

豌豆有7对染色体，同一试验中可以同时研究几对独立的基因？

思考题

- 1、遗传学三大规律的细胞学基础。
- 2、遗传学三大规律的区别和联系。

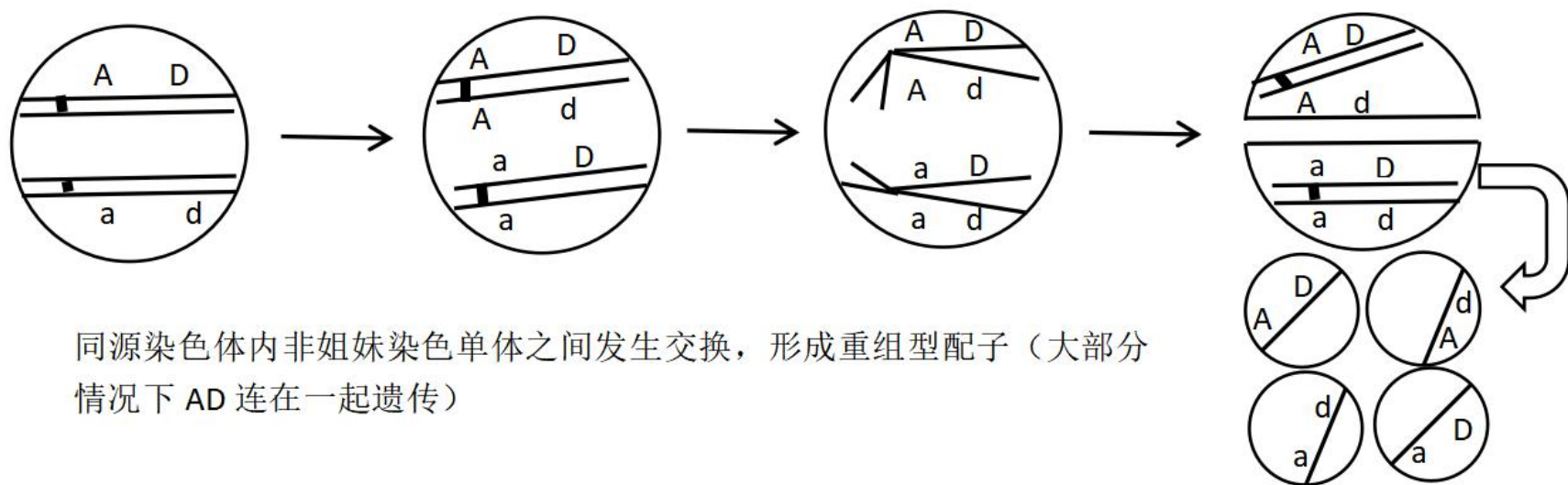
遗传三大规律的细胞学基础。

- **分离规律：**等位基因位于同源染色体两个成员的对等的位点上，在形成配子时（在减数分裂的后期I）随同源染色体的分离而发生分离，各自独立地进入不同的配子中。
- **独立分配规律：**控制不同对相对性状的基因位于不同的同源染色体上，在形成配子时（在减数分裂的后期I）随同源染色体的分离而分离，随不同对同源染色体的自由组合而自由组合，各自独立地分配到配子中。一对基因与另一对基因的分离与组合互不干扰，各自独立。
- **连锁遗传规律：**控制不同对相对性状的基因位于同一对同源染色体上，在形成配子时（在减数分裂的后期I）等位基因随同源染色体的分离而分离，不同对的等位基因由于位于同一对同源染色体上而常常连系在一起遗传，形成亲本型的配子，但由于部分性母细胞内在减数分裂的前期I发生同源染色体非姐妹染色单体的交换（在我们研究的基因间发生有意义的交换），可以形成重组型的配子，但重组型的配子数少于50%。

•

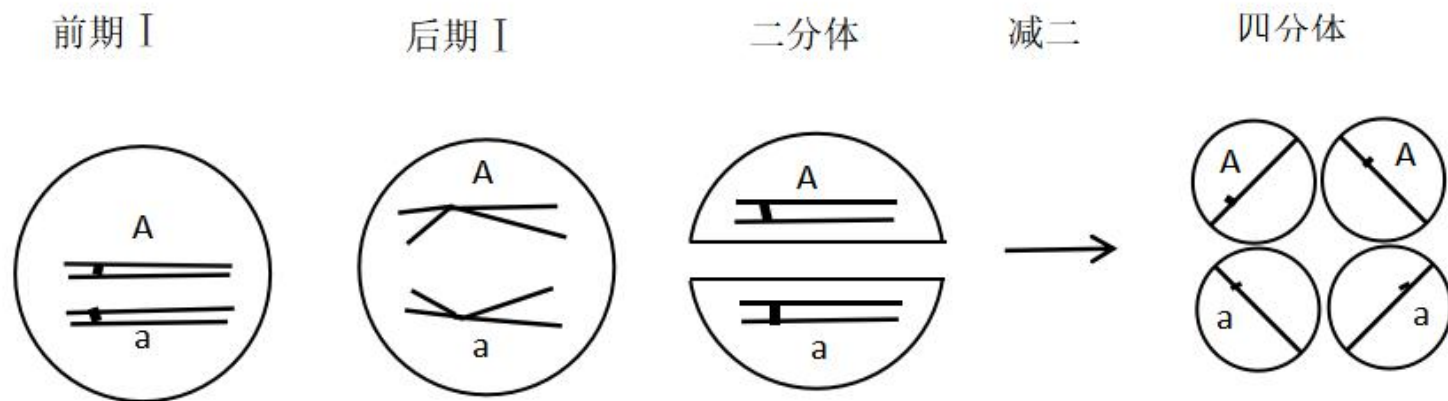
- 连锁遗传（不完全连锁）与独立遗传的表现特征及其细胞学基础
- F_1 形成配子 2^n 种
比例相等；
比例不等，亲本型组合数多于理论数，重组体数少于理论数
- F_2 表现型种类
分离比例为 $(3:1)^n$
分离比例不符合 $(3:1)^n$,亲本型组合个体数多于理论数，性状重新组合个体数少于理论数

3、连锁遗传规律



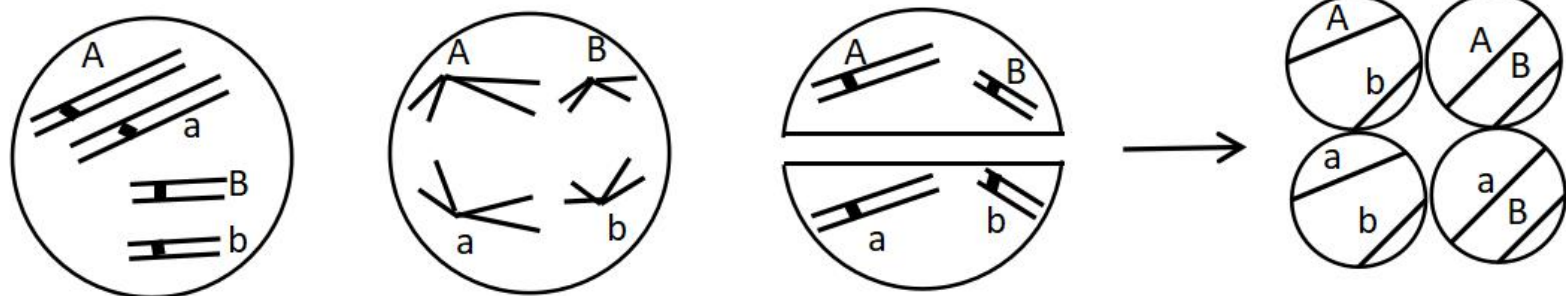
三大遗传规律的细胞学基础

1、分离规律



同源染色体分离，其上的
基因也随其分离

2、自由组合规律



向两级移动时，两对染色体可自由组合，其上的基因也自由组合

- **分离规律：**等位基因在形成配子时（在减数分裂的后期I随同源染色体的分离而分离）发生分离，各自独立地进入不同的配子中。
实质：等位基因的分离
- **独立分配规律：**控制不同对相对性状的基因位于不同的同源染色体上，在形成配子时（在减数分裂的后期I随同源染色体的分离而分离，随不同对同源染色体的自由组合而自由组合）各自独立地分配到配子中。一对基因与另一对基因的分离与组合互不干扰，各自独立。
实质：等位基因的分离和非等位基因的自由组合。
- **连锁遗传规律：**控制不同对相对性状的基因位于同一对同源染色体上，在形成配子时（在减数分裂的后期I等位基因随同源染色体的分离而分离，不同对的等位基因由于位于同一对同源染色体上而）连系在一起遗传，杂种F₁产生的配子比例不等。
实质：等位基因的分离和非等位基因的连锁和交换重组。
- **联系：**等位基因的分离都符合分离规律；不同对等位基因的遗传在位于不同的同源染色体上时，符合独立分配规律，杂种F₁产生的配子比例相等；不同对等位基因在位于同一对同源染色体上时，符合连锁遗传规律，杂种F₁产生的配子比例不相等。

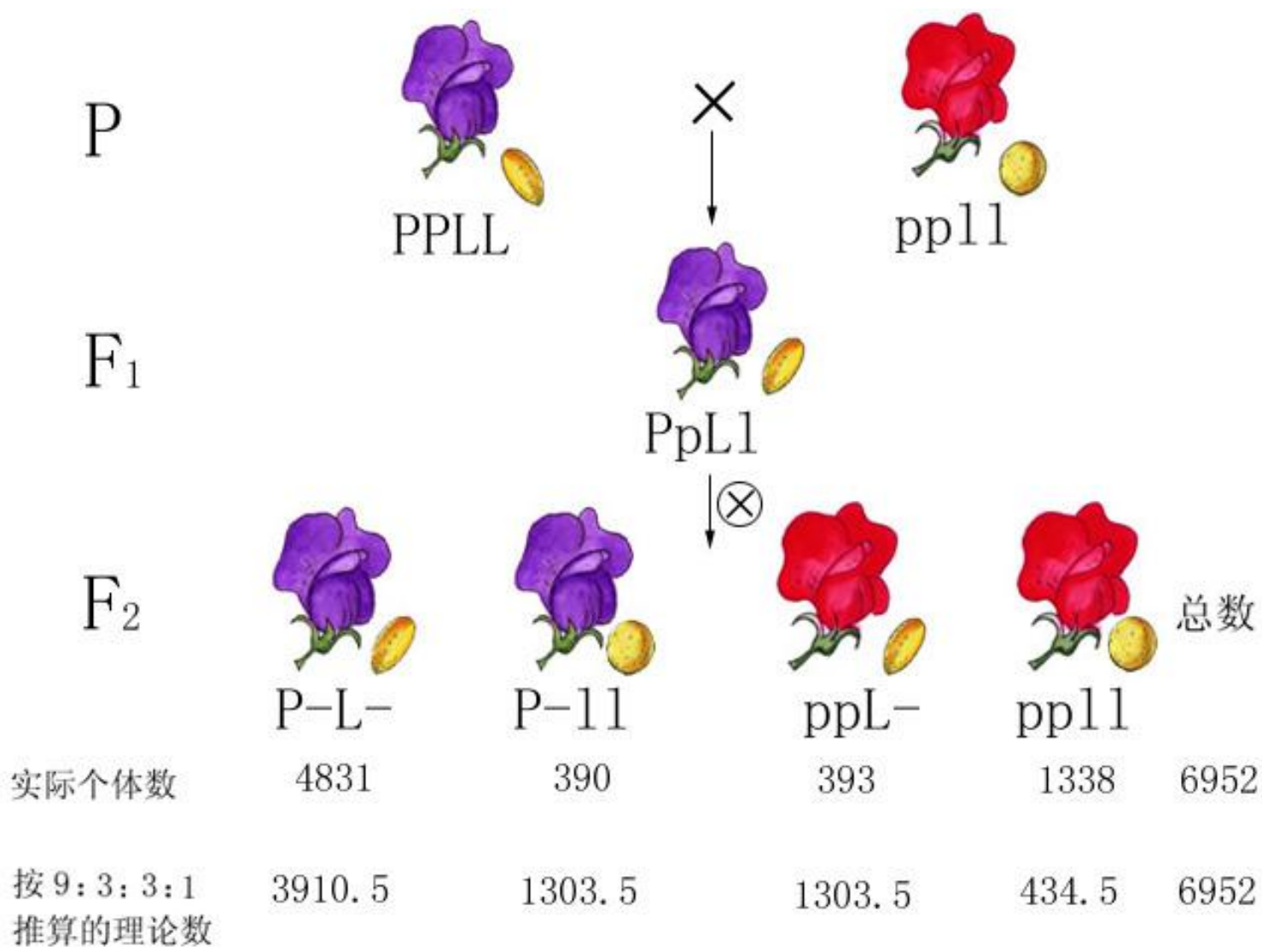
第四章 连锁遗传和性连锁

第一节 连锁与交换

一、连锁遗传及解释

(一) 性状连锁遗传的发现

性状连锁遗传现象是Bateson和 Punnett (1906) 在香豌豆的杂交试验中首先发现的。



P



PP11

×



ppLL

F₁



PpLl

F₂



P-L-



P-11

⊗



ppL-



pp11

总数

实际个体数

226

95

97

1

419

按 9:3:3:1
推算的理论数

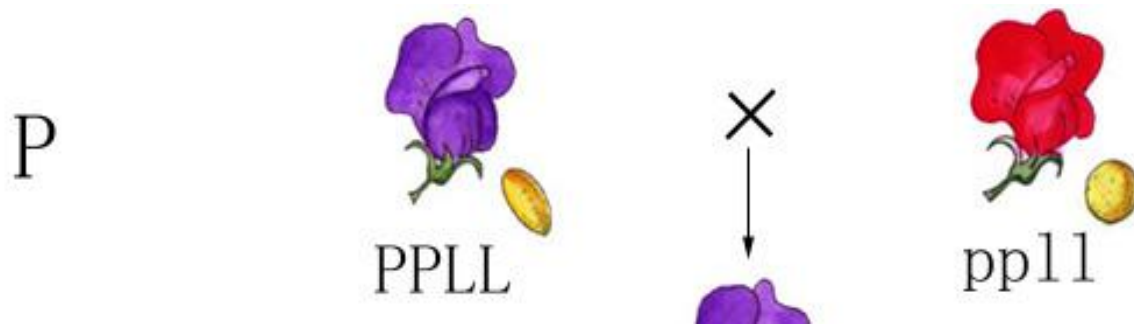
235.8

78.5

78.5

26.2

419



相引组合 coupling phase : 两个显性性状连系在一起的亲本和两个隐性性状连系在一起的亲本间的杂交组合。

相引相

相斥组合 repulsion phase: 一个显性性状和一个隐性性状连系在一起的两个亲本间的杂交组合。

相斥相



(二)连锁遗传的解释

*Bateson*和*Punnett*未能对性状连锁遗传现象作出解释。

*Morgan*等 (1911)以果蝇为试验材料, 通过大量遗传研究, 对连锁遗传现象作出了科学的解释。

两对基因:

眼色 红眼-显性($pr+$)

紫眼-隐性(pr)

翅长 长翅-显性($vg+$)

残翅-隐性(vg)

P $pr^+ pr^+ vg^+ vg^+ \times prprvgvg$



F₁ $pr^+ prvg^+ vg \text{ ♀} \times prprvgvg \text{ ♂}$



F_t	$pr^+ prvg^+ vg$	1339
	$prprvgvg$	1195
	$pr^+ prvgvg$	151
	$prprvg^+ vg$	154

果蝇相引组的两对相对性状的连锁遗传

P

++ ++ × prprvgvg



F₁

+pr+vg × prprvgvg



F_t

+pr+vg

1339

prprvgvg

1195

+prvgvg

151

prpr+vg

154

果蝇相引组的两对相对性状的连锁遗传

P **pr⁺pr⁺vgvg** × **prprvg⁺vg⁺**



F₁ **pr⁺prvg⁺vg** ♀ × **prprvgvg** ♂



F_t	pr⁺prvg⁺vg	157
	prprvgvg	146
	pr⁺prvgvg	965
	prprvg⁺vg	1067

果蝇相斥组的两对相对性状的连锁遗传

从相引组和相斥组结果看:

- (1) F_1 虽然形成四种配子, 但其比例不符合1:1:1:1。
- (2) 两种亲本型配子多, 两种重组型配子少。
- (3) 两种亲型配子数大致相等, 两种重组型配子数也大致相等。

?

P $pr^+ pr^+ vg^+ vg^+ \times prprvgvg$

$pr^+ vg^+$

$prvg$

从相引组和相斥组结果看：

- (1) F_1 虽然形成四种配子，但其比例不符合1:1:1:1。
- (2) 两种亲本型配子多，两种重组型配子少。
- (3) 两种亲型配子数大致相等，两种重组型配子数也大致相等。

Morgan解释：控制眼色和翅长的两对基因位于同一对同源染色体上。减数分裂时部分细胞中同源染色体的两条非姊妹染色单体之间发生交换，形成重组型配子。

作业

P100

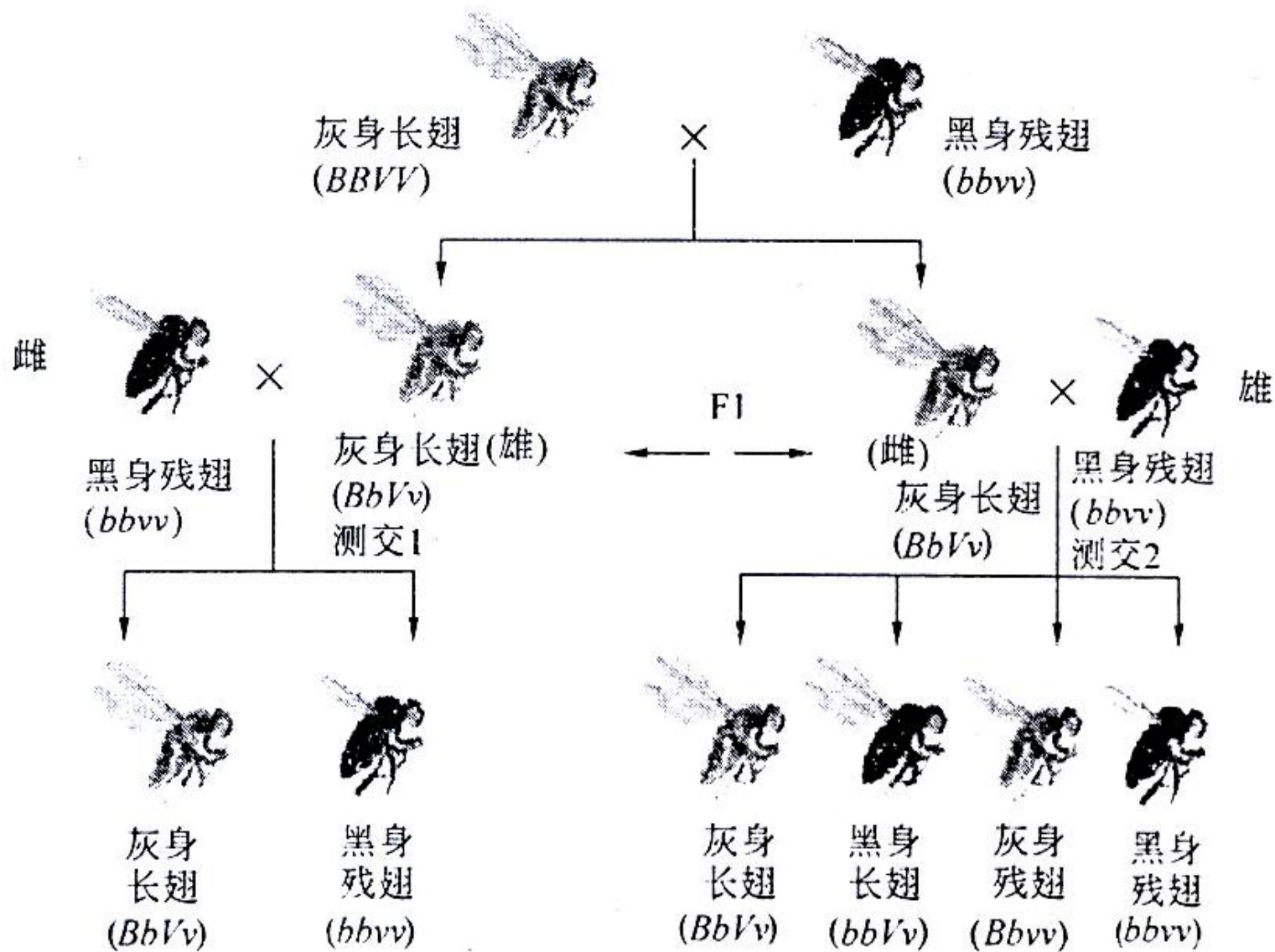
2

二、完全连锁和不完全连锁

连锁遗传:在同一同源染色体上的非等位基因连在一起而遗传的现象。

完全连锁complete linkage :同一同源染色体的两个非等位基因之间不发生非姊妹染色单体之间的交换，则二者总是连系在一起而遗传的现象。

不完全连锁incomplete :同一同源染色体上的两个非等位基因之间或多或少地发生非姊妹染色单体之间的交换，测交后代中大部分为亲本型，少部分为重组型的现象。



完全连锁

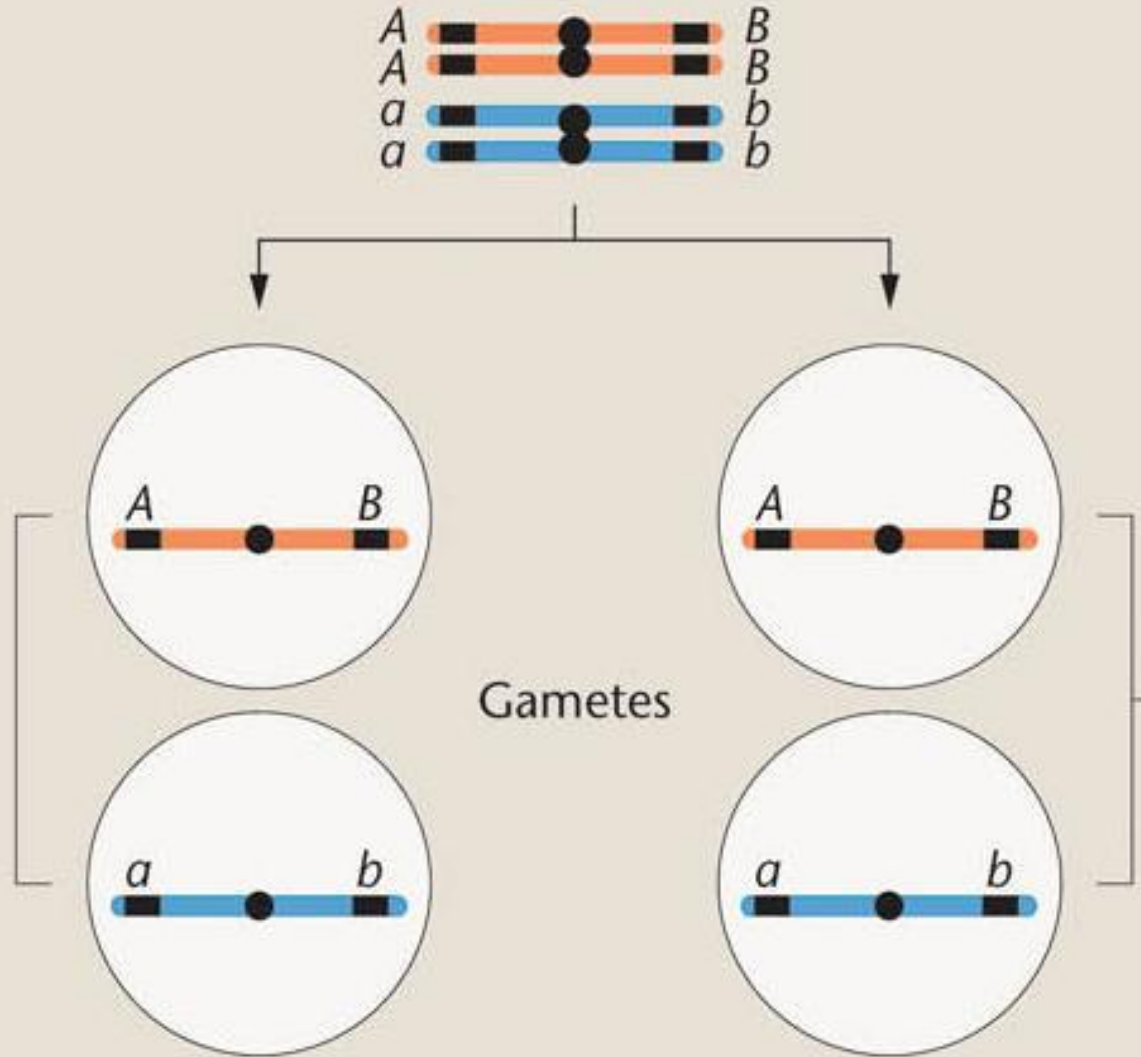
不完全连锁

三、交换及其发生机制

同源染色体的非姊妹染色单体之间的对应片段的交换，从而引起相应基因间的交换与重组。

(b)

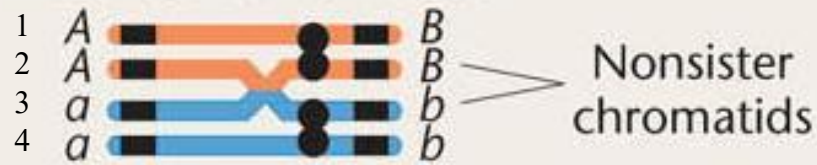
Linkage: Two genes on a single pair of homologs: no exchange occurs



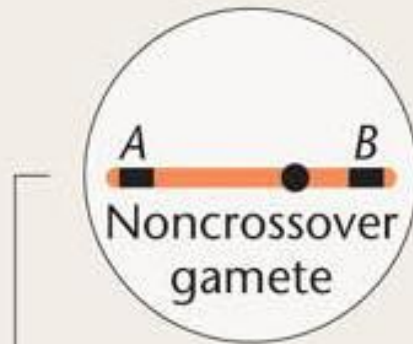
完全连锁 complete linkage

(c)

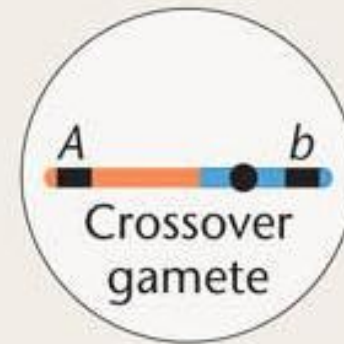
Linkage: Two genes on a single pair of homologs: exchange occurs between two nonsister chromatids



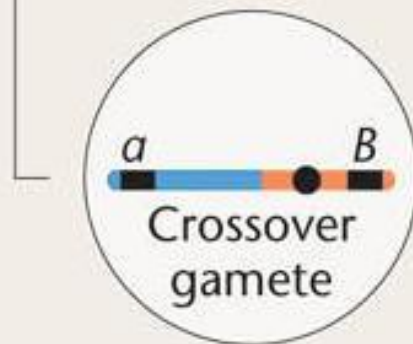
亲本型配子



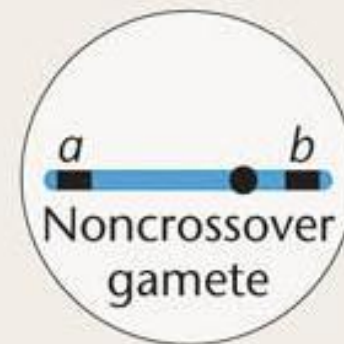
重组型配子



重组型配子



亲本型配子

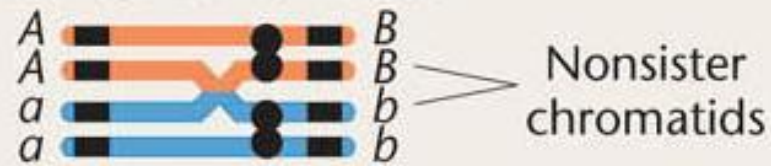


Gametes

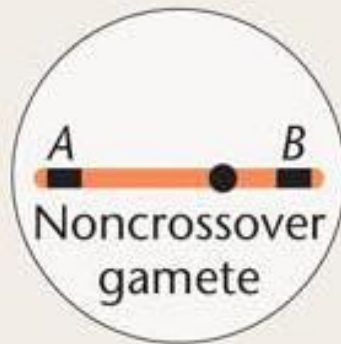
部分连锁 incomplete linkage

(c)

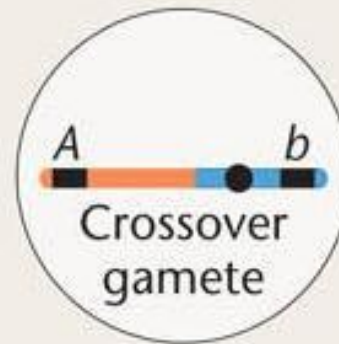
Linkage: Two genes on a single pair of homologs: exchange occurs between two nonsister chromatids



亲本型配子

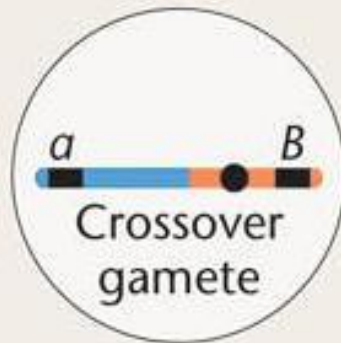


重组型配子

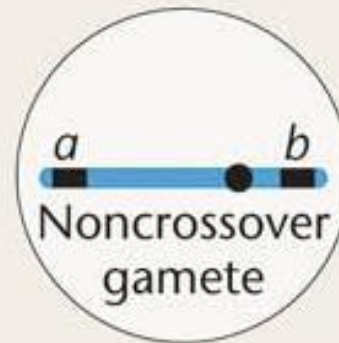


Gametes

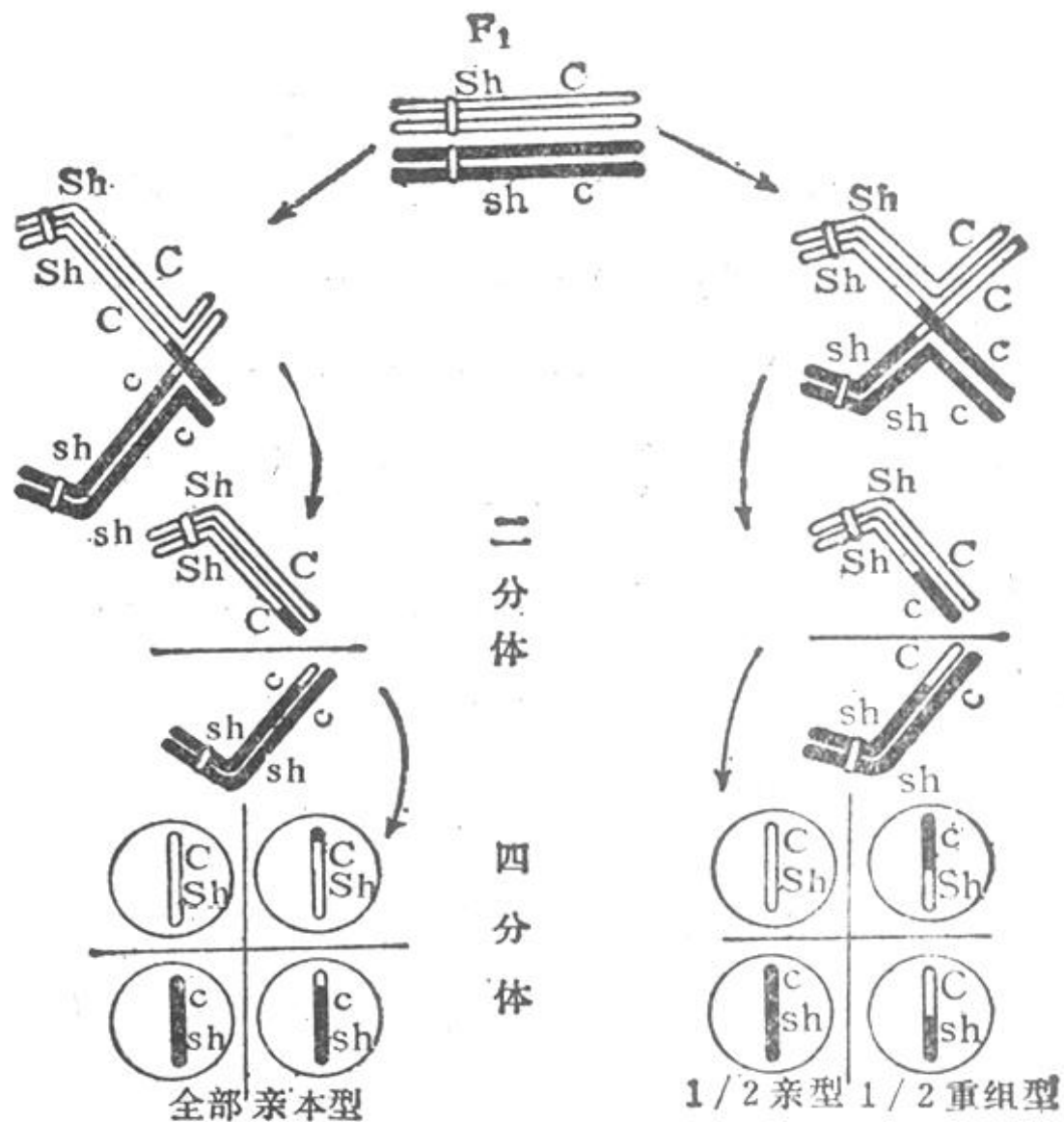
重组型配子



亲本型配子



部分连锁 incomplete linkage



交换与重组型配子形成过程的示意图

植物100个小孢子母细胞内，发生有效交换者7个，
计算重组型配子的比例是多少？

发生有效交换者7个

$7 \times 4 = 28$ 个配子 14 亲本型配子
 14 重组型配子

不发生交换者93个

$93 \times 4 = 372$ 个亲本型配子配子

重组型配子的比例 = $14/400 = 3.5\%$

两对连锁基因之间发生交换的孢母细胞的百分数，恰恰是重组型配子(又称交换型配子)百分数的2倍

第二节 交换值及其测定

一、交换值

交换值(crossing-over value): 在所研究的2个基因座位之间非姊妹染色单体间发生交换的频率。

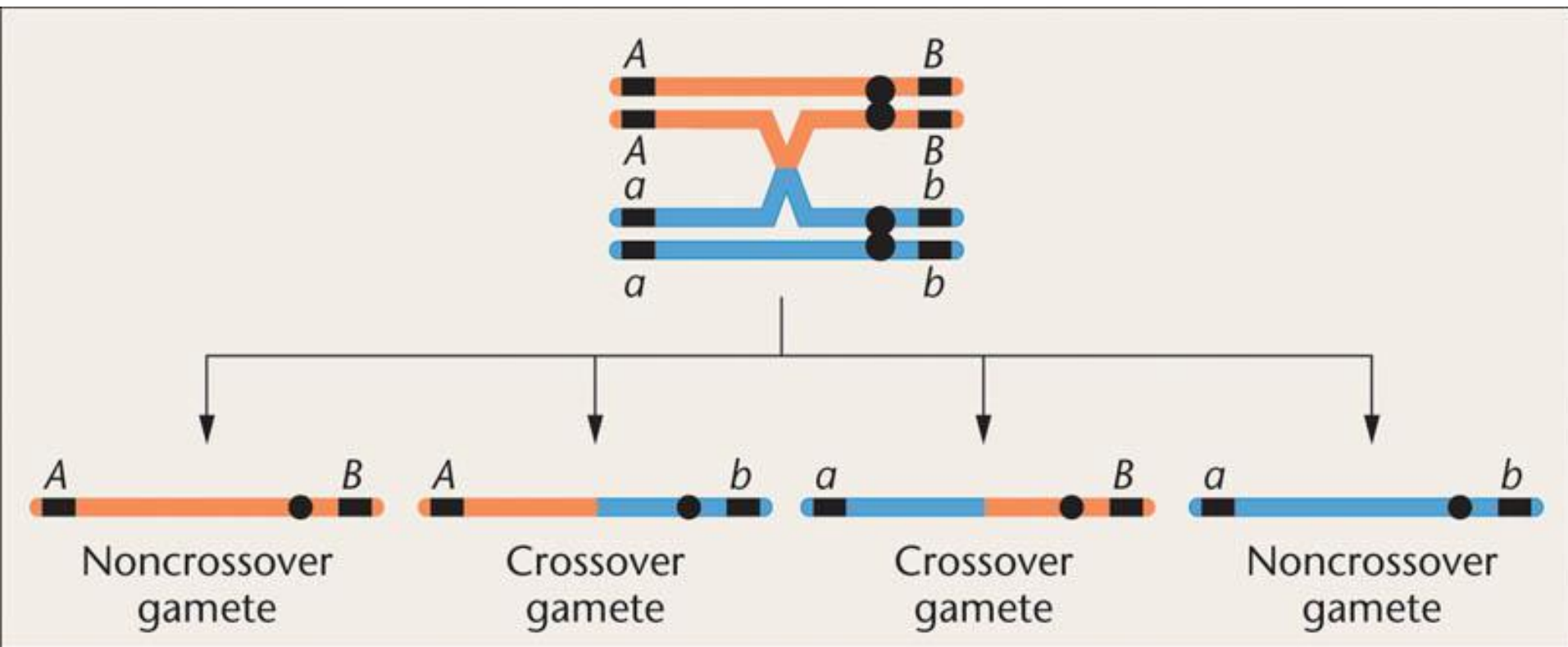
一般利用重新组合配子数占总配子数的百分率即重组率(recombination frequency)进行估算。

严格地讲，这两者是不同的。

重组率 = (重组型配子数/总配子数) × 100 %

两个基因座位之间的距离与重组率

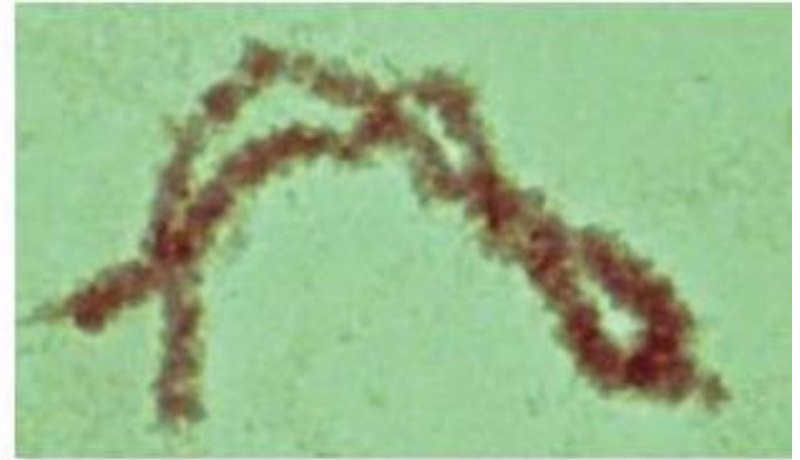
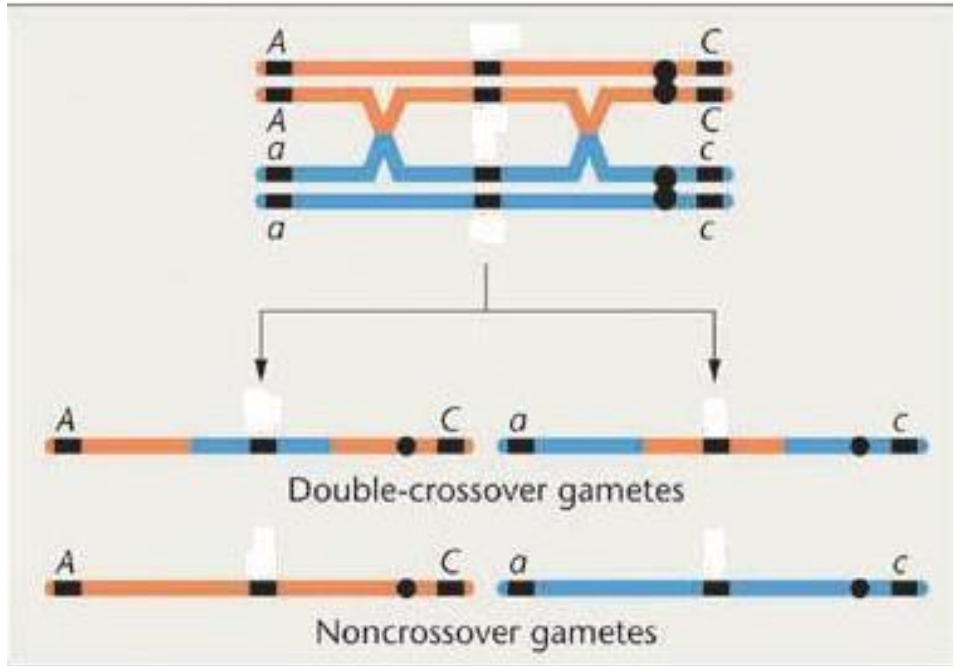
- ❖ 两个基因座位之间的距离与发生交换的频率成正比。
- ❖ 距离越大，其间发生交换的孢母细胞比例越大，产生的重组型配子越多，重组率越高。



所有孢母细胞都发生交换产生50%重组型配子

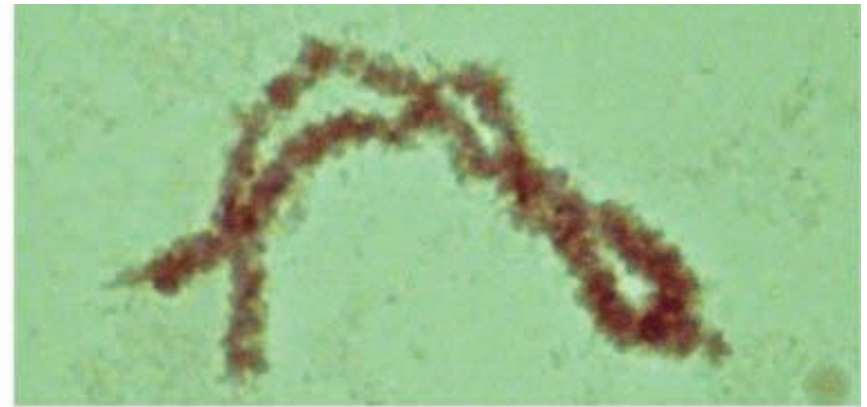
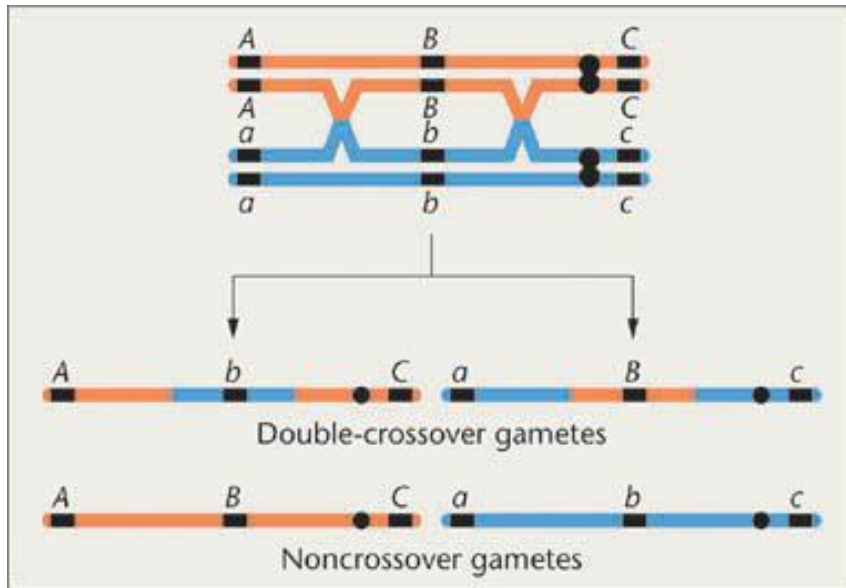
最大重组率不会超过50%！

双交换 double crossover



- 如果所研究的两个基因座相距较远，其间可能发生2次交换
- 如图，不产生重组型配子

增加遗传标记就能发现双交换

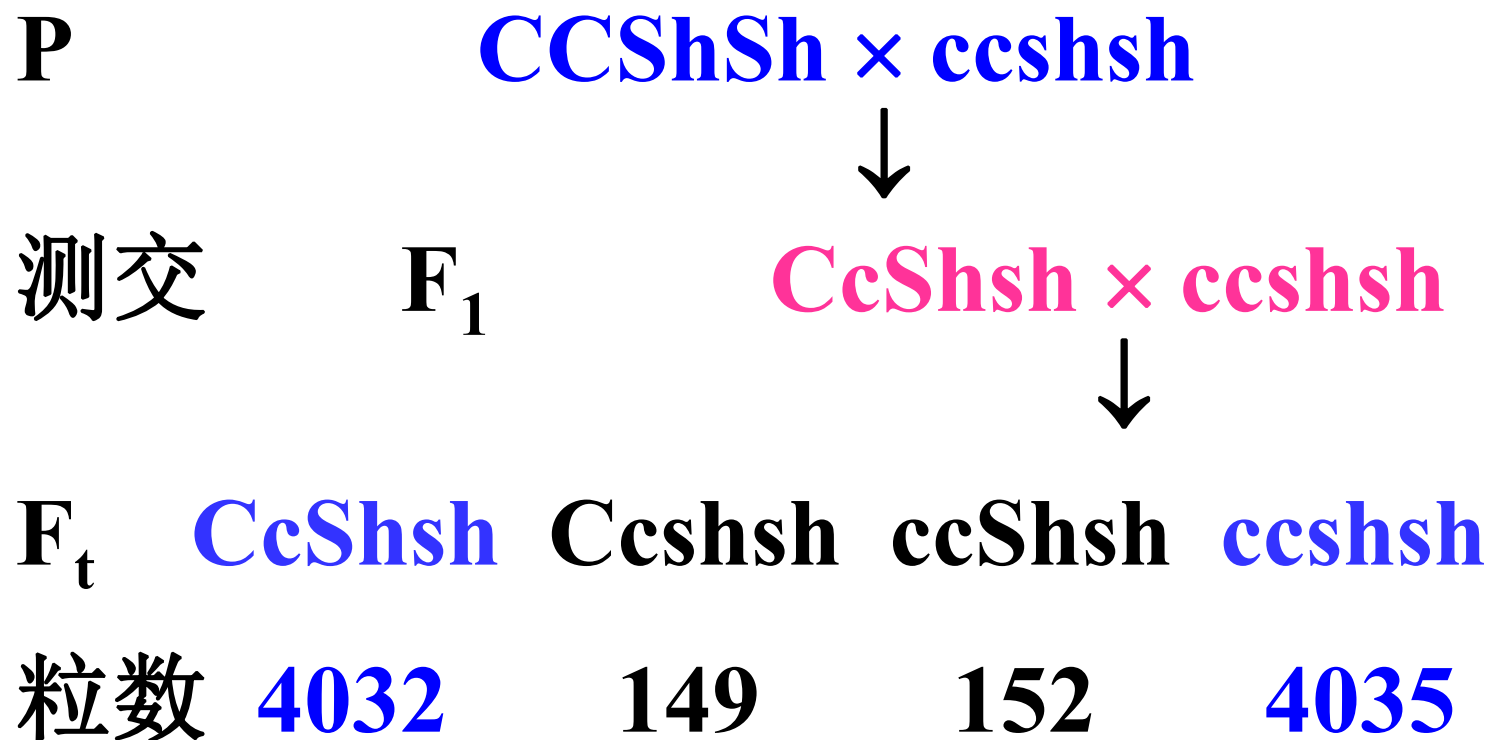


二、交换值的测定：

(一) 测交法

(二) 自交法

(一) 测交法



（二）自交法

主要适用于自花授粉作物

P



×



F₁



⊗

F₂



P-L-



P-11



ppL-



pp11

总数

实际个体数

4831

390

393

1338

6952

设 F_1 产生的四种配子PL, Pl, pL, pl的比例分别为:
 a, b, c, d ; 则有:

$$a+b+c+d=1$$

$$a=d, b=c$$

	PL(a)	Pl* (b)	pL* (c)	pl(d)
PL(a)				
Pl* (b)				
pL* (c)				
pl(d)				d^2

F_2 的4种表现型(9种基因型)及其理论比例为:

P_L_ (PPLL, PPLl, PpLL, PpLl):

$$a^2+2ab+2ac+2bc+2ad$$

P_ll (PPlI, PplI) :

$$b^2+2bd$$

ppL_ (ppLL, ppLl) :

$$c^2+2cd$$

ppll :

$$d^2$$

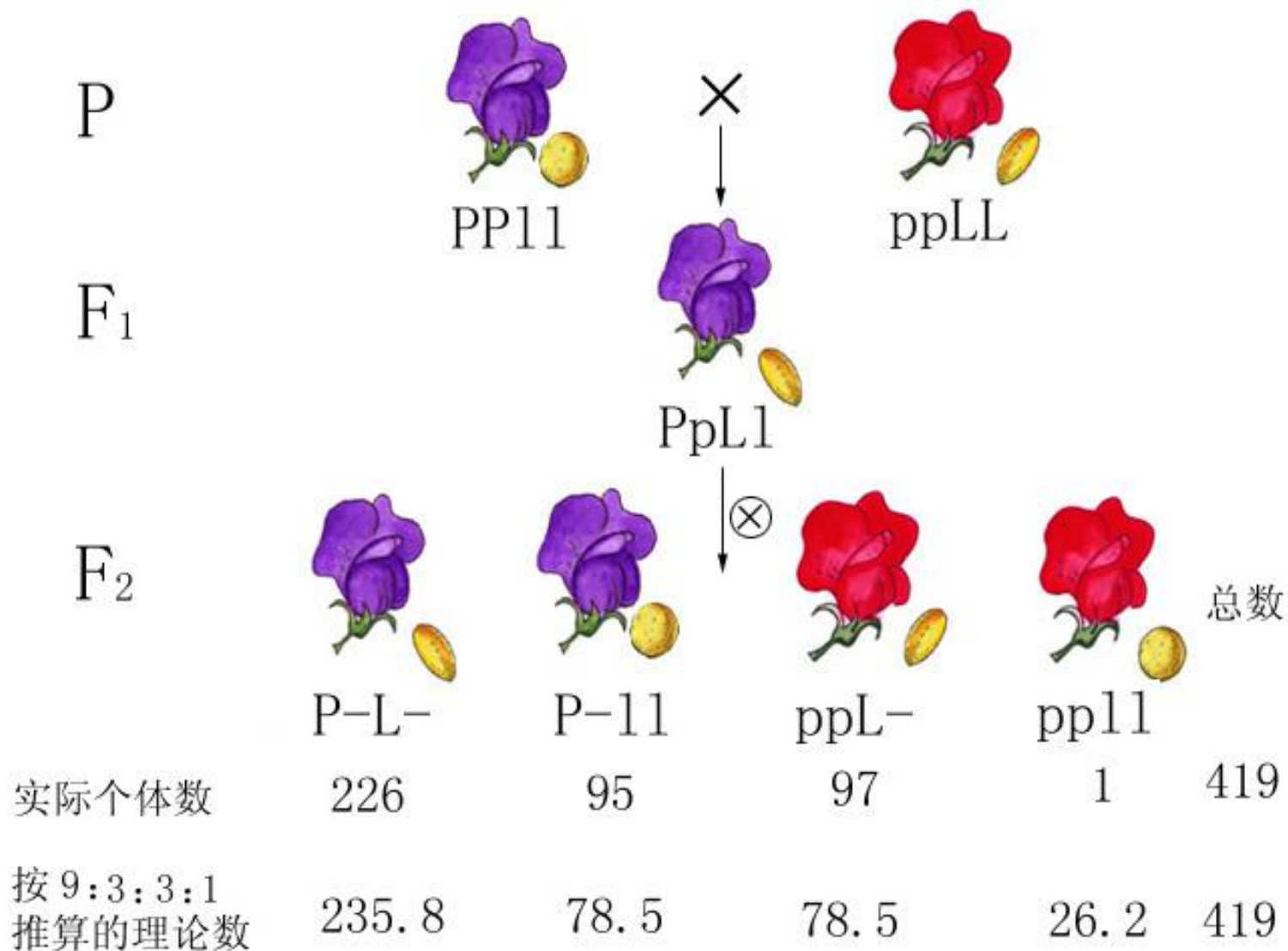
pl 频率为 d^2 的开方，即 d 。本例 F_2 表现型ppll的个体数1338为总数6952的 $D=19.2\%$ ， $D=d^2$ ， F_1 配子pl 的频率为 $d=44\%$

$$PL = pl = 44\%$$

$$Pl = pL = (50-44)\% = 6\%$$

$$\text{交换值} = 6\% \times 2 = 12\%$$

推导相斥组的计算公式并计算交换值



三、交换值与连锁强度的关系：

交换值的幅度经常变化于0-50%之间：

*** 交换值越接近0%，连锁强度越大，两个连锁的非等位基因之间交换越少；**

*** 交换值越接近50%，连锁强度越小，两个连锁的非等位基因之间交换越多。**

第三节 基因定位与连锁遗传图

一、基因定位 gene mapping :

通过交换值的测定，确定基因在染色体上的相对距离和相对位置。

基因定位

- 基因在染色体上有固定的位置
- 基因定位 gene mapping: 确定基因在染色体上的位置。
- 用遗传学方法确定基因在染色体上的位置，主要是确定基因与基因之间的距离和顺序。
- 基因之间的距离是用交换值来表示的。
- 交换值是用重组率来估计的。
- 基因定位主要就是估算基因之间的重组率。

遗传距离 genetic distance

- ◆ 用交换值表示两个基因座在染色体上的相对距离，称为遗传距离。
- ◆ 1%交换值定义为一个遗传距离（map unit）。
- ◆ 用重组值来估算交换值。
- ◆ 将重组值转换成遗传距离，称为图距，厘摩尔，cM, centiMorgan

遗传学上用**交换值**表示基因之间距离的大小。
1%在遗传学上称为**1个摩尔根单位** (cM), 即基因之间的距离为**1个摩尔根单位**。

基因定位 gene mapping: 确定基因在染色体上的位置（基因与基因之间的距离和顺序）

- 基因之间的距离是用交换值来表示的。
- 交换值是用重组率来估计的。
- 基因定位主要就是估算基因之间的重组率。

连锁遗传图 (Genetic map, Linkage map): 在直线上表示出基因与基因之间的顺序和相对距离

基因定位的常用方法

- 两点测验 two-point testcross
- 三点测验 three-point testcross

(一) 两点测验法

通过一次杂交和一次测交来确定**两对**基因是否连锁，然后再根据其交换值来确定它们在同一染色体上的相对位置。

两点测验

- 具有2对相对性状差异的个体杂交
- F_1 与隐性个体测交
- 根据测交结果判断2对基因是否连锁
- 如果连锁，重组率是多少

例

- 玉米籽粒：有色 $C >$ 无色 c ，饱满（ Sh ） $>$ 凹陷 sh ，非糯性 $W_x >$ 对糯性（ w_x ）。
- 为了明确这三对基因是否连锁，曾有人做过三个两点测验。

第1个测验

有色饱满CCShSh \times ccshsh无色凹陷



有色饱满 CcShsh \times ccshsh无色凹陷

Rf1=3.6% 即3.6cM

第2个测验

饱满糯性 wxwxShSh × WxWxshsh 凹陷非糯



饱满非糯 WxwxShsh × wxwxshsh 凹陷糯性

Rf2 = 20% 即20cM

玉米两点测验的三个测交的结果

实验类别	世代	表现型及 种类	基因型 亲型或新类型	子粒数
相引组	P1 P2	有、饱(CCSS) 无、凹(ccss)		
	Ft	有、饱(CcSs) 无、饱(ccSs) 有、凹(Ccss) 无、凹(ccss)	亲 新 (3.6%) 新亲	4032 152 149 4035
相斥组	P1 P2	糯、饱(wwSS) 非糯、凹(WWss)		
	Ft	非糯、饱(WwSs) 非糯、凹(Wwss) 糯、饱(wwSs) 糯、凹(wwss)	新 亲 (20%) 亲新	1531 5885 5991 1488
相引组	P1 P2	非糯、有(WWCC) 糯、无(wwcc)		
	Ft	非糯、有(WwCc) 非糯、无(Wwcc) 糯、有(wwCc) 糯、无(wwcc)	亲 (22%) 新 新亲	2542 739 717 2716

- $C-Sh$ 间距离 $3.6cM$
- $Wx-Sh$ 间距离 $20 cM$
- $Wx-C$ 间距离 $22cM$

- C-Sh 间距离 3.6cM
- W_x-Sh 间距离 20 cM
- W_x-C 间距离 22cM

可能顺序, C, Sh, W_x在中间

- 3.6 22

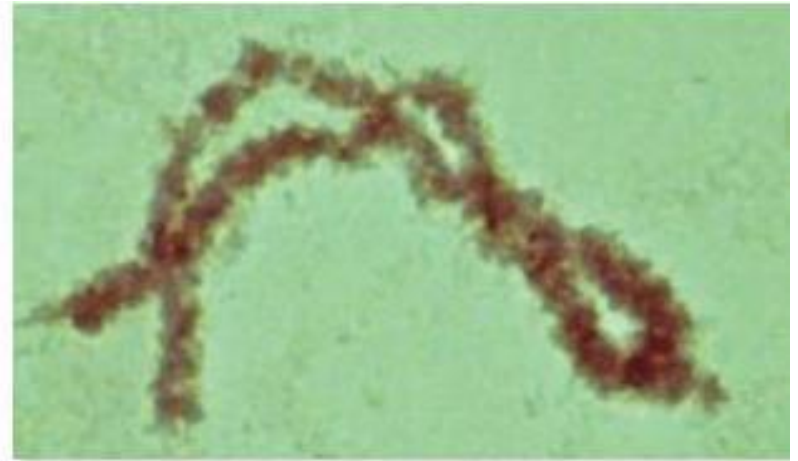
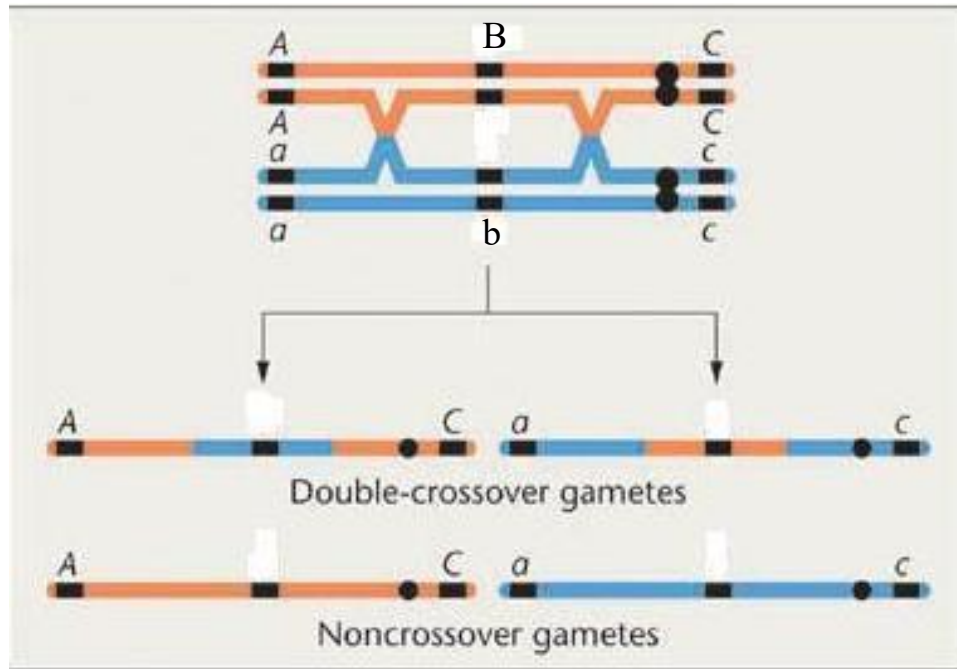
- Sh C W_x

- 20

- C Sh W_x

- 22 20

- C W_x Sh



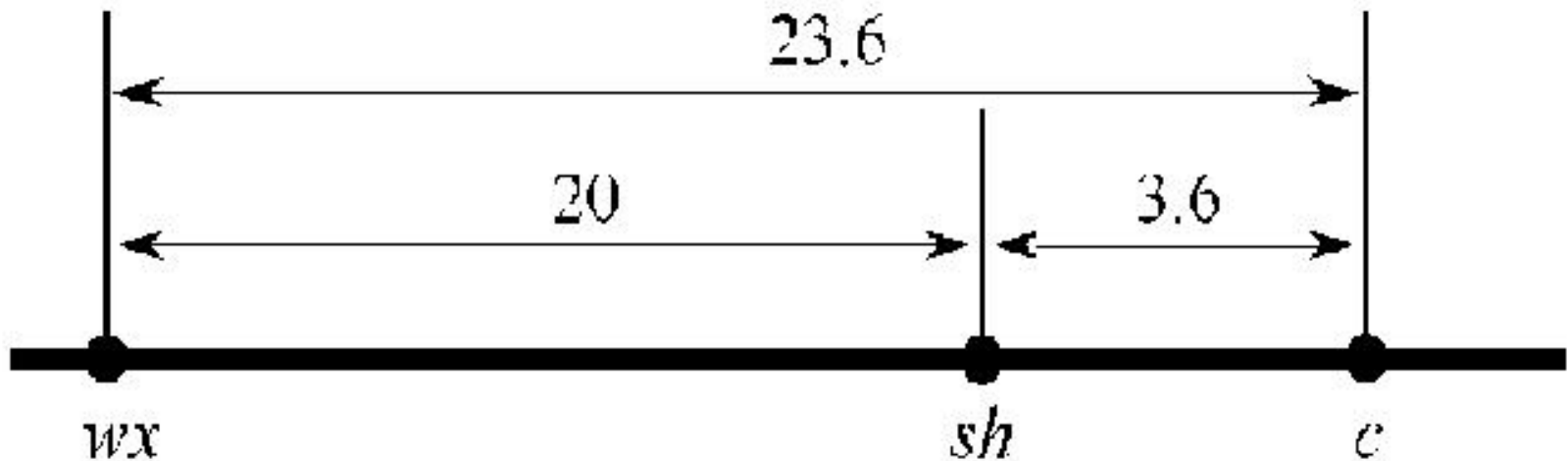
- 如果所研究的两个基因座相距较远，其间可能发生2次交换
- 如图，不产生重组型配子

双交换 double crossover

玉米两点测验的三个测交的结果

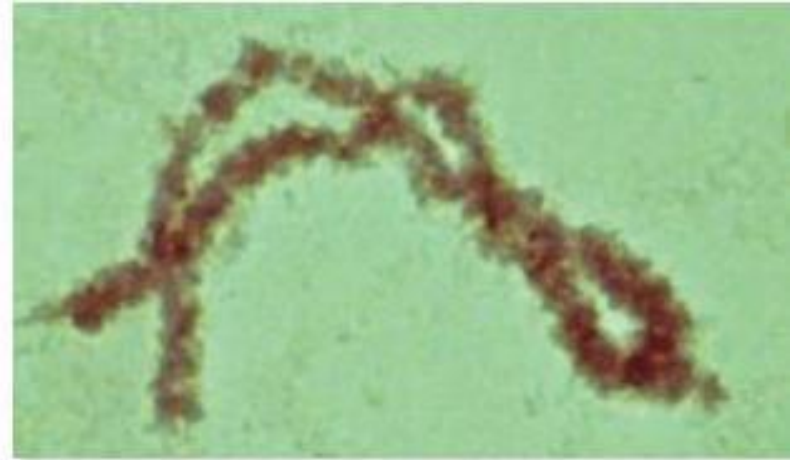
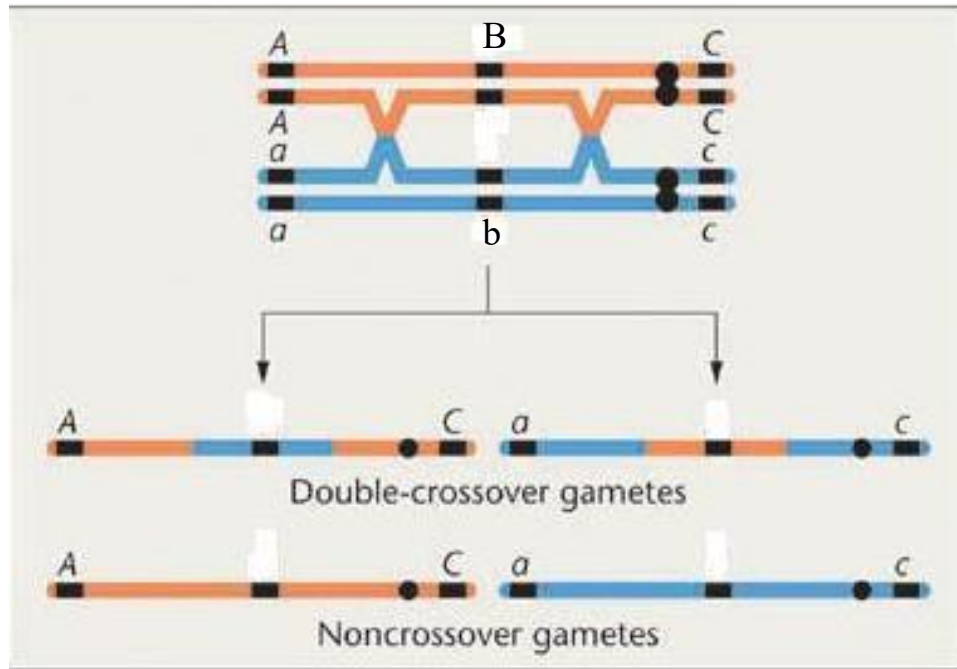
实验类别	世代	表现型及 种类	基因型 亲型或新类型	子粒数
相引组	P1	有、饱(CCSS)		
	P2	无、凹(ccss)		
	Ft	有、饱(CcSs) 无、饱(ccSs) 有、凹(Ccss) 无、凹(ccss)	亲 新 (3.6%) 新 亲	4032 152 149 4035
相斥组	P1	糯、饱(wwSS)		
	P2	非糯、凹(WWss)		
	Ft	非糯、饱(WwSs) 非糯、凹(Wwss) 糯、饱(wwSs) 糯、凹(wwss)	新 亲 (20%) 亲 新	1531 5885 5991 1488
相引组	P1	非糯、有(WWCC)		
	P2	糯、无(wwcc)		
	Ft	非糯、有(WwCc) 非糯、无(Wwcc) 糯、有(wwCc) 糯、无(wwcc)	亲 (22%) 新 新 亲	2542 739 717 2716

有了3个2点测验结果，就能确定3个基因座的相对位置了。



两点测验的局限性:

- 工作量大, 烦
- 当遗传距离大于5cM, 准确性不高
- 试验误差



- 如果所研究的两个基因座相距较远，其间可能发生2次交换
- 如图，不产生重组型配子

双交换 double crossover

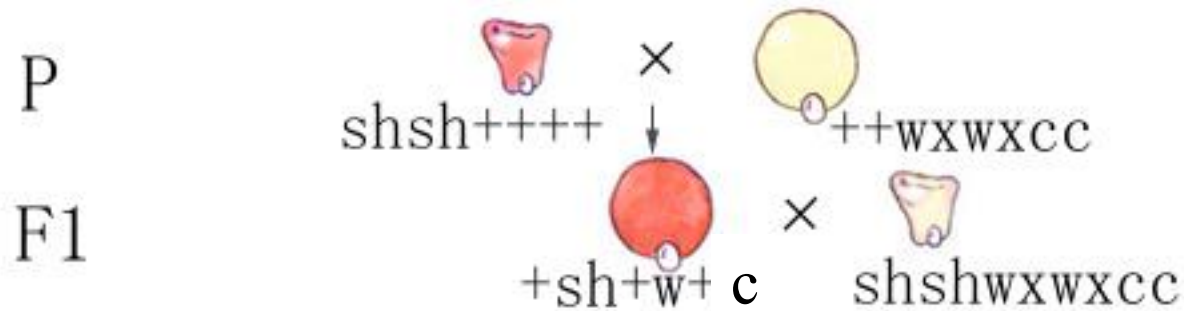
(二) 三点测验

三点测验是通过一次杂交和一次测交，同时确定三对基因在染色体上的相对位置。

三点测验：

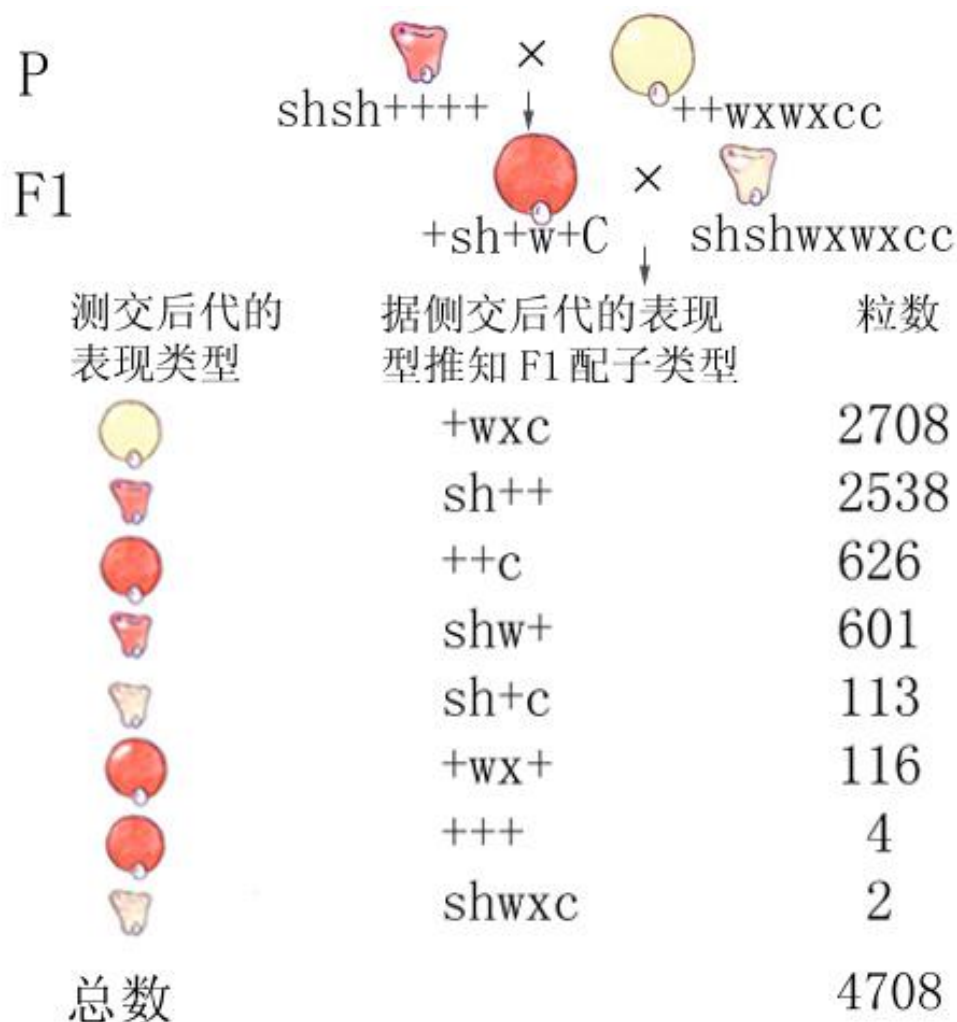
仍以玉米C/c、Sh/sh、Wx/wx三对基因连锁分析为例，在描述时用“+”代表各基因对应的显性基因。

1. 用三对性状差异的两个纯系作亲本进行杂交、测交















2. 考察测交后代的表现型、进行分类统计。

在不完全连锁的情况下测交后代有多少种表现型？

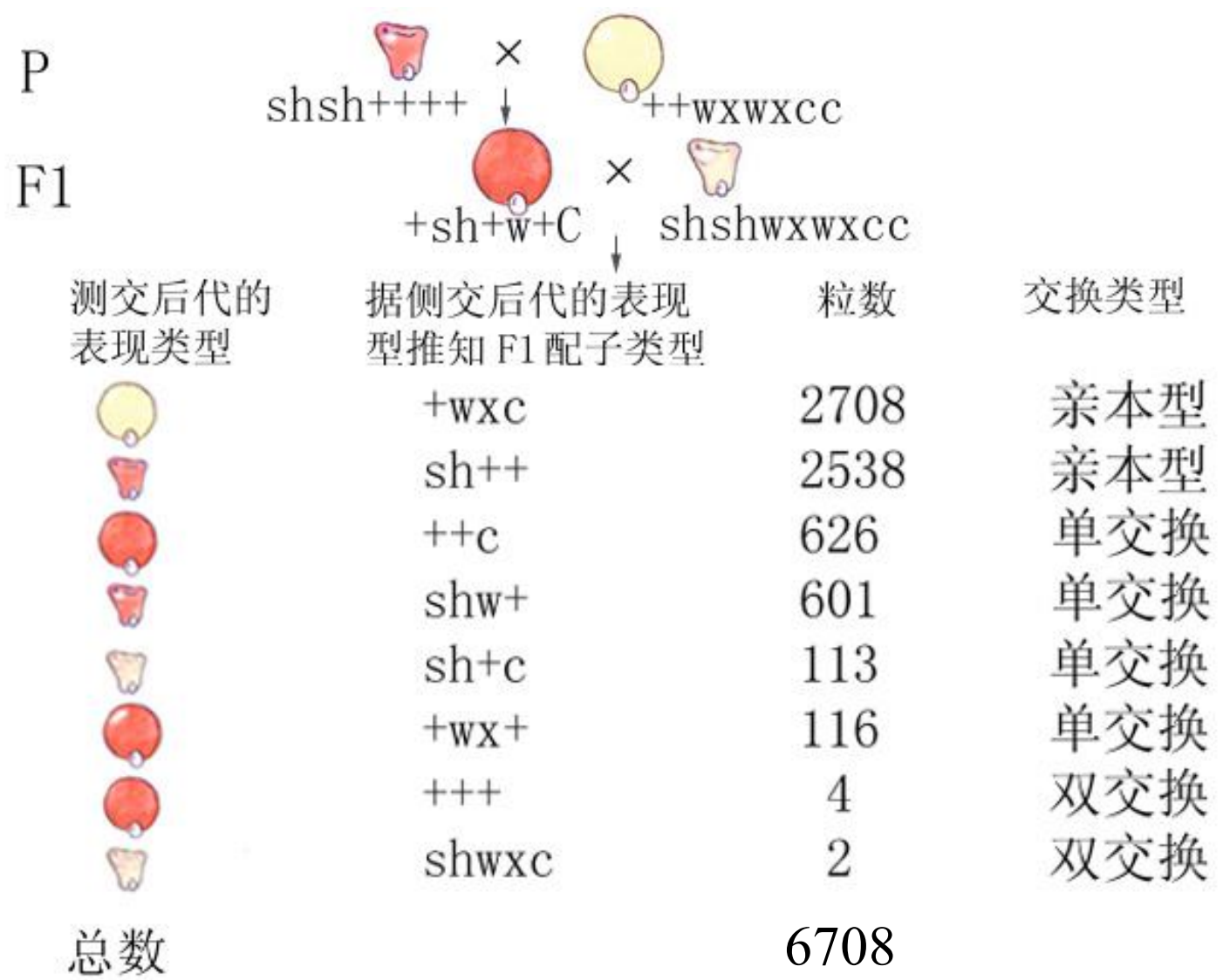


3. 按各类表现型的个体数，对测交后代进行分组

确定两种亲本类型和两种双交换类型

P			
	 × 		
F1			
	 × 		
测交后代的表现类型	据侧交后代的表现型推知 F1 配子类型	粒数	交换类型
	+wx	2708	亲本型
	sh++	2538	亲本型
	++c	626	单交换
	shw+	601	单交换
	sh+c	113	单交换
	+wx+	116	单交换
	+++	4	双交换
	shwxc	2	双交换
总数		4708	

4. 确定三对基因在染色体上的排列顺序



5. 计算基因间的交换值

由于双交换实际上在两个区域均发生交换，所以在估算每个区域交换值时，都应加上双交换值，才能够正确地反映实际发生的交换频率。

$$\text{双交换值} = \frac{4 + 2}{6708} \times 100\% = 0.09\%$$

$$wx \text{ 与 } sh \text{ 间的交换值} = \frac{601 + 626}{6708} \times 100\% + 0.09\% = 18.4\%$$

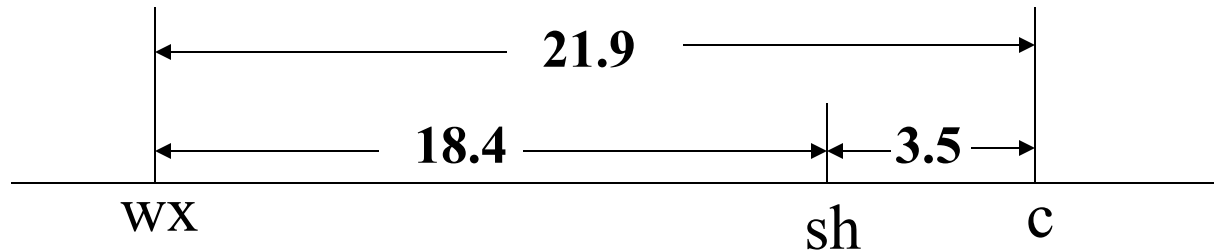
$$sh \text{ 与 } c \text{ 间的交换值} = \frac{116 + 113}{6708} \times 100\% + 0.09\% = 3.5\%$$

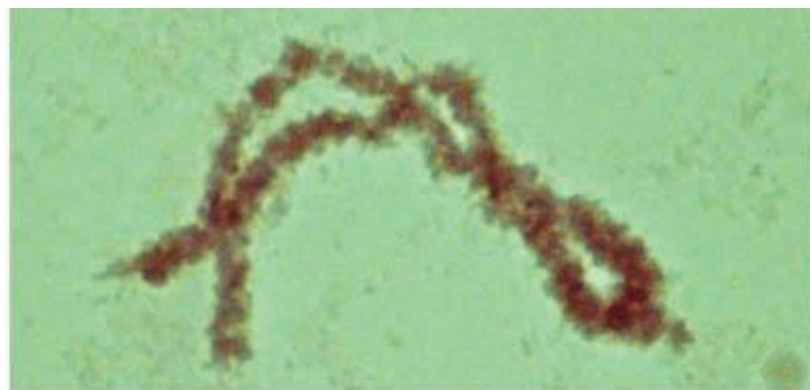
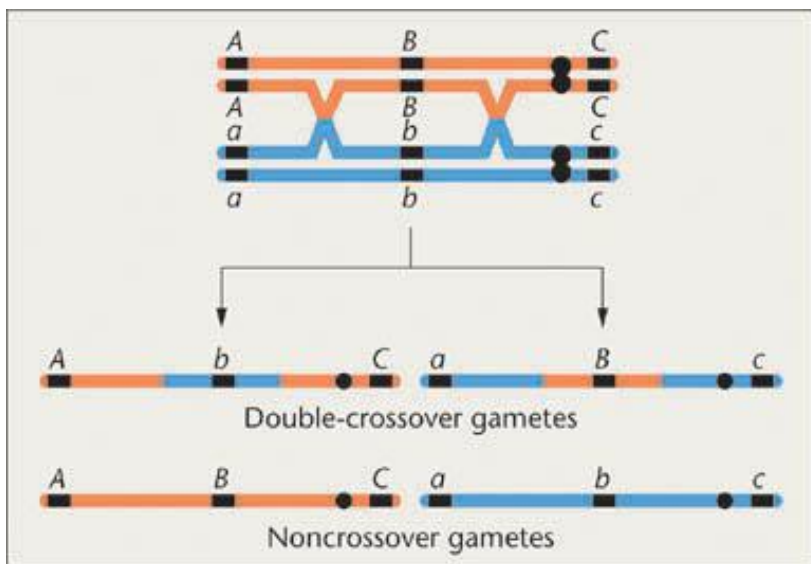
$$wx \text{ 与 } c \text{ 间的交换值} = 18.4\% + 3.5\% = 21.9\%$$

6. 绘制连锁遗传图

存在于同一染色体上的基因，组成一个**连锁群**（linkage group）

连锁遗传图: 标明一个连锁群的各个基因之间距离和顺序的图就成为连锁图（linkage map），又称为遗传学图（genetic map）。





增加遗传标记就能检测到双交换

(三) 干扰与符合

一个单交换发生后，影响邻近位点再发生单交换的现象称为**干扰**。通常用**符合系数** (C) 表示受到干扰的程度。

$C = \text{实际双交换值} / \text{理论双交换值}$

$\text{干扰值} (I) = 1 - C$

干扰和符合

- 如果两个单交换的发生是彼此独立的，双交换的频率就应该是两个单交换频率的乘积。
- 上例中，理论双交换值应该是
$$0.184 \times 0.035 = 0.0064 = 0.64\%$$
- 而实际双交换值只有0.09%
- 一个单交换发生后，在它附近再发生第二个单交换的机会就会减少。这种现象叫做干扰（干涉，interference）。

符合系数C (coefficient of coincidence)

◆ 一般用符合系数来表示干扰的大小。

符合系数C = 实际双交换值/理论双交换值

上例中 $C = 0.09 / 0.64 = 0.14$

◆ 干扰系数 $I = 1 - C = 1 - 0.14 = 0.86$

符合系数经常变动于0—1之间。

符合系数 = 1 表示两个单交换独立发生完全没有受干扰。

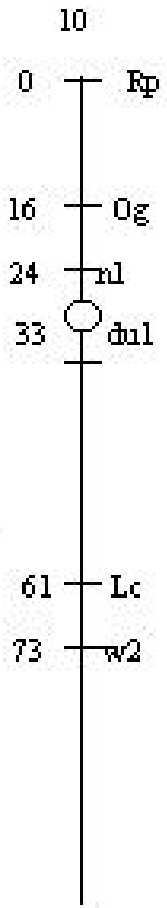
符合系数 = 0 表示发生完全的干扰，即一点发生交换，其邻近一点就不会发生交换。

二、连锁遗传图

连锁遗传图（遗传图谱）：将一对同源染色体上的各个基因的位置确定下来，绘制成图

连锁群：存在于同一染色体上的基因群

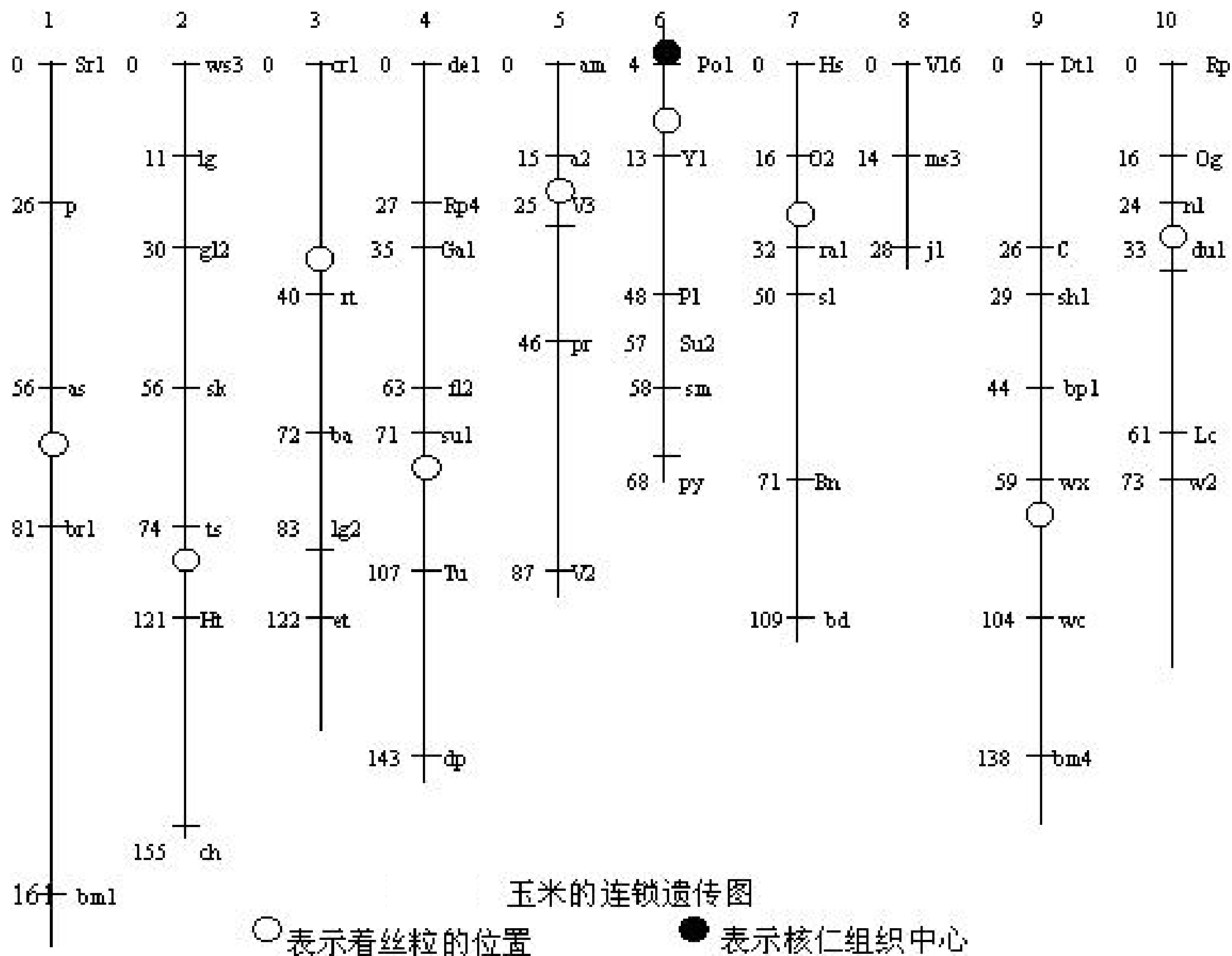
对于二倍体生物，连锁群的数目与染色体的对数是一致的。

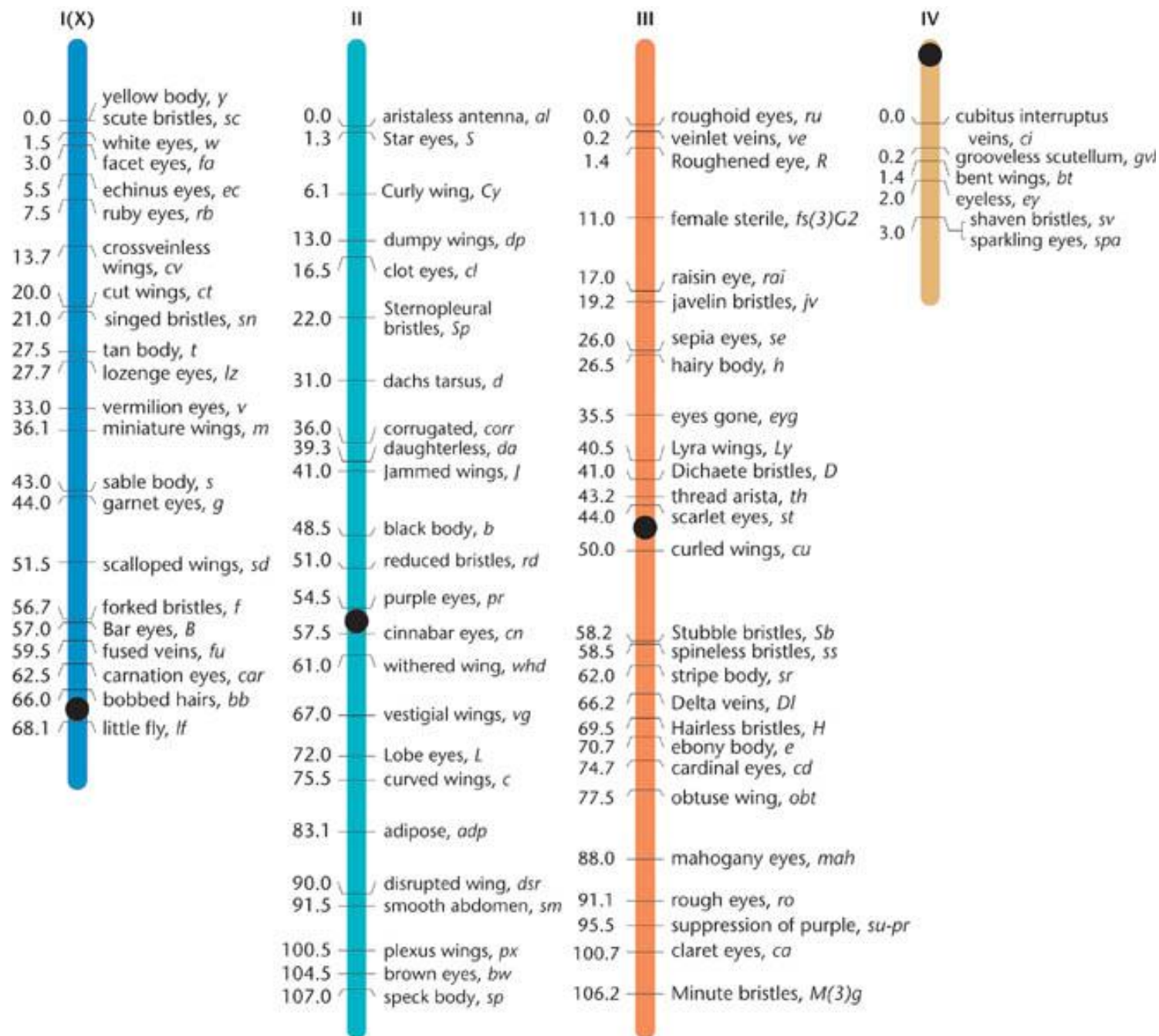


连锁图和连锁群

- ◆ 位于同一对同源染色体上的所有基因组成一个连锁群（linkage group），它们具有连锁遗传的关系。
- ◆ 把连锁基因之间的顺序和距离标志出来，就成为连锁图（linkage map），又称为遗传学图（genetic map）

- 一般以最先端的基因位置为0
- 两基因之间的重组值介于0- 50%之间，不会超过50%，但图上的距离常常超过50，那是多次累加的结果。





果蝇的连锁图

2. 在番茄中，现有三个基因O（oblate = flattened fruit），p（peach = hairyfruit）和S（compound inflorescence）杂合体，用对这三个基因是纯合的隐性个体进行测交，得到下列结果：

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

试问：

（1）这三个基因是否连锁？

如连锁，这三个基因的顺序如何？

（2）三个基因间的距离？

（3）连锁遗传图

（4）符合系数

答：（1）这三对基因的排列顺序为：pos

（2）双交换值= $(2+2) / 1000 \times 100\% = 0.4\%$

p-o 之间的交换值= $(110+96) / 1000 \times 100\% + 0.4\% = 21\%$

o-s 之间的交换值= $(63+73) / 1000 \times 100\% + 0.4\% = 14\%$

三个基因间的距离为 p-o 之间为 21cM，o-s 之间为 14cM，

（3）连锁遗传图



（4）符合系数= $0.4\% / (21\% \times 14\%) = 0.14$

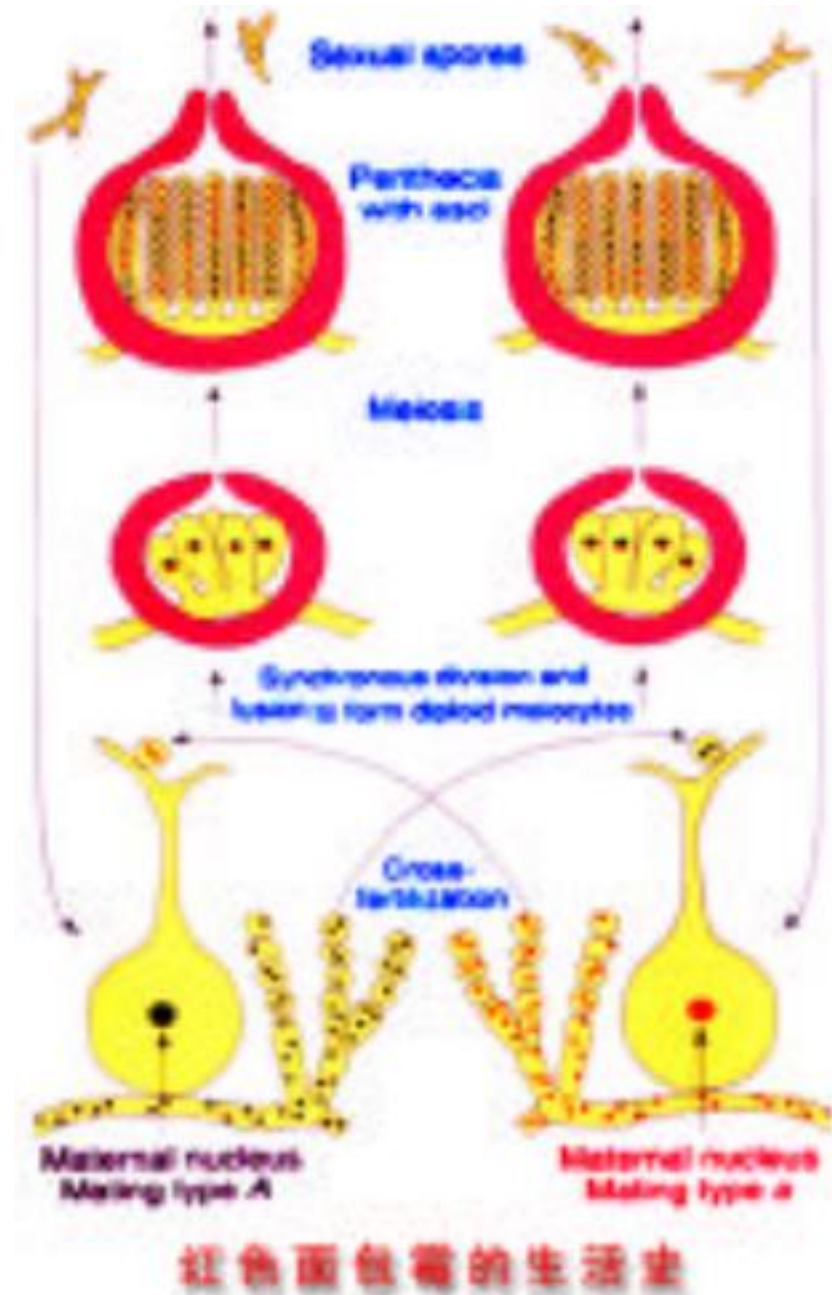
三、真菌类的连锁与交换

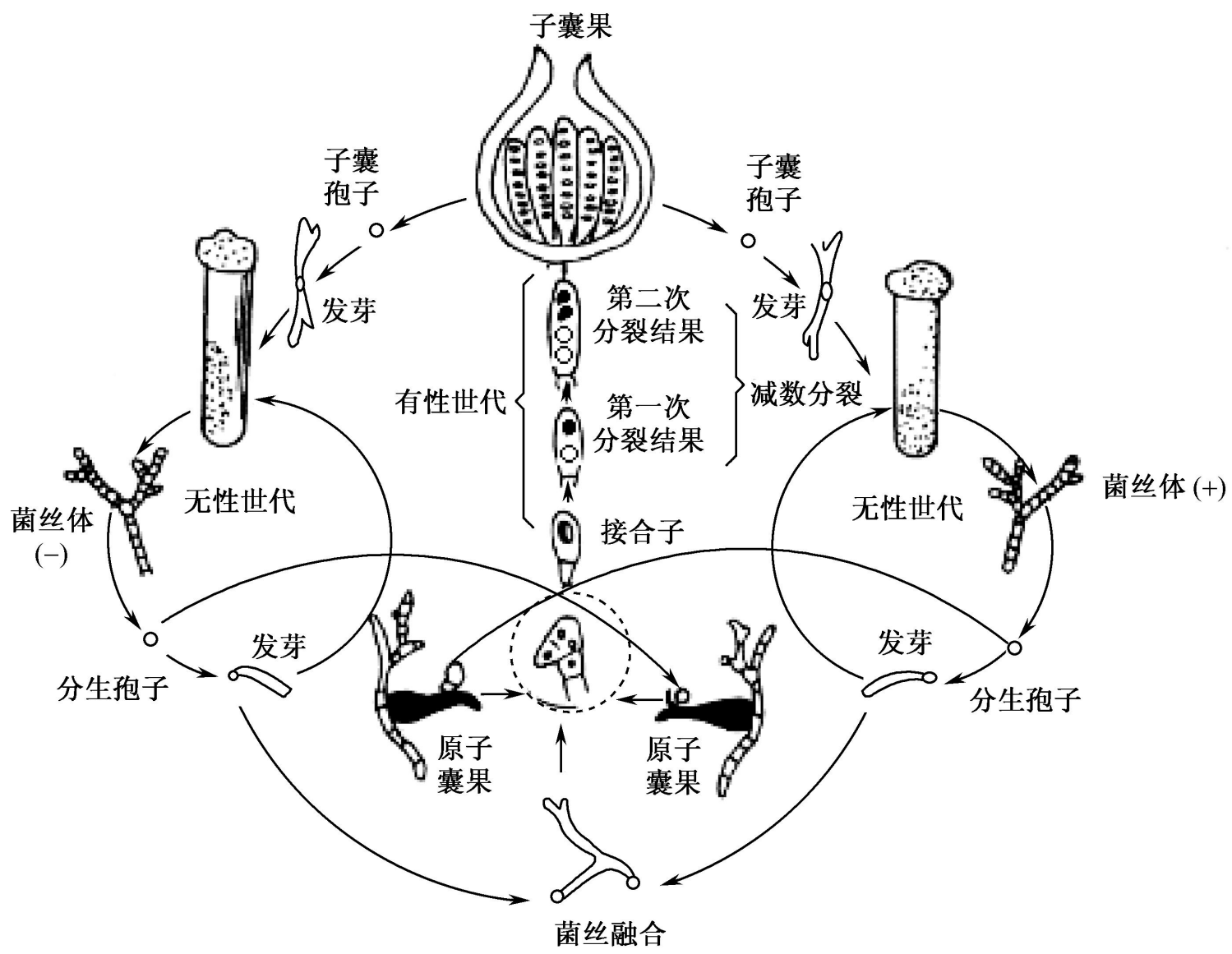
红色面包霉遗传材料的特点；

四分子分析；

着丝粒作图；

第一次分裂分离与第二次分裂分离。





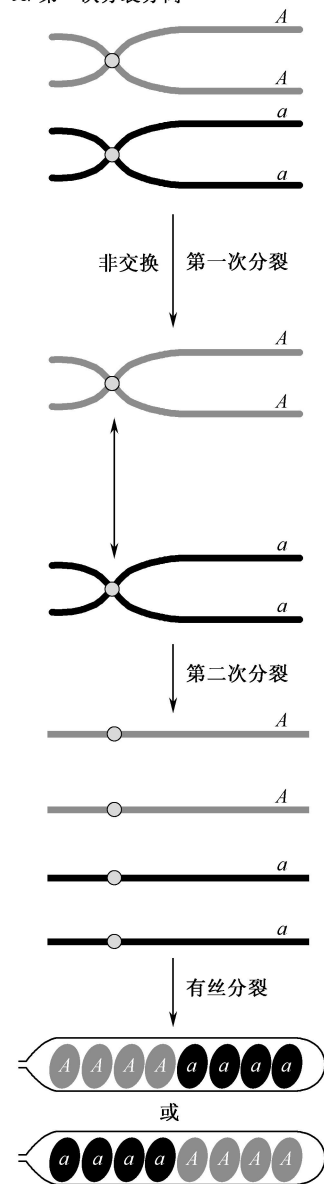
红色面包霉

红色面包霉的四分子分析

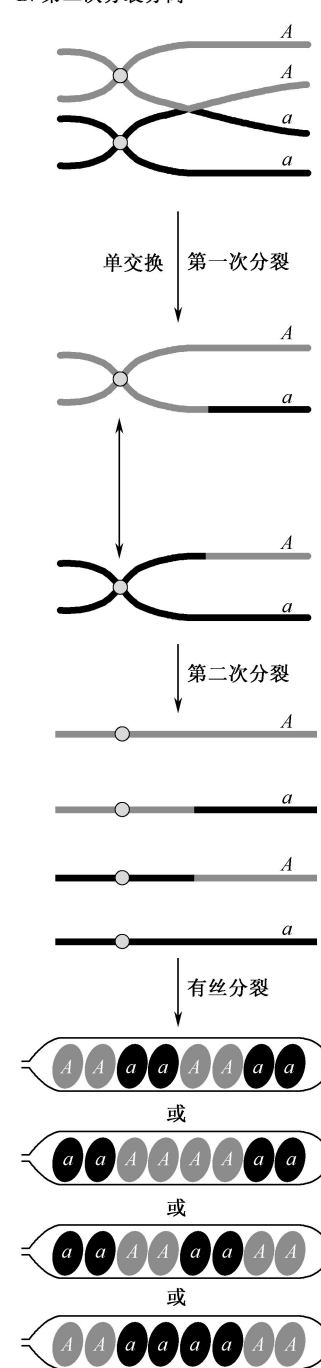
- (＋)、(－) 接合型可以受精形成二倍体 ($2n$) 合子
- 合子减数分裂，形成4个子囊孢子，称为四分子。
- 对四分子进行遗传分析，称为四分子分析(tetrad analysis)。

四分子分析

A. 第一次分裂分离

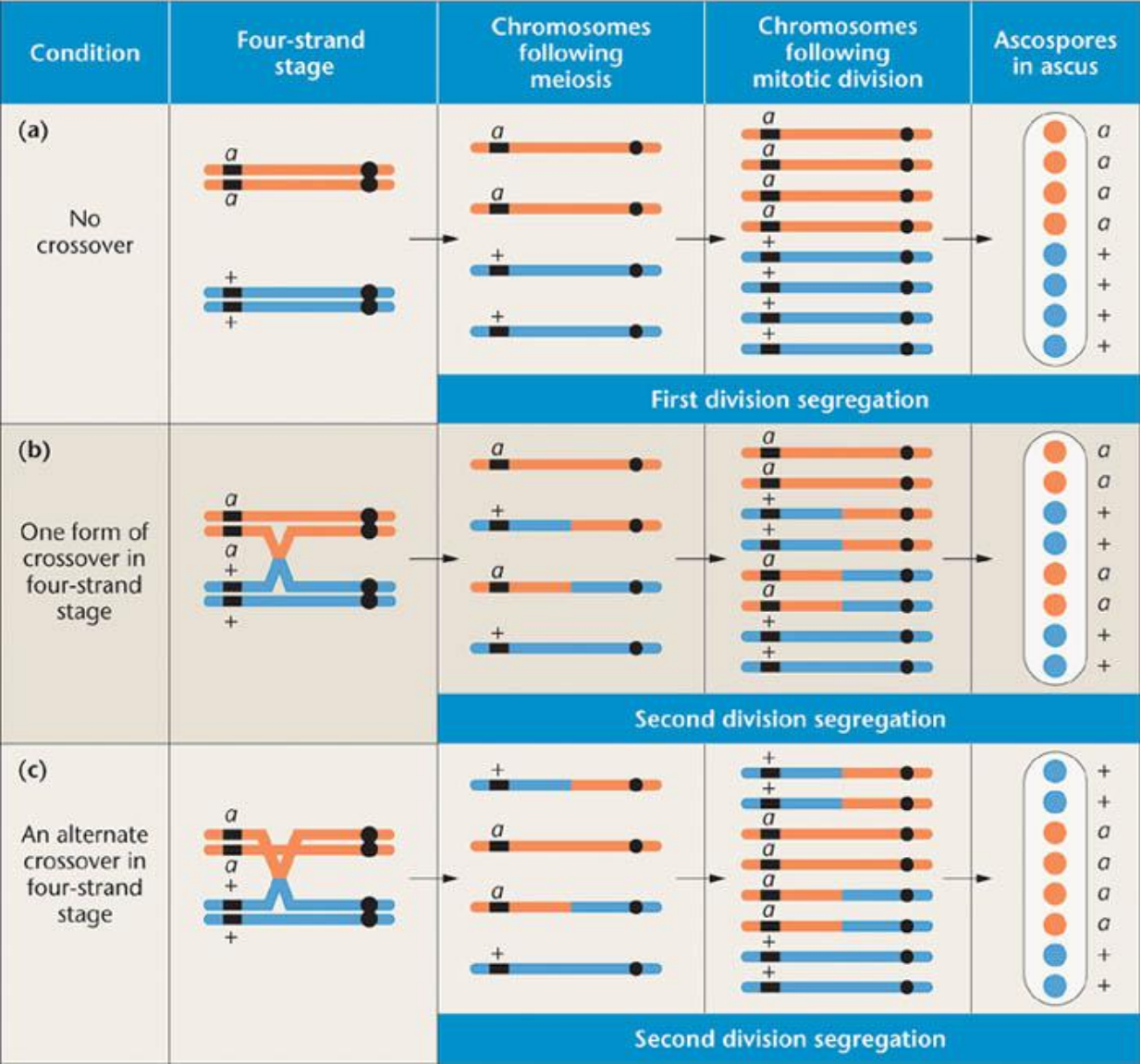


B. 第二次分裂分离



着丝粒作图centromere mapping：将着丝粒作为一个基因座，根据脉孢菌顺序四分子的基因型计算出某一基因座和着丝粒间的重组值，确定基因座与着丝粒之间的

的图距



重组率的计算

$$\text{重组率 } d = \frac{\frac{1}{2} \times \text{交换型子囊数}}{\text{总子囊数}} \times 100\% = \frac{\frac{1}{2} \times \text{第二次分裂分离的子囊数}}{\text{总子囊数}}$$

作业:

P100

第3、5、6、7题

作业:

P100

第 3、 5、 6、 7、

30 30 20 20

第四节 性别决定与性连锁

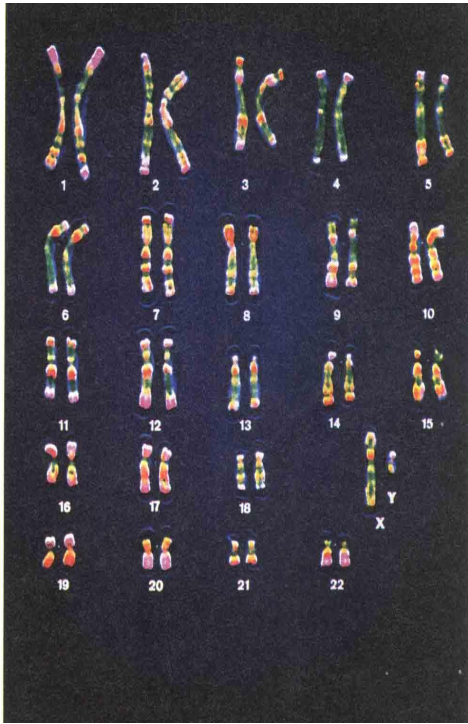
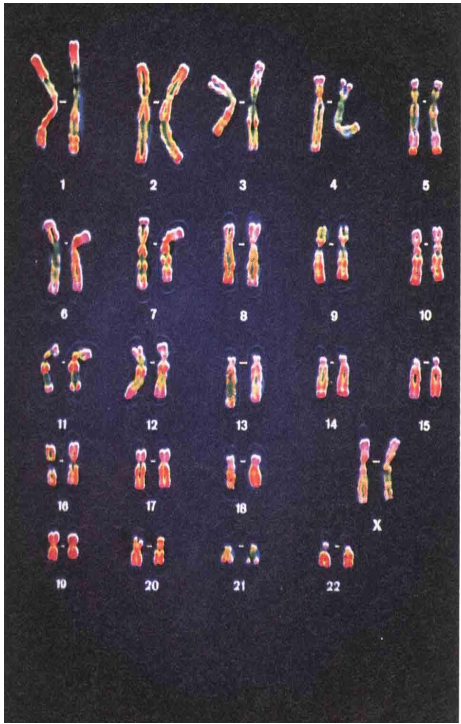
一、性别的决定 (Sex determination)

性别决定 (Sex determination)

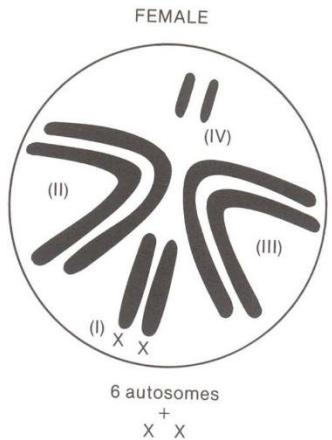
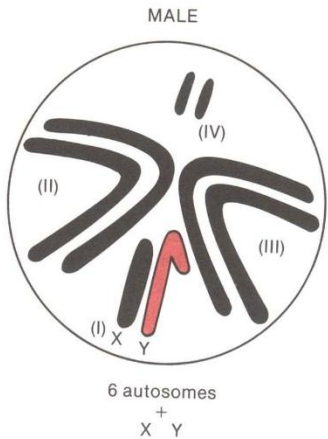
- 决定性别的遗传基础
- 性别决定的方式有多种

(一) 性染色体和性别决定

1、性染色体 sex chromosome : 直接与性别决定有关的一个或一对染色体。成对的有时同型，有时不同型。其余各对染色体称**常染色体** (autosome) ，用A表示，往往同型（同源染色体）



VARIATION



2. 动物的性别决定的方式

(1) 性染色体决定性别

雄杂合型

1. XY型:

两种性染色体分别为X、Y;
雄性个体的性染色体组成为XY-
-异配性别 (heterogametic sex)

雌性个体则为XX --同配性别
(homogametic sex)

如:人类、果蝇、牛等

2、XO型:

与XY型相似, 但只有一条
性染色体X;

雄性个体只有一条X染色体
(XO, 不成对)

雌性个体性染色体为XX。

如: 蝗虫、蟋蟀。

雌杂合型

1、ZW型：

两种性染色体分别为Z、W染色体；

雌性个体性染色体组成为ZW

雄性个体则为ZZ

如：鸟类、鸡、鸭、蚕等

2、ZO型：

与ZW型相似，但只有一条性染色体Z；

雌性个体只有一条Z染色体(ZO，不成对)

雄性个体性染色体为ZZ。

少数昆虫

(2) 染色体倍数

蜜蜂

正常受精卵 → $2n$ 为雌蜂

雌蜂孤雌生殖 → n 为雄峰

(3)性别决定的畸变

果蝇

X	A	X/A	性别类型		X	A	X/A	性别类型
3	2	1.5	超雌		3	4	0.75	间性
4	3	1.33	超雌		2	3	0.67	间性
4	4	1.0	雌(4倍体)		1	2	0.5	雄
3	3	1.0	雌(3倍体)		2	4	0.5	雄
2	2	1.0	雌(2倍体)		1	3	0.33	超雄

- 极少数男性多一条性染色体，他们的XY变成了XYY或XXY。如果变成了XYY，即多了一条Y染色体，这个男人就会表现超雄，特别男性化。有人研究发现，监狱男犯人性染色体为XYY的比例就远远高于一般人群，所以他们更凶狠，更容易有反社会的行为。如果变成了XXY，这个男人的男性化过程就会受到严重影响，因为没有青春期性发育的过程，青春期以后他的阴茎、睾丸还像小孩那么小，乳房可能会女性化，没有胡须、腋毛、阴毛，没有第二性征的变化，喉结也没有，声音还是童音。男性不育症患者中因染色体异常所引起者约占2%—21%，其中多为少精子症或无精子症。有一种比正常女性少一条X染色体的女性，她们的性腺发育不良，女性化特征不完善，如身材很矮小，没有月经，子宫发育也很差等。

2、植物的性别决定

(1)性染色体决定性别

XY 蛇麻

ZW 银杏

(2) 基因决定性别

ba 基因可使植株无雌穗，只有雄穗；

ts 基因可使植株的雄花序成为雌花序，并能结实。

* 因此基因型不同，植株花序也不同：

(1). *Ba_Ts_* 正常雌雄同株

(2). *Ba_ts ts* 顶端和叶腋都生长雌花序

(3). *babaTs_* 仅有雄花序

(4). *babatsts* 仅顶端有雌花序

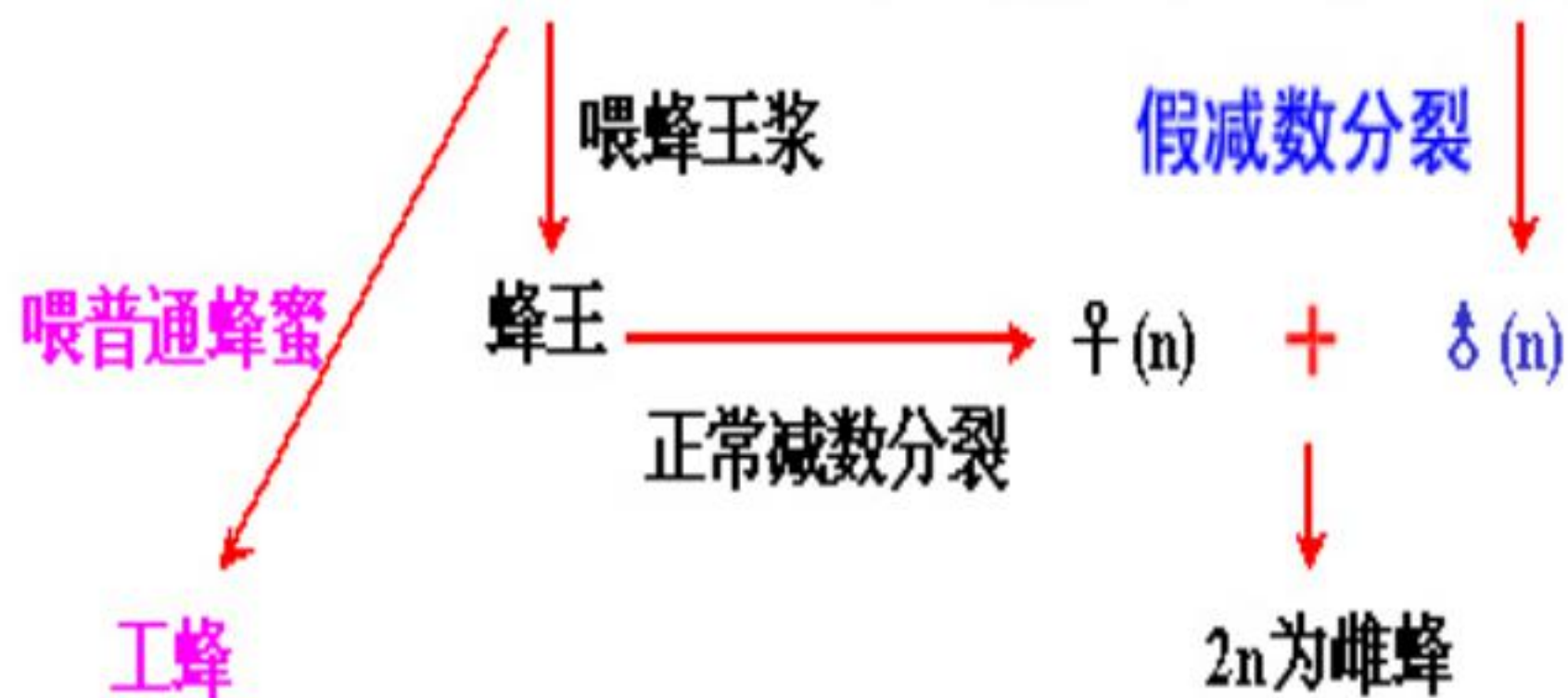


3、环境对性别分化的影响:

(1)营养条件: 如蜜蜂

正常受精卵 \rightarrow $2n$ 为雌蜂

雌蜂孤雌生殖 \rightarrow n 为雄峰



(2)激素：如母鸡打啼



(3)氮素影响:

早期发育时使用较多N肥或缩短光照时间，可提高黄瓜的雌花数量。

(4)温度、光照:

降低夜间温度，可增加南瓜的雌花数量；缩短光照增加雌花。

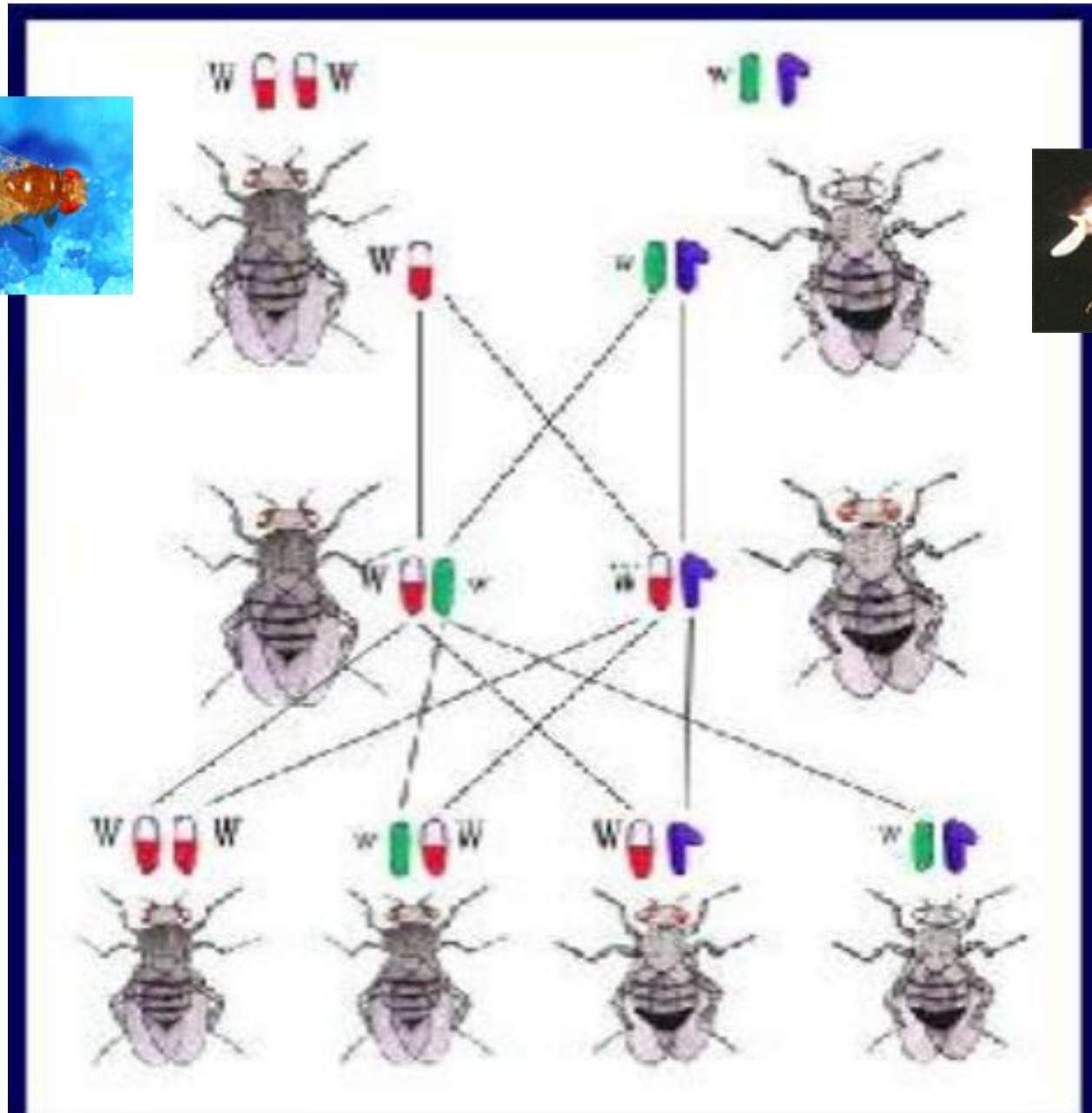
蛙类的性别发育

- ◆ 某些蛙类XX为雌体，XY为雄体。
- ◆ 蝌蚪在20℃下发育，成蛙♀ ♂ 各半；
- ◆ 蝌蚪在30℃下发育，则全部发育为♂蛙。
- ◆ 这里值得注意的是，高温只改变性别发育的方向，并没有改变染色体的组成。环境条件只改变表现型，不改变基因型。

二、性连锁:

性连锁(*sex linkage*): 性染色体上基因所控制的某些性状总是伴随性别而遗传的现象, 又称伴性遗传(*sex-linked inheritance*)。

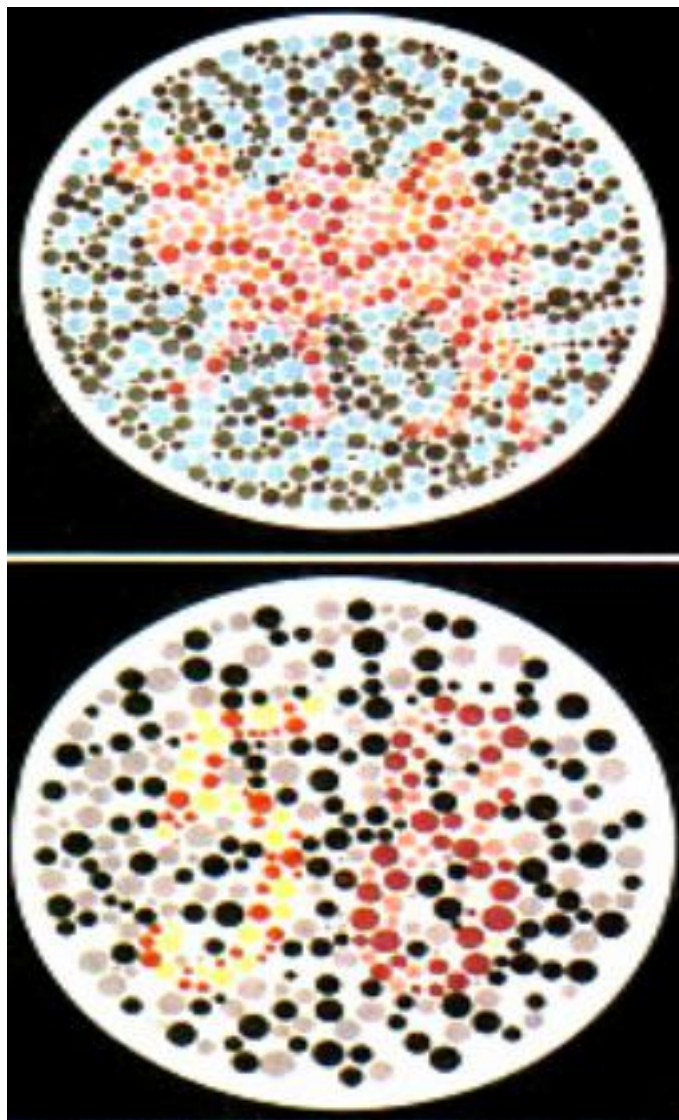
(一) 果蝇的伴性遗传



(二) 人类的性连锁

患者多为男性

隔代遗传



P ♀色盲 × 正常 ♂

$X^c X^c$ $X^C Y$

↓ 交叉遗传

♀	♂	
	X^C	Y
X^c	$X^c X^c$ ♀ 正常	$X^c Y$ ♂ 色盲

♀正常 × 色盲 ♂

$X^C X^C$ $X^c Y$

↓

♀	♂	
	X^c	Y
X^C	$X^C X^c$ ♀ 正常	$X^C Y$ ♂ 正常

P ♀ 正常 × 色盲 ♂

$X^C X^c$ $X^c Y$

↓

♀	♂	
	X^c	Y
X^C	$X^C X^c$ ♀ 正常	$X^C Y$ 正常 ♂
X^c	$X^c X^c$ ♀ 色盲	$X^c Y$ 色盲 ♂

♀正常 × 正常 ♂

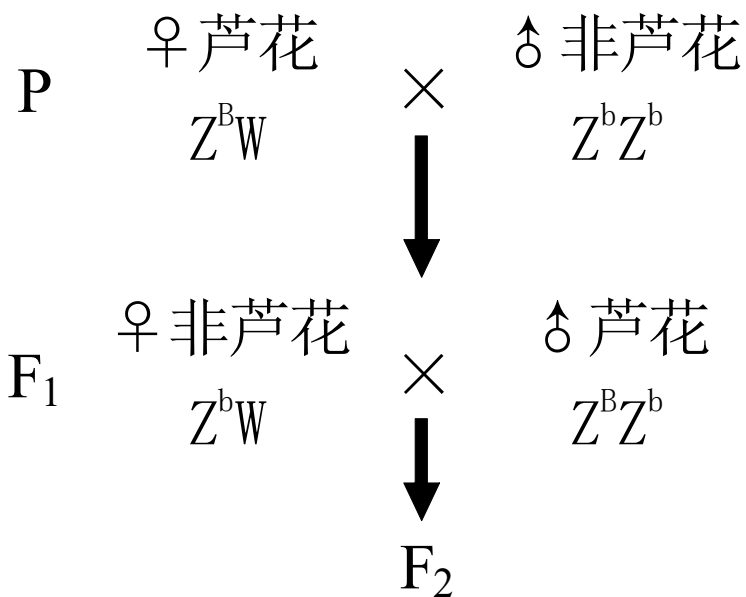
$X^C X^c$ $X^C Y$

↓

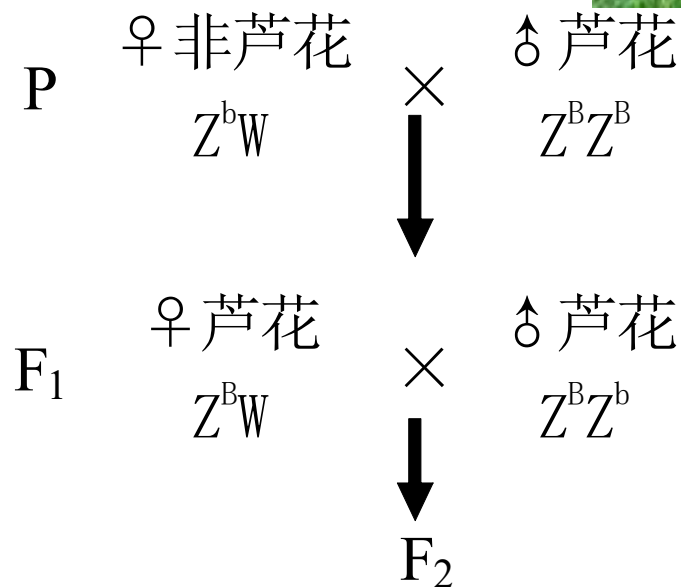
♀	♂	
	X^C	Y
X^C	$X^C X^C$ ♀ 正常	$X^C Y$ 正常 ♂
X^c	$X^c X^C$ ♀ 正常	$X^c Y$ 色盲 ♂

- **交叉遗传**：外祖父的性状通过女儿在外孙身上体现，或者女儿象父亲，儿子象母亲。这就是伴性遗传的特征。因为有关的基因位于X染色体上，所以又称为X连锁遗传（**X-linked inheritance**）。

(三) 鸡的性连锁



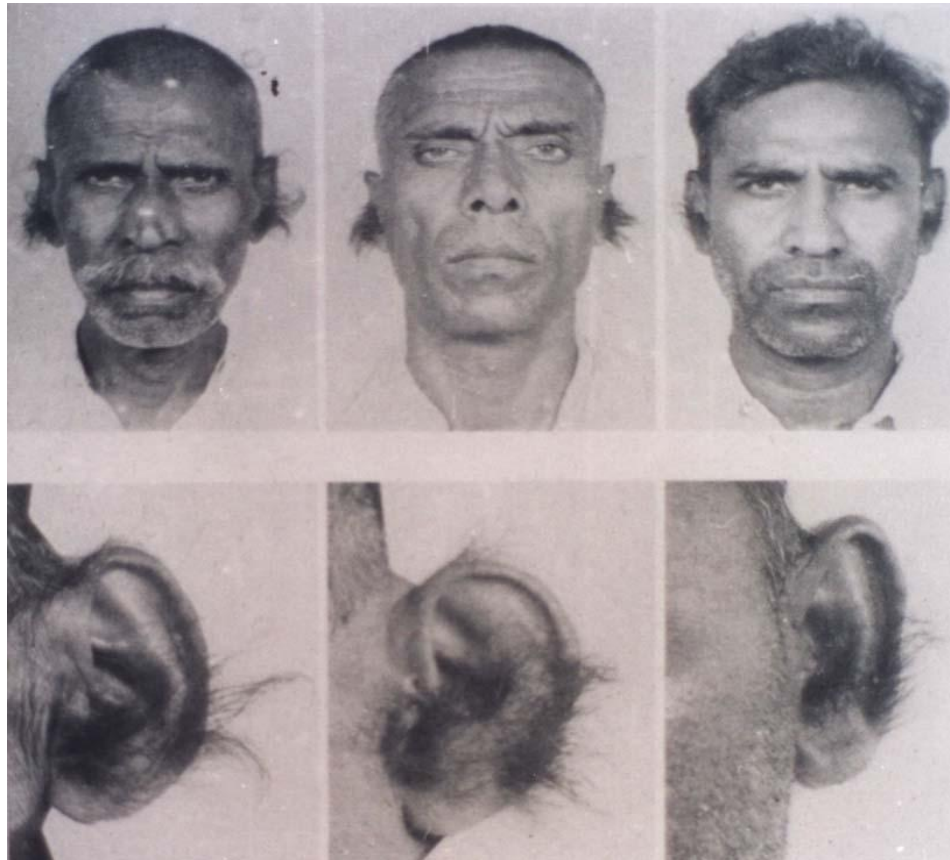
♀ \ ♂	Z^B	Z^b
Z^b	♂ 芦花 $Z^B Z^b$	♂ 非芦花 $Z^b Z^b$
W	♀ 芦花 $Z^B W$	♀ 非芦花 $Z^b W$



♀ \ ♂	Z^B	Z^b
Z^B	♂ 芦花 $Z^B Z^B$	♂ 芦花 $Z^B Z^b$
W	♀ 芦花 $Z^B W$	♀ 非芦花 $Z^b W$

三.限性遗传和从性遗传:

限性遗传(*sex-limited inheritance*): 位于Y染色体(XY型)或W染色体(ZW型)上的基因所控制的性状只局限在雄性或雌性上表现的现象。



- 阻性遗传只局限在一种性别上表现，而伴性遗传则可在雄性也可在雌性上表现，只是表现频率有所差别。

- **从性遗传** (*sex-controlled inheritance*) 或称**性影响遗传** (*sex-influenced inheritance*): 不含于X或Y染色体上基因所控制的性状, 因内分泌及其它关系使某些性状只出现于雌雄一方; 或在一方为显性, 另一方为隐性的现象。

HH hh
无角羊 × 无角羊
↓
F₁ Hh

雄的有角, 雌的无角



显性表现与环境的关系

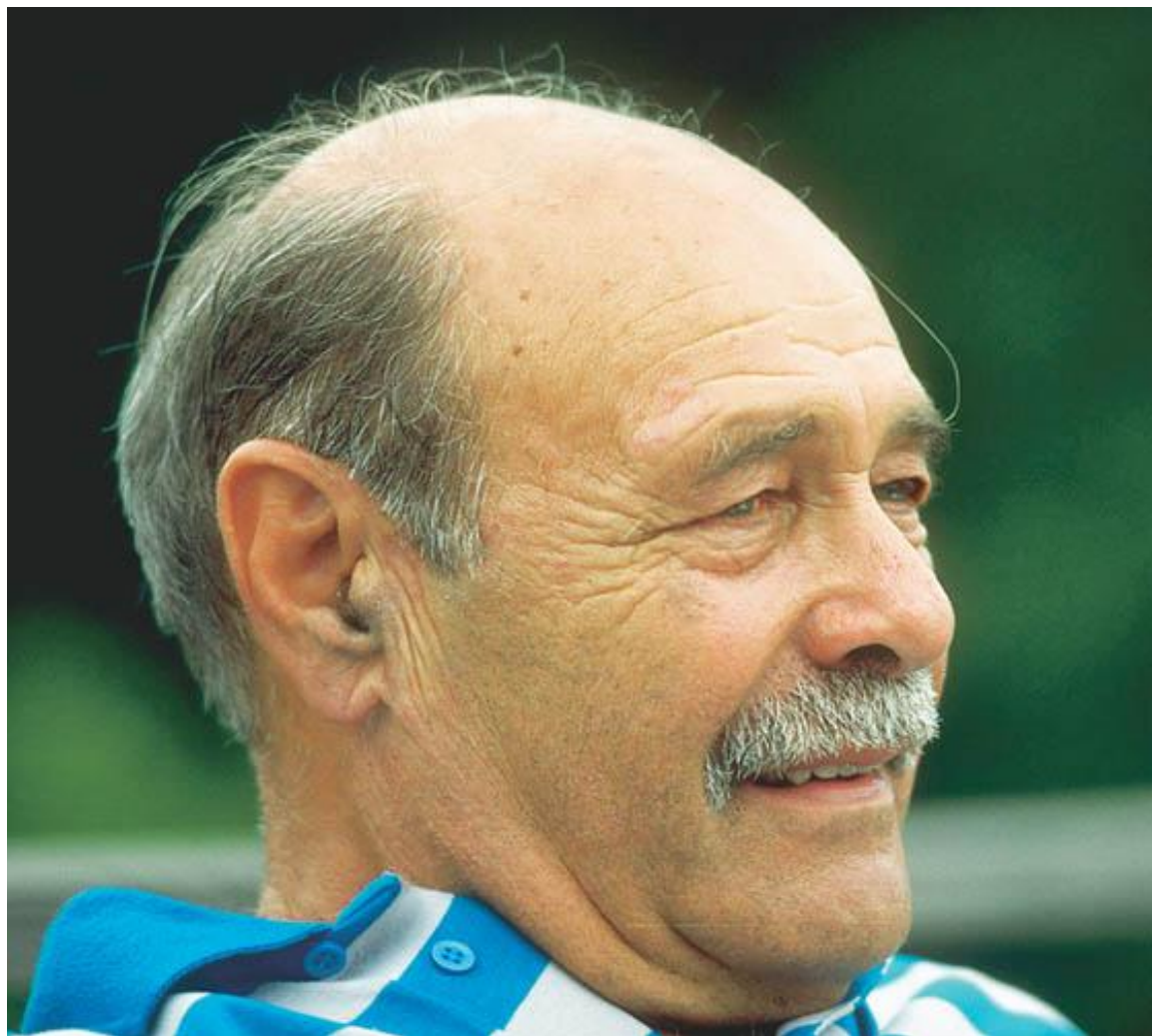
❖ 人的秃顶

❖ 秃顶基因在男人为显性，在女人为隐性

❖ 男人秃顶比女人秃顶多

❖ 秃顶与雄性激素直接有关

❖ 太监没有患秃顶的



秃顶

本章重点

- (1) 连锁遗传的实质及其细胞学基础（与分离规律和独立分配规律比较）；
- (2) 重组率的概念及其计算方法；
- (3) 应用两点测验和三点测验方法进行基因定位和连锁遗传图绘制的实施方法；
- (4) 性别决定的遗传机制，性连锁性状的遗传特点。

作业:

P101

第10、11题

作业:

P100

第2、3、5、6、7、10、11题