	紫眼、卷翅	6
皱翅、卷翅、紫眼	298	野生型	302

问：三个基因是否连锁？如果连锁，求三个基因的顺序、图距和并发系数。

(青岛海洋大学 2000 年考研试题)

知识要点

1. 三点测验的概念及基因顺序的确定 (见例题 8)。
2. 图距、并发系数的概念 (见例题 6、例题 14)。
3. 连锁互换和自由组合的区别。

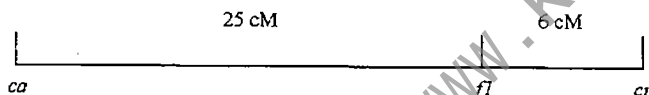
解题思路

由于测交后代出现 8 种表现型，而且野生型和三隐性表现型的数量远远大于其他表型，因此三个基因是连锁的关系。三个基因的顺序是 $ca\ fl\ cu$ 。

ca 到 fl 的图距为 25 cM， cu 到 fl 的图距为 6 cM， ca 到 cu 的图距为 31 cM。

标准答案

三个基因间是连锁的，其图距与顺序如下：



$$\text{并发系数} = \frac{0.01}{0.25 \times 0.06} = 0.67$$

例题 12：哺乳动物体毛性状有短毛 (L) 和长毛 (l)、直毛 (R) 和卷毛 (r)、黑毛 (B) 和白毛 (b)。短毛对长毛、直毛对卷毛及黑毛对白毛分别为显性，将表型为短毛、直毛、黑毛的纯合体与长毛、卷毛、白毛个体杂交得到 F_1 代。 F_1 再与长毛、卷毛、白毛个体测交，测交后代的表型及分离比如下：

短直黑 7	短卷白 7	短直白 1	短卷黑 1
长直黑 7	长卷白 7	长直白 1	长卷黑 1

请说明这三对基因在染色体上的分布情况，即是在一对同源染色体上，还是在几对非同源染色体上。如果是分布在同一对染色体上，它们之间的重组值是多少？(上海师范大学 2001 年考研试题)

知识要点

1. 自由组合和连锁遗传的特点及区别 (见例题 11)。
2. 重组率又称重组值 (recombination value) 是指双杂合体产生重组型配子的比例，即重组型配子在总配子中所占的百分数，所以又称重组率 (recombination frequency)。

解题思路

该题是判断基因之间关系的，即是独立遗传还是连锁遗传。由于给的是测交

结果，因此，如果两个基因间测交后代比例符合 1:1:1:1，即为自由组合的关系，否则即为连锁的关系。首先判断 *L* 与 *R* 两个基因的关系，子一代可以产生 4 种基因型的配子：*LR*、*Lr*、*lR*、*lr*，测交后代表型分别为短直：短卷：长直：长卷=8:8:8:8。因此可以判断 *L* 和 *R* 两个基因是自由组合的关系。同理判断 *L* 和 *B* 基因也是自由组合的关系。*B* 和 *R* 是连锁关系。

根据题意 *RB* 基因测交后代表型的亲本型是直黑和卷白，重组型是直白和卷黑。因此两个基因间的重组值 = $\frac{4}{32} \times 100\% = 12.5\%$ 。

标准答案

B 和 *R* 基因位于一同源染色体上，*L* 位于另一同源染色体上。重组值为 12.5%。

解题捷径

把三对相对性状拆开，两两在一起进行分析，看是否连锁。

例题 13：基因型为 *++* 的脉孢菌 (*Neurospora*) 与基因型为 *ab* 的脉孢菌杂交，得到以下四分子（注意：为了简化起见，这里给出的是四分子而不是八分子）。

<i>a b</i>	<i>a b</i>	<i>a b</i>	<i>a +</i>	<i>a +</i>	<i>a +</i>	<i>a b</i>
<i>a b</i>	<i>+ b</i>	<i>a +</i>	<i>+ b</i>	<i>+ b</i>	<i>a +</i>	<i>+ +</i>
<i>+ +</i>	<i>+ +</i>	<i>+ b</i>	<i>+ +</i>	<i>+ b</i>	<i>+ b</i>	<i>+ +</i>
<i>+ +</i>	<i>a +</i>	<i>+ +</i>	<i>a b</i>	<i>a +</i>	<i>+ b</i>	<i>a b</i>
72	16	11	2	2	1	1

- (1) 这是多少细胞减数分裂所得到的数据？
- (2) 分别计算出 *a*、*b* 基因座和着丝粒的图距及 *a*、*b* 基因座之间的 RF。
- (3) 绘出连锁图，标明 *a*、*b* 基因座与着丝粒间的关系。

知识要点

1. 真菌连锁遗传分析特点。

链孢霉有两种繁殖方式，一种是无性繁殖，当其孢子 (*N*) 或菌丝落在营养物上，孢子萌发，菌丝生长形成菌丝体 (*N*)。另一种是有性繁殖，两个亲本必须是不同的交配型 (*matig type*) *A* 和 *a*，各自的分生孢子会散落在不同交配型子实体的受精丝上，进入子实体，进行核融合，形成 *2n* 核 (*A/a*)。二倍体时期十分短暂，很快进行减数分裂，最后再经过一次有丝分裂，在子囊中产生 8 个单倍体的子囊孢子，子囊孢子成熟后又可萌发，长成新的菌丝体。

链孢霉后代多，样本大，统计分析的误差小，生活周期短，在短时间内可获得结果。链孢霉易培养和操作，可利用选择培养基筛选各种突变型。链孢霉又属

真核生物，可作为真核生物的研究模型，因此是很好的遗传学实验材料。子囊孢子是单倍体，不存在显隐性的问题，表型和基因型一致。孢子按顺序排列在子囊中，我们称其为顺序四分子 (ordered tetrad)，经过分析易于确定是否是重组类型及基因的转变，其着丝粒本身也可看作是一个位点来研究，因此在四分子时期进行遗传分析是很方便的，这种方法称为四分子分析 (tetrad analysis)。

2. 着丝粒作图。

根据链孢霉四分子的顺序排列的特点可以用来判断某基因和着丝粒之间是否发生交换。如果发生了交换四分子的排列顺序为+-+-、+-+-、-+-+、-+-+四种，即属于第二次分裂分离 (MII)；如果没有发生交换四分子的排列顺序为++--、--++两种，即属于第一次分裂分离 (MI)。因此可以根据最终产生子囊是交换型还是非交换型的特点来计算着丝粒和该基因间的交换值。由于交换型的子囊中只有一半的子囊孢子是交换的产物，因此交换值的计算公式为：

$$RF(\text{着丝粒-基因}) = \frac{MII \times 1/2}{MI + MII} \times 100\%$$

解题思路

1. 根据脉孢霉的有性生殖特点，一个细胞经过减数分裂的两次分裂形成一个顺序四分子，因此，105个四分子是由105个细胞分裂来的。

2. 根据脉孢霉四分子的排列顺序判断两个基因在每种四分子中的分裂类型是属于第一次分裂分离 (MI) 还是第二次分裂分离 (MII)。然后利用公式分别计算两个基因 a 、 b 到着丝粒的距离。由于亲本脉孢霉的基因型分别是 ab 和 $++$ ，因此从7种排列类型中分析每一个四分子是亲本的还是交换型的。例如，类型1中四个四分子全部都是亲本型的，即在 ab 基因间没发生交换。依次分析后根据重组值计算公式 $RF(a-b) = \text{亲本型} / (\text{重组型} + \text{亲本型}) \times 100\%$ 来确定 ab 基因间的距离。

3. 根据三个基因的距离关系确定其排列顺序，并绘制连锁图。

标准答案

(1) 105。

$$(2) RF(\text{着丝粒}-a) = \frac{16+2+2+1}{105} \times 1/2 \times 100\% = 10\%$$

$$RF(\text{着丝粒}-b) = \frac{11+2+2+1}{105} \times 1/2 \times 100\% = 7.6\%$$

$$RF(a-b) = [(16+11+2) \times 1/2 + 2+1] / 105 \times 100\% = 16.7\%$$

(3) 根据 PD 和 NPD 的实际数量和理论频率判断 ab 和着丝粒的相对位置为着丝粒在中间。

因此连锁图为

