

## 遗传学名词解释

- 1. Alu家族 (Alu family)**
  - 一种短散布重复序列 (SINEs)，在人类基因组中非常丰富。它长度约为300bp，因其含有Alu I限制性酶切位点而得名，在基因组中拷贝数极多，对基因组结构和功能可能产生影响。
- 2. C值悖理 (C value paradox)**
  - 指生物物种的基因组大小 (单倍体基因组DNA总量，即C值) 与该物种的进化复杂程度或形态复杂性不呈正相关的一种现象。例如，一些低等生物的C值可能远大于某些高等生物。
- 3. cDNA文库 (cDNA library)**
  - 是指以特定细胞或组织在某一发育时期所转录的全部mRNA为模板，通过反转录酶作用合成双链cDNA片段，然后将这些cDNA片段与适当的载体连接，并导入受体细胞中进行扩增，从而形成的克隆的集合。该文库代表了特定细胞或组织在特定生理状态下的基因表达谱。
- 4. DNA文库 (DNA libraries)**
  - 广义上指将某生物的基因组DNA或特定细胞的mRNA反转录得到的cDNA片段，通过载体导入受体细胞 (如细菌、酵母) 中进行扩增，所形成的含有该生物全部或部分基因组序列或表达序列的克隆的集合。常见的DNA文库包括基因组文库和cDNA文库。
- 5. F因子 (F factor) (在"高频重组菌株"中提及)**
  - 大肠杆菌中的一种性质粒，编码用于细菌接合和自身转移的基因。F因子可以独立于细菌染色体复制，也可以整合到细菌染色体中形成Hfr菌株。
- 6. Gene Conversion (基因转变)**
  - 指在减数分裂的四分体联会时期，当发生同源重组时，异源双链DNA在修复错配碱基对的过程中，可能导致一个等位基因转化为其同源染色体上的另一个等位基因的现象，从而破坏孟德尔分离比。
- 7. Genomic imprinting (基因组印记)**
  - 又称**亲本印记**。指来自父方和母方的等位基因在通过精子和卵子传递给子代时发生了可遗传的表现修饰 (如DNA甲基化)，导致带有亲代印记的等位基因在子代中具有不同的表达活性 (例如，只表达父源等位基因或只表达母源等位基因)，而其DNA序列本身并未改变。
- 8. Genomic library (基因组文库)**
  - 将某生物体的整个基因组DNA通过酶切打断成一定大小的片段，然后将这些DNA片段与合适的载体连接，导入受体菌 (或酵母) 中进行扩增，从而形成的包含该生物所有基因组DNA序列的克隆的集合。理论上，一个构建完整的基因组文库应包含该生物体的所有基因。
- 9. High-frequency of recombination strain (高频重组菌株, Hfr菌株)**
  - 指细菌接合过程中，F因子 (性因子) 整合进入细菌环状DNA (染色体基因组) 的F<sup>+</sup>菌株。Hfr菌株可以将自身染色体上的基因以高频率、定向性地传递给F<sup>-</sup>受体菌，从而产生高频率的重组子。
- 10. Histone Code (组蛋白密码)**
  - 指在组蛋白的N末端尾部发生的多种可逆共价修饰 (如乙酰化、甲基化、磷酸化、泛素化等) 的模式。这些修饰可以单独或协同作用，影响染色质结构和基因的可及性，进而调控基因的表达，形成一种复杂的“密码”，被细胞识别和解读。
- 11. Homeotic Genes (同源异形基因)**
  - 一类高度保守的基因，在胚胎发育早期发挥关键作用，尤其是在控制生物体体节或器官的形态特化与身份决定方面。它们的突变常导致一个体节或器官转变为另一个体节或器官的现象，即同源异形转变。在动物中，典型的同源异形基因是Hox基因。
- 12. Horizontal Gene Transfer (水平基因转移)**
  - 指遗传物质 (如DNA或质粒) 在不同物种之间或不同个体之间进行转移的过程，而非通过亲代向子代垂直传递。在细菌中，常见的水平基因转移方式包括转化 (Transformation)、转导 (Transduction) 和接合 (Conjugation)。
- 13. Hybrid Dysgenesis (杂种不育)**
  - 指在某些杂交组合 (特别是某些野生型果蝇品系与实验室品系杂交) 中，子代表现出高频率的突变、染色体畸变、不育或半不育等一系列遗传异常现象。这通常是由转座子的异常活动引起的，例如P因子在缺乏抑制因子 (如M细胞质) 的环境中发生转座。
- 14. Interference (干涉)**
  - 指在一次单交换发生后，会影响其邻近区域发生另一次交换的概率的现象。如果一次交换抑制了邻近交换的发生，称为正干涉；如果一次交换促进了邻近交换的发生，称为负干涉。
- 15. Interrupted Mating Experiment (中断杂交实验)**
  - 一种通过控制细菌接合时间来绘制细菌基因图谱的方法。实验中，Hfr菌株和F<sup>-</sup>菌株进行接合，每隔一定时间通过物理搅拌 (如利用搅拌器) 中断接合过程，然后筛选重组子，根据不同基因进入受体菌的时间顺序和频率，来确定基因在染色体上的相对位置。
- 16. Maternal Effect (母性影响)**
  - 指子代的某些性状 (表型) 不是由子代自身的核基因型决定，而是由母体的基因型 (通过卵子细胞质中预先积累的核基因产物，如mRNA或蛋白质) 决定的遗传现象。因此，正反交结果可能不同，子代表型与雌性亲本的基因型相同。
- 17. Maternal-effect Gene (母体效应基因)**
  - 在卵子发生过程中进行表达，其表达产物 (包括蛋白质和RNA) 预先积累并贮存在卵母细胞的细胞质中。受精后，这些母体因子在胚胎早期发育的图式形成和轴线建立中起着关键作用，影响胚胎的表型，而胚胎自身的基因型在早期可能尚未表

达或不发挥主导作用。

**18. Molecular Clock (分子钟)**

- 指生物大分子（如DNA或蛋白质）中核苷酸或氨基酸序列随时间发生突变的速率在不同进化谱系中相对恒定，就像时钟一样。通过比较不同物种之间特定基因或蛋白质的序列差异，可以估算它们从共同祖先分化出来的时间。

**19. Multiple Alleles (复等位基因)**

- 指在种群中，同源染色体的相同基因座上可以存在两种或两种以上不同的等位基因。虽然在群体中存在多种等位基因，但任何一个二倍体个体在其同源染色体的同一位点上最多只能携带其中的两个等位基因。

**20. Narrow-sense Heritability (狭义遗传力)**

- 指表型总方差中由加性基因型方差（additive genetic variance）所占的比例。它是衡量亲代遗传给子代的能力的重要参数，通常用于预测群体对选择的反应，反映了育种值（基因累加效应）在表型值中的相对重要性。

**21. Nonsense Mutation (无义突变)**

- 指DNA序列中的一个碱基替换导致原有的编码氨基酸的密码子变成了一个终止密码子（UAA、UAG或UGA），从而导致蛋白质合成提前终止，产生截短的、通常无功能的肽链。

**22. Nonsense Suppressor (无义突变抑制子)**

- 一种可以抑制无义突变效应的突变基因。通常指发生突变的tRNA基因，其编码的tRNA能够识别并结合到终止密码子（如UAA、UAG、UGA）上，并携带相应的氨基酸，从而使翻译过程可以越过终止密码子，继续合成完整的蛋白质，部分或完全恢复基因功能。

**23. Ordered Tetrad (顺序四分子)**

- 特指在某些真菌（如脉孢菌）的减数分裂后，形成的四分子孢子（或其经有丝分裂后的八个子囊孢子）在子囊中按减数分裂的顺序规则排列的现象。这种顺序排列有助于精确分析基因与着丝粒之间的连锁距离。

**24. Overlapping Gene (重叠基因)**

- 指在基因组中，一个DNA片段或一个mRNA分子内包含有两个或两个以上编码不同蛋白质的开放阅读框（ORF），这些ORF部分或完全重叠，但读码框不同。这种结构可以提高基因组利用效率。

**25. Pleiotropy (基因多效性)**

- 指一个单一的基因型（或一个基因的突变）能够影响生物体多个不相关性状的表现。例如，一个基因可能同时控制着花的颜色、种子形状和株高。

**26. Post Genomics (后基因组学)**

- 指在基因组测序完成之后，研究基因组序列的结构、功能、基因表达调控网络、蛋白质组、代谢组以及基因组变异对生物体性状影响等领域的一系列研究。它旨在从海量基因组数据中挖掘生物学信息，理解生命活动的基本规律和疾病的分子机制。

**27. Proto-oncogene (原癌基因)**

- 指细胞内正常存在的一类基因，在正常生理条件下编码与细胞生长、增殖、分化等调控相关的蛋白质，对细胞的正常生命活动至关重要。当原癌基因发生突变或异常扩增时，可转变为癌基因，导致细胞失去正常生长控制，引发癌变。

**28. Pseudogene (假基因)**

- 指基因组中与已知功能基因具有高度同源性，但由于内部存在缺失、插入或点突变（如移码突变、无义突变等）而导致其失去正常编码蛋白质或RNA功能，成为非功能性序列的DNA片段。

**29. Quantitative Trait Locus (QTL) (数量性状位点)**

- 指控制数量性状（如身高、体重、产量等，其表型连续变异且受多个基因和环境共同影响）的基因在基因组中的特定位置或染色体片段。通过QTL分析，可以识别影响复杂数量性状的主效基因区域。

**30. Random Genetic Drift (随机遗传漂变)**

- 是群体遗传学中的一个重要概念，指在小群体中，由于世代间基因频率的随机抽样误差（偶然因素）导致的基因频率的波动或改变。这种改变与自然选择无关，可能导致某些等位基因在群体中随机丢失或固定。

**31. Recessive Epistasis (隐性上位)**

- 指在两对或多对非等位基因的遗传中，当其中一对非等位基因呈隐性纯合状态时（例如aa），它会掩盖另一对非等位基因（B\_或bb）的表达效应，使得无论另一对基因型如何，只表现出aa所控制的性状。

**32. Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) (限制性片段长度多态性)**

- 指由于DNA序列中的点突变或基因组重排（如插入、缺失）导致限制性内切酶识别位点发生变化，进而使得不同个体或同源染色体上用同一种限制性内切酶酶切后所产生的DNA片段长度出现差异的现象。RFLP可作为遗传标记进行基因定位和亲缘关系鉴定。

**33. Retroposon (逆转座子)**

- 一类可以在基因组内移动的转座因子。它们不编码转座酶，而是以RNA为中间体，通过逆转录酶（通常由宿主细胞或其他转座子编码）将自身转录的RNA逆转录成cDNA，然后将cDNA插入到基因组新的位置。SINEs和LINEs是常见的逆转座子类型。

**34. Reverse Genetics (反求遗传学)**

- 一种由基因序列（或蛋白质）向表型反向研究的遗传学方法。它首先通过分子生物学手段（如基因敲除、基因编辑、RNA干扰等）在离体条件下或模式生物体内有目的地制造特定基因的突变或功能缺失，然后观察和分析由此产生的生物体表型变化，从而推断该基因（或蛋白质）的正常功能。

**35. Ribozyme (核酶)**

- 指具有催化活性的RNA分子。核酶能够像蛋白质酶一样特异性地结合底物并加速化学反应，例如在RNA剪接、tRNA成熟、肽键形成（核糖体中的rRNA）等过程中发挥催化作用。

**36. RNA Editing (RNA编辑)**

- 指在RNA分子（尤其是mRNA）合成之后，其核苷酸序列在非模板介导下发生改变的过程。这种改变包括碱基的插入、缺失或修饰，从而导致mRNA序列与编码它的DNA模板序列不完全一致，进而影响翻译产物的氨基酸序列和功能。

### 37. RNA Interference (RNAi) (RNA干扰)

- 一种在真核生物中广泛存在的、由双链RNA（dsRNA）诱导的序列特异性基因沉默现象。dsRNA被Dicer酶切割成小干扰RNA（siRNA）或微RNA（miRNA），这些小RNA分子引导RNA诱导沉默复合体（RISC）特异性结合并降解靶mRNA，或抑制其翻译，从而抑制相应基因的表达。

### 38. Robertsonian Translocation (罗伯逊式易位)

- 又称**着丝粒融合**。是染色体结构变异中的一种特殊类型的整臂易位。它主要发生在两条具有近端着丝粒（acrocentric）的非同源染色体之间。在着丝粒区附近发生断裂，然后两条染色体的长臂通过着丝粒融合形成一条大的亚中着丝粒或中部着丝粒新染色体，而两条染色体短臂（通常包含核仁组织区，NOR）则非常微小，一般在细胞分裂过程中会丢失，但通常不会导致明显的表型异常，除非在配子形成过程中出现不平衡。

### 39. Sex Conduction (性导)

- 指在细菌接合（conjugation）过程中，由F'因子（即F因子携带了一段细菌染色体DNA的衍生物）所携带的外源细菌染色体DNA片段，通过接合桥转移到受体细菌染色体的过程。这种转移可以使受体菌获得新的性状，并形成部分二倍体。

### 40. Sex-influenced Inheritance (从性遗传)

- 指由常染色体上的基因控制的性状，其表现型受到个体性别（激素环境）的影响。在一种性别中表现为显性性状，而在另一种性别中则表现为隐性性状，或者在两种性别中显隐性关系颠倒。例如，人类秃顶基因。

### 41. Sex-limited Inheritance (限性遗传)

- 指基因存在于常染色体上，但在一种性别中表现出性状，而在另一种性别中则完全不表现出性状的遗传现象。尽管两种性别都可能携带该基因，但性状的表达受到性别的限制。例如，家禽的产蛋量或男性荷尔蒙相关的某些遗传疾病。

### 42. Short Interspersed Elements (SINEs)

- 短散布重复序列。在真核基因组中广泛存在的一类非长末端重复序列（non-LTR）反转录转座子。它们通常长度小于500bp，在基因组中以数千到数十万个拷贝分散存在，不编码逆转录酶，其转座需要依赖其他转座因子（如LINEs）编码的酶。Alu序列是人类基因组中最常见的一种SINEs。

### 43. Single-nucleotide Polymorphisms (SNPs) (单核苷酸多态性)

- 指在基因组水平上，由单个核苷酸的变异（包括单个碱基的替换、插入或缺失）所引起的DNA序列多态性。SNP是人类基因组中最常见的一种可遗传变异形式，广泛存在于编码区和非编码区，平均每500-1000个碱基对就可能有一个SNP。它们是最重要的遗传标记，在疾病基因定位、个体识别和药物基因组学等方面有广泛应用。

### 44. Specialized Transduction (局限性转导)

- 一种由温和噬菌体进行的转导。与普遍性转导不同，局限性转导只转导供体细菌染色体上特定位置（通常是噬菌体整合位点附近）的少数特定基因。例如，λ噬菌体只能转导大肠杆菌染色体上两侧的乳糖代谢基因（gal）和生物素合成基因（bio）。

### 45. 适合度 (Fitness)

- 在群体遗传学中，适合度衡量的是一个个体（或基因型）将自己的基因传递给下一代的能力，通常表现为该个体存活并繁殖后代的相对成功率。适合度越高，其基因型在群体中延续和扩散的机会越大。

### 46. Sequence-tagged Sites (STS) (序列标记位点)

- 指基因组中一段已知序列、单拷贝、长度通常在100-500bp之间的DNA片段。STS可以被特异性引物对PCR扩增，并且在基因组中具有唯一的物理位置。它们被广泛用作物理图谱构建、基因定位和DNA指纹分析的遗传标记。

### 47. Transduction (转导)

- 细菌遗传物质转移的一种方式。指以噬菌体为载体，将供体细菌的DNA片段转移到受体细菌体内，并使受体菌获得新的性状的遗传现象。根据转导DNA的随机性，可分为普遍性转导和局限性转导。

### 48. Trans-splicing (反式剪接)

- 一种特殊的RNA剪接形式。与传统的顺式剪接（剪接同一RNA分子内的内含子）不同，反式剪接是将两个或多个独立的RNA前体分子（或同一RNA分子中相距很远，无法通过顺式剪接连接的片段）上的外显子片段连接起来，形成一个完整的成熟mRNA分子。

### 49. Three-point Testcross (三点测交)

- 一种用于确定三个连锁基因在染色体上相对位置和基因间距离的遗传实验。通过将对三个连锁基因都呈杂合的个体（三杂合体）与对这三对基因都呈隐性纯合的个体进行杂交，然后分析子代表型比例，根据重组频率计算出基因间的图距，并确定它们的顺序。

### 50. Unequal Crossover (不等交换)

- 指在减数分裂过程中，两条同源染色体在联会时不能准确地对齐，导致交换发生在不对应的位置上。其结果是一条染色体获得重复片段（部分重复），而另一条同源染色体则失去相应片段（部分缺失），从而引起基因剂量的不平衡。

### 51. Yeast Artificial Chromosome (YAC) (酵母人工染色体)

- 一种大型克隆载体，设计用于克隆非常大的DNA片段（通常可达数百千碱基甚至兆碱基）。它含有酵母染色体所必需的复制起点、着丝粒和端粒序列，可以在酵母细胞中稳定复制和分离，是构建基因组文库和进行长片段基因组研究的重要工具。

### 52. 表观遗传学 (Epigenetics)

- 是研究基因的核苷酸序列不发生改变的情况下，基因表达的可遗传的变化的一门遗传学分支学科。这些变化包括DNA甲基化、组蛋白修饰（如乙酰化、甲基化）、非编码RNA（如miRNA和lncRNA）等。表观遗传修饰可以影响基因的可及性，调控基因表达，并在细胞分裂甚至跨代间传递。

### 53. 平衡致死系 (Balanced Lethal System)

- 指通过基因工程或选择构建的一种特殊的遗传体系，其中含有两个或多个隐性致死基因，这些基因通常位于不同染色体或通过染色体倒位等方式保持连锁，使得只有携带特定组合（例如，一个致死基因被另一个致死基因平衡）的基因型的个体才能存活。该系统利用了染色体结构变异（如倒位）对交换的抑制作用，从而永久性地保存特定的致死基因，常用于遗传学实验和育种。

#### 54. 并发系数 (Coefficient of Coincidence)

- 在多点测交中，用于衡量干涉程度的一个指标。其定义是实际观察到的双交换个体频率与在无干涉情况下预期发生的双交换个体频率之比（并发系数 = 实际双交换频率 / 预期双交换频率）。并发系数为1表示无干涉，小于1表示正干涉，大于1表示负干涉。

#### 55. 染色体组 (Chromosome set)

- 指一个细胞中一套完整的、非同源的染色体。这些染色体在形态和功能上各不相同，但它们共同携带着控制该生物生长、发育、遗传和变异的全部遗传信息。例如，人类的单倍体细胞（如配子）含有一个染色体组。

#### 56. 广义遗传力 (Broad-sense Heritability, $H^2$ )

- 衡量群体表型变异中基因型差异所占比例的遗传参数。它定义为基因型方差 ( $V_g$ ) 与表型总方差 ( $V_p$ ) 之比 ( $H^2 = V_g / V_p$ )。广义遗传力包括了加性效应、显性效应和上位性效应等所有基因型变异的贡献。

#### 57. 基因剔除/基因敲除 (Gene knockout)

- 一种通过基因工程技术，特异性地使生物体基因组中的某个特定基因失活（或消除其功能）的技术。通常通过同源重组将外源DNA片段替换或插入到靶基因中，使其丧失表达能力，从而研究该基因的功能。

#### 58. 基因多效性 (Pleiotropy)

- 指一个单一的基因型（或一个基因的突变）能够影响生物体多个不相关性状的表现。例如，一个基因可能同时控制着花的颜色、种子形状和株高。

#### 59. 基因家族 (Gene family)

- 来源于同一个祖先，由一个基因通过基因重复 (gene duplication) 而产生两个或更多拷贝，并在进化过程中分化而形成的一组基因。它们在结构（如核苷酸序列、编码蛋白的氨基酸序列）和功能上通常具有明显的相似性，编码相似的蛋白质产物或在相似的生理途径中发挥作用。

#### 60. 基因频率 (Allele frequency)

- 指在特定群体中，某一基因座上特定等位基因（如A或a）在所有等位基因中所占的比例。它是描述群体基因组成的重要参数，反映了该等位基因在群体中的普遍程度。

#### 61. 基因型频率 (Genotype frequency)

- 指在特定群体中，某种特定基因型（如AA、Aa或aa）的个体数量占群体总个体数量的比例。它与基因频率共同描述了群体遗传结构。

#### 62. 共显性 (Codominance)

- 指在杂合子中，两个不同的等位基因都能够独立地、完整地表达出各自的效应，使得杂合子的表型同时兼具两个纯合亲本的性状，且没有相互掩盖或混合。例如，ABO血型系统中AB血型的表现。

#### 63. 核外遗传 (Extranuclear inheritance)

- 指遗传物质存在于细胞核以外的细胞器中（如线粒体和叶绿体），并按照独立于孟德尔遗传规律的方式进行传递的遗传现象。核外遗传通常表现为母系遗传（子代性状与母本一致）。

#### 64. 卡方检测 (Chi-square( $\chi^2$ ) test)

- 一种统计假设检验方法，主要用于适合度检验。它用于比较观察频数与理论（预期）频数之间是否存在显著性差异，以判断观察结果是否符合某一理论假设。其基本公式为： $\chi^2 = \sum [(观察频数 - 预期频数)^2 / 预期频数]$ ，通过计算出的 $\chi^2$ 值与自由度对应的临界值进行比较，从而判断差异是否显著。

#### 65. 可变剪接 (Alternative splicing)

- 指在真核生物基因表达过程中，一个前mRNA分子可以以不同的方式进行剪接，选择性地保留或去除某些外显子和内含子，从而产生多种具有不同外显子组合的成熟mRNA异构体。不同的mRNA异构体可翻译出具有不同结构和功能的蛋白质，极大地增加了基因组的编码能力和蛋白质多样性。

#### 66. 罗伯逊式易位 (Robertsonian translocation)

- 又称着丝粒融合。是染色体结构变异中的一种特殊类型的整臂易位。它主要发生在两条具有近端着丝粒 (acrocentric) 的非同源染色体之间。在着丝粒区附近发生断裂，然后两条染色体的长臂通过着丝粒融合形成一条大的亚中着丝粒或中部着丝粒新染色体，而两条染色体短臂（通常包含核仁组织区，NOR）则非常微小，一般在细胞分裂过程中会丢失，但通常不会导致明显的表型异常，除非在配子形成过程中出现不平衡。

#### 67. 耦合相/反向相 (Coupling Phase/Repulsion Phase)

- 在连锁遗传中，当两个显性等位基因（或两个隐性等位基因）位于同一条同源染色体上时，称为**耦合相**（或顺式相）；当一个显性等位基因与一个隐性等位基因位于同一条同源染色体上时，称为**反向相**（或反式相）。

#### 68. 渗漏突变 (Leaky mutation)

- 指一个基因的突变并没有完全破坏其功能，而是导致其功能部分丧失或降低。这种突变通常会产生一个带有轻微表型缺陷的蛋白质，或者在特定条件下仍能保留部分活性，表现出“渗漏”效应。

#### 69. 顺反测验 (Cis-trans test) / 互补实验 (Complementation test)

- 一种遗传学实验方法，用于检验两个表型效应相同或相似的突变位点是位于同一基因（顺反异构）还是位于不同基因（互补）上。如果两个突变互补，则它们位于不同基因上，杂合子能恢复野生型表型；如果不能互补，则它们位于同一基因上。

#### 70. 同源异形基因 (Homeotic Genes)

- 一类高度保守的基因，在胚胎发育早期发挥关键作用，尤其是在控制生物体节或器官的形态特化与身份决定方面。它们的突变常导致一个体节或器官转变为另一个体节或器官的现象，即同源异形转变。在动物中，典型的同源异形基因是Hox

基因。

**71. 普遍性转导 (Generalized Transduction)**

- 指以温和噬菌体为载体，将供体细菌染色体上的任何一个DNA片段随机地转移到受体细菌体内，并使受体菌获得新的性状的转导类型。噬菌体在裂解宿主细胞时，错误地将宿主染色体上的DNA片段包装到噬菌体颗粒中，从而实现随机的基因转移。

**72. 无义突变 (Nonsense Mutation)**

- 指DNA序列中的一个碱基替换导致原有的编码氨基酸的密码子变成了一个终止密码子 (UAA、UAG或UGA)，从而导致蛋白质合成提前终止，产生截短的、通常无功能的肽链。

**73. 显性上位 (Dominant Epistasis)**

- 指在两对或多对非等位基因的遗传中，当其中一对非等位基因含有显性等位基因时 (例如A\_)，它会完全掩盖另一对非等位基因 (B\_或bb) 的表达效应，使得无论另一对基因型如何，都只表现出A\_所控制的性状。

**74. 移码突变 (Frame-shift mutation)**

- 指在DNA或RNA序列中，插入或缺失了一个或多个非3的倍数的核苷酸。这种突变会导致从插入或缺失点开始，后续的密码子阅读框发生改变 (移位)，从而使翻译合成的蛋白质序列从该点之后完全改变，通常会产生无功能的截短蛋白质，或完全不同的蛋白质。

**75. 异源多倍体 (Allopolyploid)**

- 指含有来自两个或更多不同物种的完整染色体组的生物个体。异源多倍体通常是通过不同物种间的杂交，然后染色体数目加倍而形成的，在植物育种中较为常见。

**76. 遗传漂变 (Genetic Drift)**

- 又称**随机遗传漂变**。是群体遗传学中的一个重要概念，指在小群体中，由于世代间基因频率的随机抽样误差 (偶然因素) 导致的基因频率的波动或改变。这种改变与自然选择无关，可能导致某些等位基因在群体中随机丢失或固定，特别是在“奠基者效应”和“瓶颈效应”中表现明显。

**77. 奠基者效应 (Founder Effect)**

- 是遗传漂变的一种特殊形式。指当一个新群体由少数个体从一个大的原始群体中分离出来并建立时，新群体的基因频率可能与原始群体有显著差异。这种差异完全是由于建立新群体的少数个体所携带的基因频率的偶然性决定的，而非通过自然选择。