

2025 年全国中学生生物学联赛试题

注意事项：1. 所有试题使用 2B 铅笔在机读卡上作答；

2. 考生须对试题的每个选项进行判断（正确涂 T，错误涂 F）。每道试题的任何选项全部空白或全部填涂，该选项作答将被视为回答错误；

3. 每题 2 分，包括 4 个选项。答对 0 或 1 个选项得 0 分；答对 2 个选项得 0.2 分；答对 3 个选项得 1 分；答对 4 个选项得 2 分；

4. 试卷共 72 题，共计 144 分，答题时间 150 分钟。

一. 生物化学、分子生物学、细胞生物学（18 题）

1. 灭菌是生物技术中的重要环节，不同的灭菌方法适用于不同的场景。对以下关于常见灭菌方法及其应用的陈述进行正误判断：

- A. 过滤杀菌法主要适用于对固体培养基进行灭菌
- B. 电磁波射线杀菌法（如紫外线）可用于实验室操作台表面和空气的杀菌
- C. 使用化学药剂（如甲醛熏蒸）是空间杀菌的有效方法
- D. 干热灭菌法因穿透力强，常用于液体的快速灭菌

2. 减数分裂和有丝分裂是真核细胞的两种重要分裂方式。对以下关于两者比较的陈述进行正误判断：

- A. 减数分裂通常发生在体细胞中，而有丝分裂发生在生殖细胞形成过程中
- B. 两种分裂方式在分裂期开始前，染色体都只复制一次
- C. 减数分裂包含两次连续的细胞分裂，而有丝分裂只有一次
- D. 减数分裂结束后产生的子细胞染色体数目是亲代细胞的一半

3. 对以下关于真核细胞端粒的陈述进行正误判断：

- A. 端粒对于维持染色体的独立性和完整性至关重要
- B. 端粒结构仅由 DNA 短重复序列组成
- C. 真核细胞线状染色体末端的端粒结构包含 DNA 序列和多种蛋白质
- D. 对端粒和端粒酶功能机制的研究曾获得诺贝尔生理学或医学奖

4. 反义 RNA(antisense RNA)是一种与特定 mRNA 序列互补的 RNA 分子，参与基因表达调控。对以下关于反义 RNA 的陈述进行正误判断：

- A. 反义 RNA 通过增强其靶标 mRNA 的翻译效率来调控基因表达
- B. 反义 RNA 仅在细胞核内通过干扰转录起始来发挥其调控功能
- C. 反义 RNA 可与其互补的 mRNA 结合形成双链结构，进而触发目标 mRNA 的降解
- D. 在原核生物和真核生物中均存在天然的反义 RNA

5. 溶菌酶活性中心的谷氨酸 35(Glu35)和天冬氨酸 52(Asp52)对其催化活性至关重要。pKa 值是描述氨基酸质子化和去质子化平衡的重要参数。已知在特定条件下，Glu35 羧基侧链的 pKa 约为 5.9，Asp52 羧基侧链的 pKa 约为 4.5。对以下关于当环境 pH 为 5.2 时这两个氨基酸残基侧链主要电离状态的陈述，进行正误判断：

- A. 在 pH 5.2 时，Glu35 的羧基侧链主要处于质子化状态(COOH)
- B. 在 pH 5.2 时，Asp52 的羧基侧链主要处于质子化状态(COOH)
- C. 在 pH 5.2 时，Glu35 的羧基侧链主要处于去质子化状态(COO⁻)
- D. 在 pH 5.2 时，Asp52 的羧基侧链主要处于去质子化状态(COO⁻)

6. 碳酸氢盐缓冲系统 ($\text{CO}_2 + \text{H}_2\text{O} \rightleftharpoons \text{H}_2\text{CO}_3 \rightleftharpoons \text{H}^+ + \text{HCO}_3^-$) 是维持血液 pH 稳定的关键机制，其中碳酸酐酶催化第一步反应。在一个模拟血液缓冲环境的体外实验体系中，对以下关于改变条件对该系统 pH 影响的陈述进行正误判断：

- A. 提高体系中溶解的 CO_2 浓度，将导致碳酸浓度增加，进而使氢离子浓度升高
- B. 加入碳酸酐酶抑制剂会显著改变该缓冲体系的最终平衡 pH 值
- C. 降低体系中溶解的 CO_2 浓度，将导致碳酸氢根离子浓度显著下降，从而使 pH 降低
- D. 降低体系中溶解的 CO_2 浓度，将导致反应平衡向左移动，氢离子浓度降低，pH 升高

7. mRNA 疫苗递送常使用脂质纳米颗粒 (LNP)，其通常包含可电离阳离子脂质、胆固醇、辅助磷脂和聚乙二醇 (PEG) 修饰脂质。LNP 能保护 mRNA，促进其进入细胞，并且其 pH 敏感特性对于 mRNA 从被细胞吞入形成的囊泡中释放到细胞质内这一关键步骤至关重要。对以下关于 LNP 结构与功能的陈述进行正误判断：

- A. LNP 中的可电离阳离子脂质在生理血液 pH (约 7.4) 条件下带有显著正电荷，用于结合 mRNA
- B. PEG 修饰的脂质分布在 LNP 表面，形成亲水层，有助于延长 LNP 在血液中的循环时间
- C. LNP 进入细胞后，主要依靠胆固醇组分直接破坏内体膜结构，从而释放 mRNA 至细胞质
- D. 若将 LNP 中的辅助磷脂替换为分子链更饱和、刚性更强的脂质，可能会因降低膜的柔韧性而影响 mRNA 递送效率

8. 氨基酸在分解代谢过程中，其碳骨架可以转化为葡萄糖或其前体（生糖作用），或者转化为乙酰 CoA 或乙酰乙酸（生酮作用）。有些氨基酸则两者兼具。对以下关于特定氨基酸代谢去向分类的陈述进行正误判断：

- A. 异亮氨酸(Ile)既是生糖氨基酸也是生酮氨基酸
- B. 亮氨酸(Leu)既是生糖氨基酸也是生酮氨基酸
- C. 甲硫氨酸(Met)既是生糖氨基酸也是生酮氨基酸
- D. 色氨酸(Trp)既是生糖氨基酸也是生酮氨基酸

9. 溶酶体膜结构的完整性对于溶酶体功能至关重要。对以下溶酶体膜结构特性的相关描述进行正误判断：

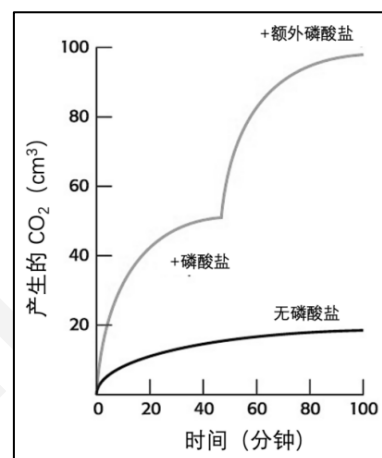
- A. 溶酶体膜含有质子泵, 能利用水解 ATP 产生的能量将 H^+ 泵入溶酶体, 使其 H^+ 浓度比细胞质中高出数倍甚至百倍, 以形成和维持酸性的内环境
- B. 溶酶体膜上的膜脂几乎不具有流动性, 有利于维持溶酶体内部的酸性环境
- C. 溶酶体膜蛋白高度糖基化, 有利于维持膜蛋白的稳定
- D. 溶酶体的双层膜结构能更有效地将其内部酸性环境与细胞质环境进行隔离

10. 对以下关于细胞中的信号分子的描述进行正误判断:

- A. 第二信使不包含蛋白质, 其通过胞内浓度变化来应答胞外信号, 参与调控信号转导过程
- B. 蛋白激酶和磷酸酶介导的蛋白质磷酸化和去磷酸化是细胞信号转导的一种“分子开关”机制
- C. 在缺氧条件下, 亲水性信号分子可通过特异性通道蛋白如水孔变体直接进入细胞, 并优先激活细胞内信号通路, 而不依赖传统的受体-效应器级联
- D. 气体类信号分子可以通过自由扩散进入细胞

11. 右图展示了利用酵母提取物进行葡萄糖酒精发酵时, 通过监测二氧化碳(CO_2)释放量来追踪发酵进程的实验结果, 图中还包含了添加可溶性磷酸盐(以提供无机磷酸, P_i)对发酵速率影响的信息。对以下关于该实验及相关代谢过程的陈述进行正误判断:

- A. 由于二氧化碳是酵母酒精发酵的化学计量产物, 因此监测其释放量可用于追踪发酵进程
- B. 在糖酵解途径中, 无机磷酸(P_i)是丙酮酸激酶催化反应的直接底物之一
- C. 若实验观察到添加无机磷酸(P_i)能显著提高 CO_2 释放速率, 则表明初始酵母提取物中的 P_i 浓度是限制发酵速率的因素之一
- D. 酵母酒精发酵过程中, 每产生 1 摩尔的二氧化碳(CO_2), 必然伴随着 1 摩尔无机磷酸(P_i)的净消耗



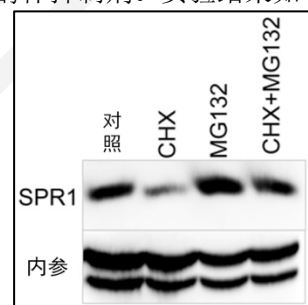
题干 12-13. 为了检测 SPR1 蛋白的稳定性, 分别使用环己亚胺 (CHX) 和/或 MG132 处理拟南芥幼苗 16 小时后, 分别提取总蛋白进行免疫印迹分析。CHX 是蛋白质合成抑制剂, MG132 是蛋白酶体抑制剂。实验结果如右图所示, 尝试回答以下问题。

12. 对以下陈述进行正误判断:

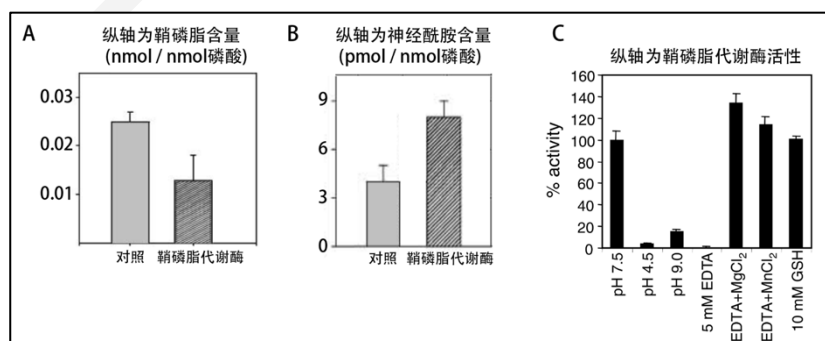
- A. CHX 破坏了 SPR1 蛋白的结构稳定性
- B. MG132 使得 SPR1 蛋白的稳定性增强
- C. CHX 和 MG132 的同时处理会协同增强 SPR1 蛋白的稳定性
- D. SPR1 蛋白可以通过蛋白酶体依赖的途径发生降解

13. 对以下陈述进行正误判断:

- A. CHX 处理允许直接测量内源 SPR1 蛋白的降解速率, 而与合成无关
- B. MG132 处理导致 SPR1 显著积累, 表明蛋白酶体降解是 SPR1 转换的唯一途径
- C. 通过比较 CHX 单独处理与 CHX+MG132 联合处理的结果, 可以推断蛋白酶体途径是 SPR1 蛋白降解的重要机制
- D. 对照组中检测到的 SPR1 蛋白水平, 反映了在稳态条件下其合成速率与总降解速率达到动态平衡时的蛋白浓度



14. 鞘磷脂是哺乳动物中含量最丰富的鞘脂, 对于细胞的生长和存活至关重要。鞘磷脂由神经酰胺和磷脂酰胆碱的磷酸胆碱头部基团合成得到, 被水解后会产生神经酰胺。研究人员发现了一个与鞘磷脂合成或水解相关的代谢酶, 在对照和表达该酶的细胞中分别检测了鞘磷脂 (A 图) 和神经酰胺 (B 图) 的含量, 并在不同条件下对其生化活性进行了分析 (C 图, 其中 EDTA 为金属离子螯合剂; GSH 为还原型谷胱甘肽), 请对以下陈述进行正误判断:



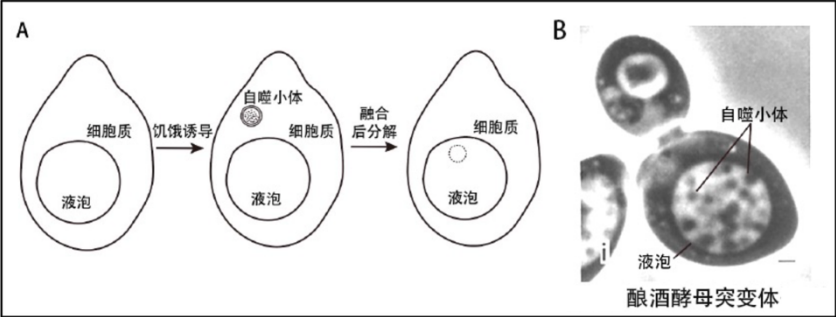
请对以下陈述进行正误判断:

- A. 该酶为鞘磷脂水解酶
- B. 该酶在中性条件下活性高于酸性或碱性条件
- C. 该酶的活性不依赖金属离子
- D. 该酶的活性依赖二硫键的形成
15. p53 蛋白是防止癌症发生和发展的主要蛋白。研究发现超过半数的人类肿瘤中存在 p53 基因的突变, 故此恢复肿瘤细胞中 p53 的功能常被作为一种癌症治疗的策略。对以下关于 p53 的陈述进行正误判断:
- A. p53 蛋白主要通过直接结合并降解癌蛋白来抑制肿瘤发生
- B. 在正常细胞应激反应中, p53 蛋白水平升高可诱导细胞周期阻滞或细胞凋亡
- C. p53 基因的突变仅发生在编码 DNA 结合域的外显子中

D. MDM2 蛋白是一种泛素连接酶，主要功能是负调控 p53 蛋白，在癌症中过表达可抑制肿瘤发生

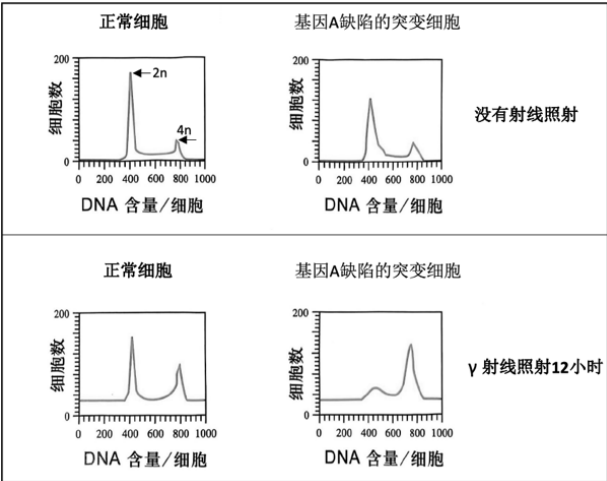
16. 细胞在饥饿条件下会产生自噬小体包裹自身的部分物质用于分解提供能量。在酿酒酵母中，自噬小体在细胞质中产生后被运输到液泡进行分解（见右侧 A 图），野生型细胞中这一分解过程会较快完成，然而一些突变体会产生 B 图所示表型，请对以下陈述进行正误判断：

- A. 该突变体是由于自噬小体形成过程出现障碍而导致
- B. 该突变体是由于自噬小体不能和液泡融合而导致
- C. 该突变体是由于液泡分解功能障碍而导致
- D. 使用蛋白酶抑制剂处理野生型酵母细胞可能会得到类似的表型



17. PI 染料在与 DNA 结合后可被激发产生荧光，荧光强度与 DNA 含量成正比。利用该性质，可将 PI 染色的细胞通过流式细胞仪，检测每个细胞中的荧光量。具有特定 DNA 含量的野生型细胞和突变细胞，在没有射线照射和 γ 射线照射条件下处于不同周期进程的细胞数量分别绘制在右图中。请根据图中的数据，对以下描述进行正误判断：

- A. S 期细胞中 DNA 含量介于 2n 和 4n 之间
- B. γ 射线照射后，突变细胞中处于 S 期的细胞比例下降，而野生型细胞中处于 S 期的细胞比例上升
- C. γ 射线照射后，与野生型细胞相比，突变细胞处于 G1 期的细胞数相比野生型显著减少
- D. γ 射线照射使大多数突变细胞处于 G2 期，其从 G2 向 M 期和 G1 的细胞周期进程被阻断



18. 蛋白质翻译后修饰 (PTM) 如磷酸化、泛素化和糖基化，调控着蛋白质的功能与命运。例如，Tau 蛋白过度磷酸化与阿尔茨海默病的神经纤维缠结有关。此外，利用泛素-蛋白酶体系统降解靶蛋白的 PROTACs 技术已成为药物研发热点。对以下关于 PTM 及其相关过程的陈述进行正误判断：

- A. 蛋白质磷酸化是一种常见的 PTM，催化该过程的激酶利用 GTP 作为磷酸基团的直接供体
- B. 泛素化修饰的一个主要功能是标记蛋白质，引导其被蛋白酶体识别并降解
- C. N-连接糖基化修饰起始于内质网，对于许多分泌蛋白和膜蛋白的正确折叠和功能至关重要
- D. 在阿尔茨海默病中，神经纤维缠结的主要成分是异常聚集的过度磷酸化 Tau 蛋白，但 Tau 蛋白保持正常功能

二、植物学、植物生理、微生物（18 题）

19. 华北落叶松的学名被确定为 *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* (Mayr) Pilger。对以下关于该学名构成及相关国际植物命名法规的陈述进行正误判断：

- A. 按照命名规则，变种加词 '*principis-rupprechtii*' 在物种 *Larix gmelinii* 内必须是唯一的，但该加词允许与同属或其他属中某个物种的种加词完全相同
- B. 变种加词 '*principis-rupprechtii*' 是构成此完整变种学名的三个主要组成部分之一，并且其分类学等级等同于种加词 '*gmelinii*'
- C. 若未来研究将此变种提升至物种等级，命名法规允许在满足优先权等条件下，将原变种加词 '*principis-rupprechtii*' 作为新物种的种加词使用
- D. 学名中原命名人 Mayr 姓氏外的括号表明，Pilger 对 Mayr 最初描述的分类单元的分类地位或名称组合进行了修订

20. 在水生、湿生和旱生不同水分条件下，观赏植物香菇草叶解剖特征表现出适应性变化，其叶的解剖参数如右表所示。根据此表信息及相应的植物学知识，请对下列陈述进行正误判断：

- A. 干旱生境下香菇草叶片的栅栏组织细胞排列比水生生境下更紧密
- B. 旱生型香菇草叶片的气孔指数高于湿生型
- C. 随生境水分减少，香菇草叶片的海绵组织厚度显著增加
- D. 随生境水分减少，香菇草叶片的总厚度显著增加

参考项	水生型	湿生型	旱生型	平均值
上表皮细胞厚度	54.40	19.33	34.04	35.92
下表皮细胞厚度	54.10	21.73	45.60	40.48
栅栏组织厚度	16.57	11.35	8.57	12.16
两层栅栏细胞厚度比	11.52	11.29	18.40	13.74
叶片结构紧密度	15.32	15.22	20.27	16.94
海绵组织厚度	8.58	6.40	13.64	9.54
叶片结构疏松度	9.87	8.09	10.27	9.41
栅海比	13.49	11.24	17.76	14.16
叶片厚度	4.51	4.94	14.71	8.05
总平均值	20.93	12.18	20.36	17.82

21. 右图展示了基于不同数据构建的两种被子植物主要谱系的系统发生树（A: APG 系统；B: 基于基因组数据）。对以下关于这些谱系系统关系的陈述进行正误判断：

A. 单子叶植物在两棵树上的系统位置不同，说明其与被子植物其它主要谱系的关系在不同数据分析下可能存在不确定性

B. 真双子叶植物与金鱼藻目在两树上均为姐妹类群

C. 木兰类与金粟兰目在两树上也是姐妹类群

D. 金粟兰目在两树上的位置不同，说明其系统位置存在不确定性

22. 禾本科(Poaceae)是被子植物中经济价值高、分布广泛的大科，具有独特的形态结构。对以下关于禾本科植物普遍具有的形态特征（共有衍征）的陈述进行正误判断：

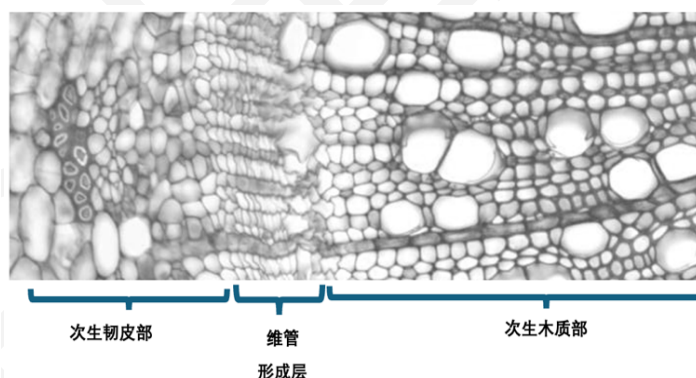
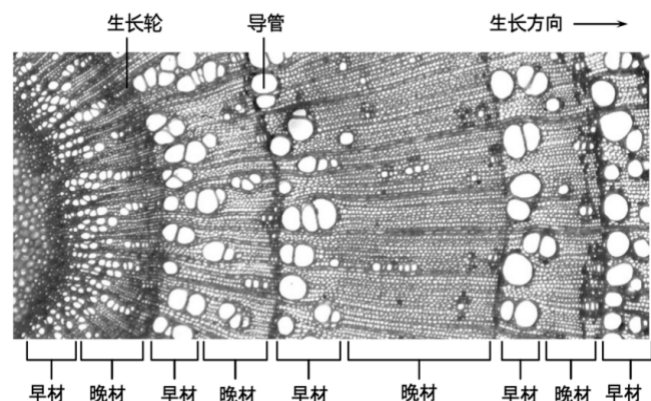
A. 其小花结构特殊，通常包含外稃、内稃、浆片及雌雄蕊，小花聚生为小穗，小穗基部常有颖片

B. 其果实类型为颖果，其主要特点是果皮与种皮紧密愈合，难以分离

C. 其茎（秆）为典型的圆柱形，具明显的节与节间，且所有种类的节间都呈中空状态

D. 其叶由明显的叶片和包于秆外的叶鞘构成，叶片脉序展示出主脉平行的基本模式

题干 23 - 24: 由维管形成层分化为次生木质部和次生韧皮部，产生了庞大的次生维管组织，支撑了高大树体而且提供了生长所需要的水分和矿物质，具有重大的生物学意义。维管形成层的活动受季节影响较大，在多年生木本植物茎的横截面上可以看到许多同心圆，这些同心圆称为生长轮。



23. 根据上述两图植物维管形成层活动特征的描述，对下列陈述进行正误判断：

A. 在生长季节早期（春夏季），维管形成层活动旺盛，主要产生管腔直径较大的早材导管

B. 在生长季节晚期（秋季），维管形成层活动减弱，主要产生管腔直径较小、细胞壁较厚的晚材导管

C. 维管形成层向内分裂产生次生木质部、向外分裂产生次生韧皮部，通常产生前者的细胞数量远多于后者

D. 右图所示的次生木质部中，所有细胞（包括导管、纤维、薄壁细胞等）在成熟后均失去生理活性

24. 请根据左图所示的木材显微结构特征以及维管形成层的季节性活动规律，对以下关于生长轮（年轮）的陈述进行正误判断：

A. 在温带地区，一个生长季节内形成的早材和晚材共同构成一个清晰可见的生长轮（年轮）

B. 左图中清晰可见，年轮的界限位于上一生长季节形成的晚材与本生长季节形成的早材之间

C. 在同一生长轮内，从早材到晚材的细胞形态过渡通常是突变的，形成明显的内部界限

D. 左图显示晚材区域细胞排列紧密、腔小壁厚，因此通常比结构疏松、腔大壁薄的早材更为致密

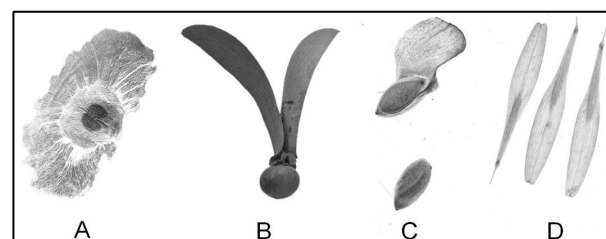
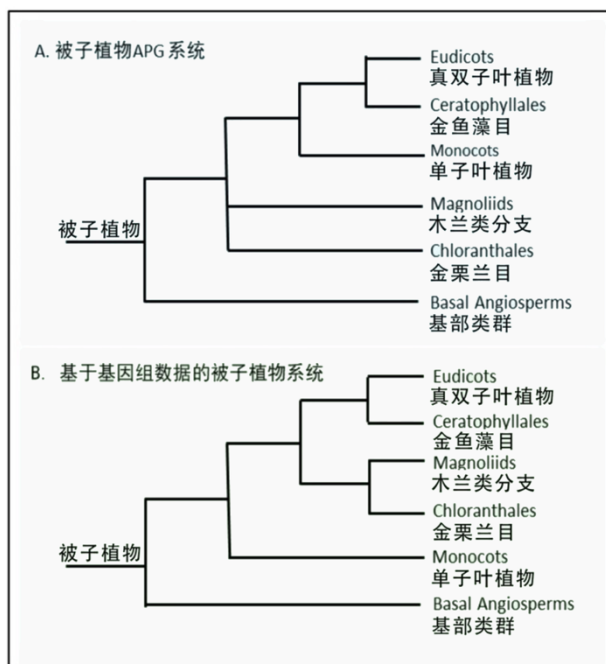
25. 植物为其后代的扩散传播做出的巨大的努力，产生了广泛的多样性。下组图片展示了植物适应风力传播繁殖体的不同形态，请对下列陈述进行正误判断：

A. 图 A 中玉蝴蝶的果实具有薄膜状翅，可以在空中滑翔，为典型的周翅果

B. 图 B 中龙脑香的果实长有 2 枚翅膀，可以帮助其增加扩散距离

C. 图 C 中松属植物的果实具 1 枚翅，因此属于单翅果

D. 图 D 中白蜡树的果实其果皮延展呈翅状，为单翅果

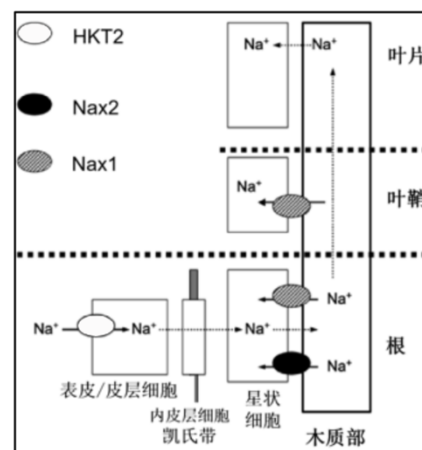


26. 表皮是植物体表面的初生保护组织，执行多种生理功能。请对下列关于表皮功能的陈述进行正误判断：

- A. 植物地上部分的所有表皮细胞都均匀覆盖着角质层，且都具备调节水分蒸腾的能力
B. 表皮实现其保护功能，主要是依赖于其细胞壁的完全木质化和形成周皮结构
C. 气体交换所需的气孔结构由两个普通的、无叶绿体的表皮细胞特化形成

D. 表皮细胞是植物从环境中吸收必需矿质元素的主要途径

27. 土壤中可溶性盐类（如 Na^+ 、 Cl^- 等）含量过高时会对植物生长和发育造成严重危害。植物中转运钠离子的转运蛋白在维持离子稳态和耐盐性中起关键作用。如右图中所示，HKT2 是 HKT（High-Affinity K^+ Transporter）家族的一个亚型，参与 K^+ 和 Na^+ 的转运。Nax1 和 Nax2 转运蛋白是植物中一类重要的钠离子转运蛋白，主要存在于某些植物（如小麦）中。盐胁迫条件下，当 Nax1 和 Nax2 转运蛋白水平或活性增高时，请对以下实验结果的描述进行正误判断：



- A. 运到叶片的钠离子的量减少
B. 从根到地上部的钠离子长距离运输效率下降
C. 钠离子在根系中积累的量减少
D. 钠离子在木质部周围的细胞中积累的量减少

28. 植物细胞壁作为包裹在原生质体外围的特殊结构，其结构和成分是植物学研究的重点。Lampert 和 Epstein 提出的“经纬模型”是描述初生细胞壁结构的模型之一。请对下面关于该模型的陈述进行正误判断：

- A. 纤维素微纤丝作为“经线”，构成细胞壁的主要骨架
B. 半纤维素作为“纬线”，垂直于纤维素微纤丝排列，并通过氢键与之连接
C. 果胶填充在纤维素和半纤维素网络中，其状态变化可以影响细胞壁的柔韧性或硬度
D. 木质素是初生细胞壁“经纬模型”中的重要组成部分，显著增强细胞壁的弹性

题干 29-30：如右图所示，科学家研究了 *ER* 基因在调控种子大小中的作用。Col-0 是哥伦比亚生态型拟南芥，作为野生型对照，*er105* 是缺失 *ER* 功能的突变体，*gER/er105* 是在 *er105* 中转入 *ERpro:ER-4myc* 载体，在该载体中由 *ER* 基因自身启动子驱动 *ER* 与 *Myc* 标签序列的融合基因，共获得三个独立转基因株系。

29. 根据图中结果和已有生物学知识，对以下陈述进行正误判断：

- A. 在植物转基因过程中，农杆菌介导法是常用方法
B. 在农杆菌介导的植物遗传转化过程中，T-DNA 定点插入到基因组特定位置
C. 在进行蛋白杂交实验中，丽春红染色是为了确定在提取植物总蛋白时已将目的蛋白成功提取
D. 为确定植物中所转化的目的基因的表达式，可以间接检测其所融合的标签蛋白的含量

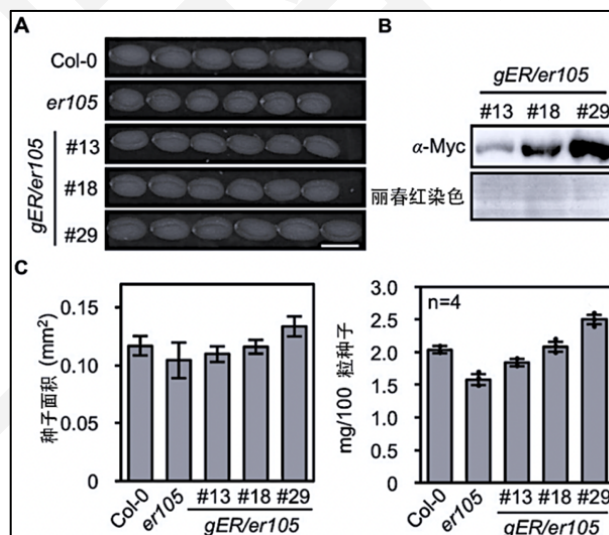
30. 根据图中所展示的结果，对以下陈述进行正误判断：

- A. *ER* 蛋白在种子发育过程中抑制种子生长
B. *ER* 自身启动子也可导致 *ER* 基因过量表达
C. *ER* 蛋白含量与种子大小呈正比
D. 将同一种 *ERpro:ER-4myc* 载体转入野生型拟南芥中，所获得的不同转基因植物中 *ER* 表达量相同

31. 低浓度生长素（Auxin）促进拟南芥下胚轴伸长，高浓度则抑制其伸长；光照通常抑制拟南芥下胚轴生长，黑暗则促进其伸长。研究人员发现，较多的生长素会诱导产生更多的与生长素上升相关的小 RNA 转录本（即 SAUR 转录本），导致质膜 H^+ -ATPases 的活性增强，使拟南芥下胚轴表皮细胞质外体逐步酸化；然而，光照对质外体 pH 的净效应可能更复杂，并与其他信号途径相互作用。当 pH 高于某一阈值时，则促进生长，而低于该阈值时则抑制伸长，表明在拟南芥下胚轴生长中生长素和光的平衡是关键。基于以上内容，对以下陈述进行正误判断：

- A. 若将拟南芥从黑暗转入光照下生长，同时给予一定量生长素处理，可能会部分缓解过量生长素对下胚轴伸长的抑制作用
B. 在生长素剂量较低时，SAURs 转录本的产生量较少，质膜 H^+ -ATPases 活性较弱，拟南芥下胚轴细胞伸长速度一定比高剂量的生长素处理时慢
C. 黑暗中生长的拟南芥，若给予适量生长素处理，其质外体 pH 会下降，当 pH 低于促进生长的阈值时，即使再增加生长素剂量，下胚轴伸长也不会加快，反而可能减慢
D. 生长在光照下生长的拟南芥，用 H^+ -ATPases 的抑制剂处理后，再施加适当浓度的生长素，拟南芥下胚轴正常伸长

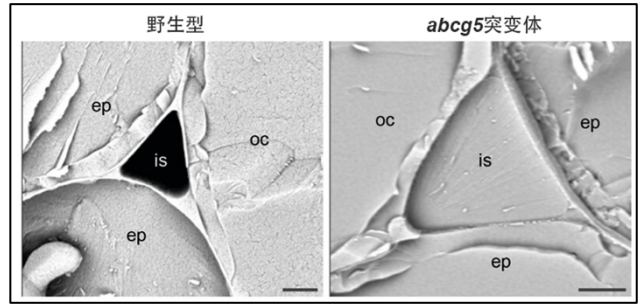
32. 对以下关于植物根系吸收和运输水分机制的陈述进行正误判断：



- A. 凯氏带迫使水分和离子通过内皮层的共质体途径进入维管柱
B. 根压是蒸腾作用强烈时水分上升的主要动力
C. 蒸腾拉力依赖导管内水柱的连续性和内聚力维持

D. 质外体途径是水分跨过内皮层的主要运输方式

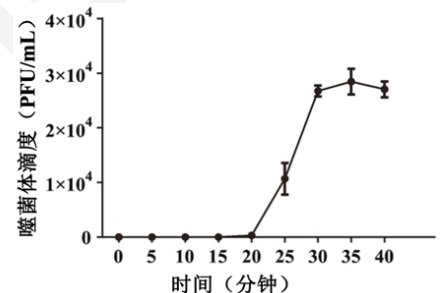
33. 植物向光性是植物通过生长运动朝向或背离光源的特性。拟南芥的胚轴感受到侧面来光后，可通过生长素的不对称分布（胚轴两侧生长素的浓度形成梯度）调节细胞伸长，朝向光源生长。研究人员发现，在野生型拟南芥中，细胞间空间（is, intercellular space）是空的，允许空气存在，光线通过时的折射率与细胞壁、细胞质中有很大的差别，导致光线的散射；转运蛋白 ABCG5 突变后，*abcg5* 突变体的细胞间空间填充了物质，光线通过时，相对野生型不易发生散射。*abcg5* 突变体的向光性比野生型差。实验结果如右图所示，ep: 表皮细胞、oc: 其他细胞。根据上述实验结果，对以下陈述进行正误判断：



- A. 野生型植物向光性强于 *abcg5* 突变体的原因：植物细胞间的空气通道可增强光的散射，限制了光的透射，增大了胚轴两侧的光信号差异
B. 向野生型植物胚轴的空气通道中注入水，植物的向光性会增强
C. 蛋白 ABCG5 需要与向光性受体直接相互作用来执行功能
D. 侧面光照时，*abcg5* 突变体中胚轴两侧生长素的浓度梯度小于野生型
34. 某长日照植物在以下 4 种处理中开花时间如下（所有处理均重复三次，结果具有显著性差异 ($p < 0.05$)）：
处理 1：16 小时光照/8 小时黑暗（正常长日照）→ 开花所需天数：25 天；
处理 2：8 小时光照/16 小时黑暗（短日照）→ 不开花；
处理 3：8 小时光照+8 小时远红光脉冲/8 小时黑暗 → 开花所需天数：40 天；
处理 4：16 小时光照+连续蓝光补充/8 小时黑暗 → 开花所需天数：18 天。

根据以上实验结果，对以下陈述进行正误判断：

- A. 远红光脉冲可以改变光周期信号，导致开花延迟
B. 处理 4 的结果表明，增加蓝光照射是该植物感受长日照信号并启动开花程序的前提
C. 处理 3 的结果表明光周期感知主要依赖于暗期的持续长度
D. 对比处理 1 和处理 4，在长日照条件下额外补充蓝光有助于提前开花
35. 噬菌体是侵染细菌、真菌等微生物的病毒，在环境中广泛存在。对大肠杆菌具有特异性侵染能力的噬菌体 DY1 属于短尾噬菌体科，其侵染能力可以用噬菌体滴度表示（PFU/mL）。右图为该噬菌体的生长曲线。根据题千和图示信息，对以下陈述进行正误判断：



- A. 噬菌体 DY1 通过二分裂的方式进行繁殖
B. 噬菌体 DY1 的生长曲线为一步生长曲线
C. 该噬菌体为溶原性噬菌体
D. 潜伏期大约为 20 分钟
36. 对以下关于构建酵母与蓝藻人工内共生体系的选育条件及机理的陈述进行正误判断：
- A. 酵母在该共生体系中依赖蓝藻提供的葡萄糖和能量来补偿自身呼吸功能的缺陷，从而实现正常生长
B. 在共生体系选育过程中，使用含有外源性碳源（如葡萄糖）的培养基是筛选出具有稳定共生关系的融合体的最佳策略
C. 建立共生体系时，培养基中需以碳酸氢盐作为唯一碳源，并提供适宜光照，以迫使酵母依赖蓝藻供能
D. 为防止外部蓝藻污染，共生体系的选育培养基通常不添加抗生素，从而有利于共生体的长期稳定

三、动物学、动物生理学、生态学（18 题）

37. 对以下关于不同动物类群神经系统结构比较及其系统发育意义的陈述进行正误判断：

- A. 弥散的神经网络是刺胞动物等辐射对称动物神经系统的基本特征，而两侧对称动物则普遍演化出集中的中枢神经系统及不同程度的头化现象
B. 两侧对称动物中，所有原口动物均具有位于腹侧的、由神经节连接成的实心梯状或链状神经索，而后口动物中的脊索动物则演化出位于背侧的中空神经管
C. 脊椎动物脑的演化显示出复杂化的趋势，例如大脑皮层的分区和褶皱化在哺乳动物中尤为显著，形成了高度发达的新皮层，这与其复杂的行为和认知能力密切相关
D. 比较不同动物类群的神经系统结构（如神经元类型、神经节排列、脑区同源性）是理解动物演化历程和系统发育关系的重要途径之一

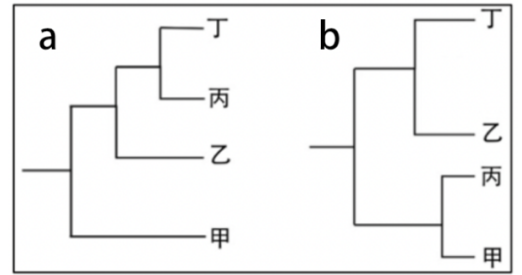
38. 对以下关于动物胚胎发育模式及其在系统发育中意义的陈述进行正误判断：

- A. 螺旋卵裂是原口动物中冠轮动物总门的一个共有衍征（衍生特征），尽管在某些类群中可能发生次级修饰或丢失
B. 海胆的卵裂方式为辐射卵裂，且其早期分裂球的细胞命运通常较早确定，表现出典型的定型发育

C. 由胚孔发育的结构，动物被分为原口动物和后口动物，这是区分两大动物支系的关键发育特征之一

D. 真体腔的形成方式，无论是裂体腔法还是肠体腔法，都是比无体腔或假体腔更晚出现的特征，但体腔的有无和类型在不同动物门类间的演化关系复杂，存在多次独立演化和丢失现象

39. 有同一个属的四个物种（甲、乙、丙、丁），基于基因组序列构建的物种树如 a 图所示，研究者用四个物种的 X 基因序列也构建了一棵基因树（b 图），发现物种树与 X 基因树的拓扑结构存在差异。对以下关于此现象原因或相关原理的陈述进行正误判断：



A. 在物种丙和物种丁分化后，物种甲和物种丙发生了杂交。对于 X 基因，物种甲的等位基因通过基因流进入了物种丙，并替代了其原有的等位基因，导致 X 基因的系统树与物种树不一致

B. 在四个物种的共同祖先中，X 基因发生了复制，形成 X1 和 X2 两个旁系同源基因。伴随物种分化过程，在物种甲和物种丙中保留了基因 X1，在物种乙和物种丁中保留了基因 X2，并各自积累了新的变异，导致基于现存 X 基因构建的系统树与物种树不一致

C. 物种甲与乙、丙、丁的共同祖先分化后，物种乙、丙、丁很快也完成了分化。在此过程中，由于 X 基因的不完全谱系分选，导致其系统树与物种树不一致

D. 当 X 基因是动物的线粒体基因时，由于其通常较低的有效群体大小和缺乏重组，相比于典型的核基因，更不容易因为不完全谱系分选导致基因树与物种树不一致

40. 对以下关于哺乳动物心脏结构的陈述进行正误判断：

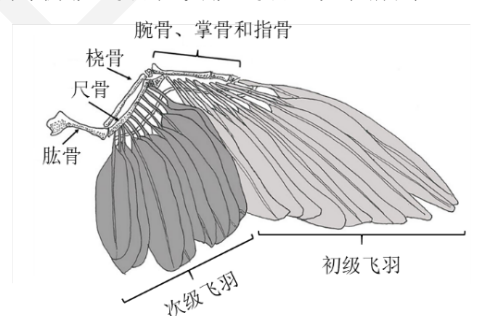
A. 房室瓣（三尖瓣和二尖瓣）的开放与关闭是被动的，其状态主要取决于心房和心室之间的压力梯度，以此确保血流沿正确方向流动

B. 左心室壁比右心室壁显著增厚，反映了体循环相较于肺循环具有更高的外周血管阻力和更长的输送距离

C. 心室舒张期是心室血液充盈的关键阶段，此时房室瓣打开，同时动脉瓣（主动脉瓣和肺动脉瓣）也需保持开放，以便动脉血压推动血液回流

D. 心脏自身的血液供应（冠状循环）对维持其持续泵血活动至关重要，其血流量会响应心肌代谢活动的变化而动态调整

41. 飞羽是鸟类飞行的关键结构，依据其在前肢骨骼上的附着位置，可分为初级飞羽和次级飞羽（如图所示）。对以下关于鸟类飞羽及其附着骨骼的陈述进行正误判断：



A. 次级飞羽通过羽轴基部直接嵌入尺骨表面的特定结构，形成牢固附着

B. 初级飞羽可产生飞行所需的大部分推力，而次级飞羽对维持翼面的升力贡献更大

C. 相比于次级飞羽数量，初级飞羽数量的变化更能体现不同鸟类物种间体重的差异

D. 与主要用于支撑次级飞羽的尺骨相比，鸟类的桡骨通常更细，不起主要支撑作用

42. 某人进行了葡萄糖耐受测试，结果显示他的血糖水平增高，并且高于肾的最大转运极限，据此对以下陈述进行正误判断：

A. 肾对葡萄糖的排出率与滤过率相等

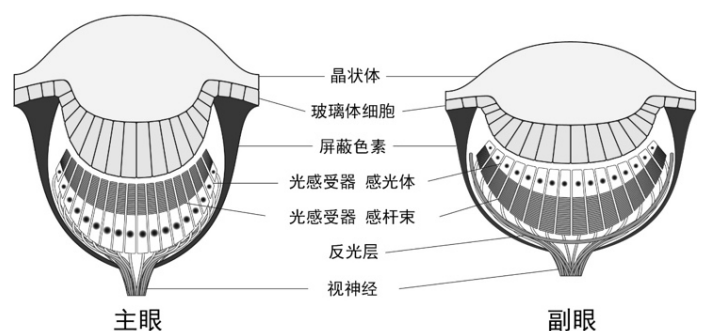
B. 肾对葡萄糖的重吸收率与滤过率相等

C. 肾对葡萄糖的排出率随血糖水平的增高而增大

D. 肾静脉与肾动脉的血浆葡萄糖浓度相等

43. 蜘蛛通常具有一对主眼和若干对副眼，主眼和副眼在功能和结构上存在差异。对以下关于蜘蛛眼睛结构与功能的陈述进行正误判断：

A. 主眼的感杆束排列在光感受器的顶端，直接接收透过玻璃体细胞的光线；副眼的感杆束则位于感光体的基部



B. 副眼在视网膜基部具有反光层，可将一部分光线反射回视网膜以提高光敏感度

C. 视神经能将光信号转换为电信号

D. 蜘蛛的主眼和副眼都是由多个小眼构成的

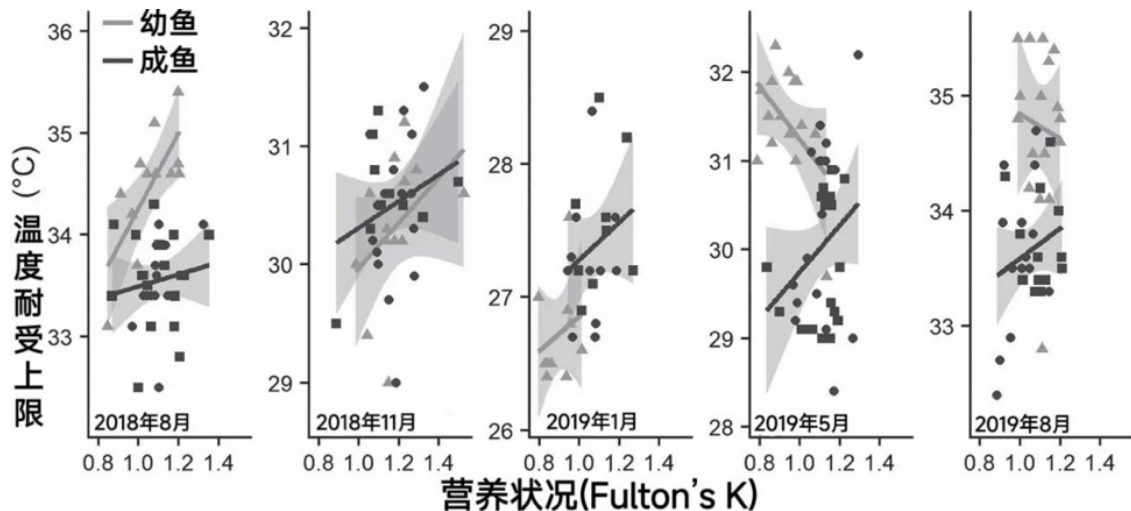
44. 辣是一种“灼痛”现象，其主要分子机制是辣椒素激活了感觉神经元等细胞表面的特定阳离子通道。请对以下关于该过程涉及的生物学原理的陈述进行正误判断：

A. 该阳离子通道被辣椒素激活后开放，允许阳离子流入细胞，通常导致细胞膜发生去极化

B. 辣椒素作为一种化学物质，其激活的感受器属于化学感受器

C. 离子通道蛋白在结合辣椒素并开放的过程中，其自身的空间结构会发生改变

- D. 细胞膜去极化达到阈值后，会抑制动作电位的产生，从而阻止痛觉信号传递
45. 温度是影响生物系统稳定性和功能的关键物理因素。无论是高温还是低温，都会对分子结构、生理过程和生物体的适应能力产生深远影响。比较高温和低温对分子、细胞、组织和生物体的影响，请对以下关于温度生理效应的陈述进行正误判断：
- A. 高温总是可以增强蛋白质的结构稳定性，提高酶的活性
- B. 低温环境会普遍促使哺乳动物皮肤血管扩张，以增加组织血液供应，防止冻伤
- C. 处于高温环境时，哺乳动物主要通过减少流向皮肤的血液来降低核心体温
- D. 大多数哺乳动物在遭遇极端低温胁迫时，都会启动冬眠机制以保护重要器官
46. 城市化往往会增加溪流和河流的水温，并被认为是导致许多淡水鱼类数量下降的原因之一。研究人员揭示了气候变化和城市化对濒危物种红侧鲶鱼的生理造成的挑战。右图展示了红侧鲶鱼成鱼和幼鱼的营养状况（Fulton's K）与温度耐受上限的关系，灰色三角形表示幼年个体，黑色圆圈表示成年雌性，黑色正方形表示成年雄性，黑线是综合雌雄成年鱼类数据的拟合。根据图和实验结果，对以下陈述进行正误判断：



- A. 增加摄入的食物营养能够提升成鱼的水温耐受上限
- B. 成鱼比幼鱼能够忍受更高的水温
- C. 图显示，幼鱼的营养状况与其水温耐受上限之间的相关趋势在所有采样季节都相似
- D. 图表数据显示，相较于冬季，红侧鲶鱼在夏季采样时的水温耐受上限普遍更高
47. 为了研究肝脏与骨骼肌中糖原代谢的不同调节，研究人员采用了各种技术。关于不同方法适用于比较这两种组织之间糖原合成调节机制的适用性，请对以下陈述进行正误判断：
- A. 利用 ^{13}C -葡萄糖进行稳定同位素示踪，以量化组织特异性糖原合成速率，可以直接测量肝脏和肌肉中不同调节策略的功能结果
- B. 通过 RNA-seq 比较糖原合酶同工型（肌肉中的 GYS1，肝脏中的 GYS2）的 mRNA 表达水平，可以全面了解这些组织中糖原合成活性的差异调节
- C. 测量葡萄糖给药后培养的原代肝细胞和肌管中糖原合酶 (GYS) 的磷酸化状态，可以直接评估控制酶活性的关键翻译后调节机制
- D. 使用过碘酸-希夫反应(PAS)糖原染色进行组织学分析可以精确量化肝脏和肌肉组织切片中的糖原合成速率
48. 对以下关于哺乳类动物细胞静息膜电位的计算的陈述进行正误判断：

离子	细胞内浓度 (mM)	细胞外浓度 (mM)	静息膜通透性
K^+	140	4	100%
Na^+	15	145	5%
Cl^-	4	110	10%
Ca^{2+}	0.0001	5	0

- A. 钾离子 (K^+) 对静息膜电位的贡献最大，因为它的通透性最高
- B. 钠离子 (Na^+) 的细胞外浓度远高于细胞内浓度，但其对静息膜电位的贡献较小，因为它的通透性较低
- C. 根据给定的离子浓度和通透性，计算得到的静息膜电位约为 -90 mV
- D. 钙离子 (Ca^{2+}) 对静息膜电位没有贡献，因为它的通透性为零
49. 动物通常依靠环境线索来做出行为和生活史上的决定，以维持自身较高的适合度。然而，在被人类突然改变的环境中，以前可靠的线索可能不再能维持较高的适合度。当动物根据以前与栖息地质量相关的可靠线索在新的环境中做出错误的栖息地选择时，就会出现“生态陷阱”。对以下关于“生态陷阱”典型例子的陈述进行正误判断：
- A. 新生海龟幼体原本依赖海面反射的月光或星光朝大海方向移动，但城市灯光会产生类似的光线，导致幼龟错误地向内陆城市方向爬行，最终因脱水或被车辆碾压而死亡
- B. 森林砍伐直接导致鸟类栖息地丧失，使得依赖森林的鸟类种群数量急剧下降，甚至局部灭绝

C. 极端热浪天气导致池塘干涸, 使得依赖水生环境的两栖动物因缺水和高温而大量死亡

D. 在农田中使用某种气味类似雌性昆虫信息素的农药, 会导致雄性昆虫被吸引到农田, 但农药会杀死它们, 从而降低昆虫的繁殖成功率

题干 50-51: 下图分别展示了两种植物 A (图 A) 和植物 B (图 B) 的形态特征。请仔细观察图示信息, 判断下列各题中陈述的正确性:

50. 请根据其特征与生长环境, 对以下陈述进行正误判断:

- A. 植物 B 常见于有水的环境中
- B. 植物 A 是中生植物
- C. 植物 A 更耐旱
- D. 植物 B 通气系统更发达

51. 关于植物 A 和 B 生理功能与生态适应性的深入分析, 请对以下陈述进行正误判断:

A. 植物 A 庞大的地下根系主要功能是储存光合作用积累的有机物, 以应对地上部分可能遭遇的周期性损害(如火灾、啃食)

B. 植物 B 叶片内部发达的通气组织不仅利于气体交换, 还能通过提供浮力, 帮助叶片在水面或近水面处获得更好的光照条件

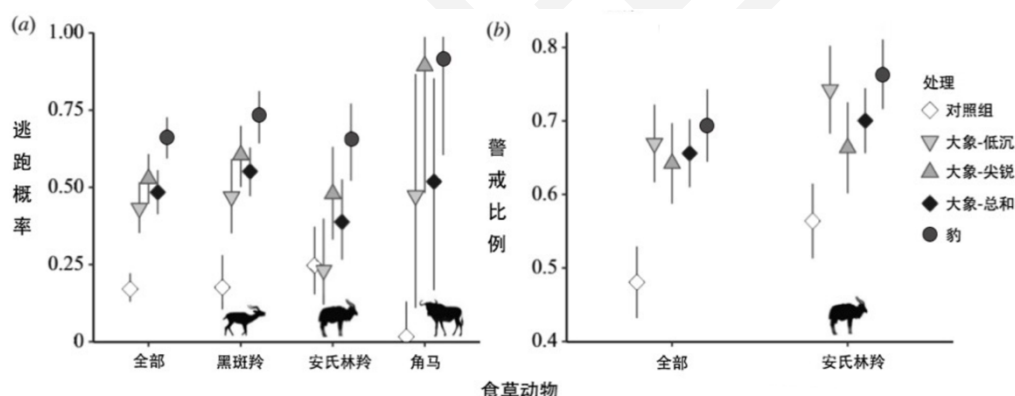
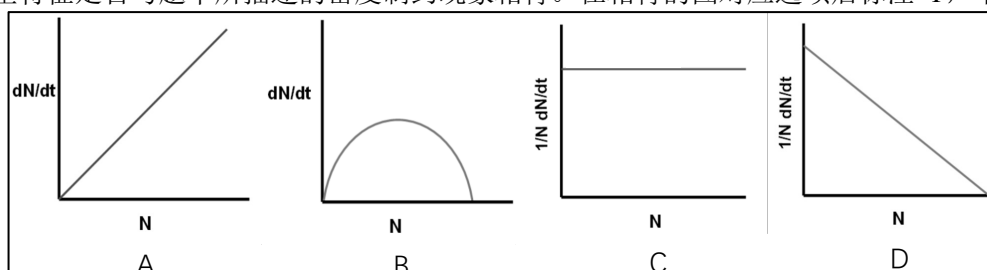
C. 从能量利用效率角度看, 植物 A 所处的典型环境(可能光照强烈)有利于其进化出 C_4 等高光效光合途径, 因此其单位叶面积的光合速率通常显著高于植物 B

D. 与植物 B 相比, 植物 A 的根系表面积更大, 这反映了其在水分胁迫环境下, 扩大化水分吸收速率是关键的生存策略

52. 恐惧是为了应对感知到的危险或威胁而出现的一种心理状态, 通常基于逃避和回避等行为进行量化。为探究非营养级种间互动的恐惧反应, 研究人员使用自动行为反应(ABR)系统, 测试非洲稀树草原有蹄类动物对不同声音(豹、大象尖锐声音、大象低沉声音、大象混合声音、对照组红胸杜鹃)的行为响应。图示显示了逃跑概率和警戒比例的平均值及其变异。根据所给信息, 请对以下陈述进行正误判断:

- A. 根据图可知, 相较于对照组, 巨型动物非洲草原象的声音会引发有蹄类食草动物显著的恐惧反应
- B. 研究中涉及到的有蹄类动物的逃跑和警戒行为实际上属于动物行为分类中的反捕食/防御行为
- C. 有蹄类动物对大象声音的恐惧可能源于新奇刺激或体型因素, 且这种反应完全依赖于个体学习而非遗传基础
- D. 大象的攻击行为可能与特定鸣叫声相关联, 从而驱动有蹄类动物产生恐惧反应, 这种机制是基于生态互作的演化适应

53. 对一个野生鸟类种群的研究发现, 在一个繁殖季中繁殖的雌性个体数量与每只雌性能够养育成功的幼鸟数量呈反比关系。这种关系直接影响了单位个体的增长贡献。右图展示了不同种群增长模型的特征。图中, 横坐标 N 代表种群数量, 纵坐标为种群增长率 (dN/dt) 或单位个体增长率 ($(1/N) \times (dN/dt)$)。请判断每个图所代表的种群增长模型或模型特征是否与题干所描述的密度制约现象相符。在相符的图对应选项后标注 T, 不相符的标注 F。



54. 研究者在森林中设置了隔离蝙蝠的样方和有蝙蝠的样方, 三年后得到右图的结果(图中* 表示组间差异显著($p < 0.05$)). 请根据实验结果和图中数据, 对以下陈述进行正误判断。

- A. 蝙蝠、昆虫和植物可能形成食物链, 蝙蝠是次级消费者
- B. 蝙蝠主要通过昆虫竞争植物资源来减少昆虫数量
- C. 蝙蝠缺失可导致该森林生态系统的初级生产力降低
- D. 蝙蝠的存在有助于减轻植物的叶面积损失

四. 遗传学、演化生物学、生物信息学 (18 题)

55. 长链非编码 RNA (lncRNA) 可通过多种机制调节基因表达, 并在多种生物学过程中发挥重要作用。对以下关于长链非编码 RNA (lncRNA) 的陈述进行正误判断:

- A. lncRNA 在细胞中主要作为信使 RNA 发挥作用, 指导蛋白质合成
- B. lncRNA 可以结合特定的蛋白质分子, 这是其发挥调控作用的一种方式
- C. lncRNA 在细胞中的分布位置(如细胞核或细胞质)通常与其具体功能有
- D. 所有的 lncRNA 都通过与 DNA 序列互补配对来抑制基因转录

56. 对以下关于种群近亲繁殖结果的陈述进行正误判断:

- A. 近亲繁殖通常会导致种群的遗传多样性增加, 尤其是在存在外部基因引入的情况下
- B. 近亲繁殖主要导致种群中纯合基因型的频率降低, 而杂合基因型的频率增加
- C. 近亲繁殖倾向于降低种群的杂合基因型频率, 但这种效应在长期内可能被突变或基因流等其他进化力量所抵消
- D. 近亲繁殖可能导致隐性有害等位基因对应的表型在种群中出现的频率增加

57. 为研究黑腹果蝇基因 A 的功能, 研究者利用 P 元件转座, 将一个包含 GAL4 基因、GFP 报告基因及 FRT 位点的突变元件插入到基因 A 的外显子 2 中(结构如图所示, 图例 Poly A 即多聚腺苷酸化信号)。该策略旨在结合 UAS-GAL4 和 FRT-FLP 系统进行后续分析。对以下关于该基因修饰及其应用的陈述进行正误判断:

A. 该突变元件插入外显子 2 的主要影响是直接阻断基因 A 启动子的转录起始活性

- B. 该元件中包含的 GFP 基因可作为分子标记, 用于初步筛选携带此插入突变的果蝇个体
- C. 若与表达 FLP 重组酶的果蝇品系杂交, 可在子代特定细胞中通过 FRT 位点介导的重组移除 GFP 基因
- D. 该设计通过将 GFP 序列插入外显子 2, 能够稳定表达基因 A 蛋白与 GFP 蛋白的融合蛋白

58. 某基因座 A 有 n 个等位基因 ($n \geq 4$)。个体基因型可分为纯合子(如 $A_i A_i$)和杂合子(如 $A_i A_j$)。若要对亲代婚配类型进行分类, 使得每种类型都能产生独特的子代基因型组合模式。分类时, 需考虑亲本的纯合/杂合状态以及两个亲本总体涉及的等位基因种类数和这些等位基因在亲本间的具体关系。不区分具体的等位基因种类(如 $A_i A_i \times A_i A_i$ 与 $A_j A_j \times A_j A_j$ 视为同类)及正反交。对以下关于这些婚配类型及其遗传后果的陈述进行正误判断:

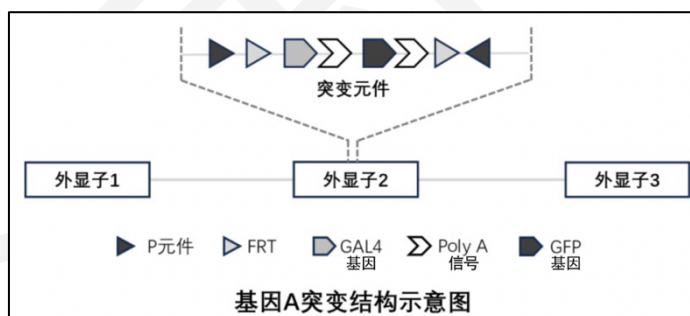
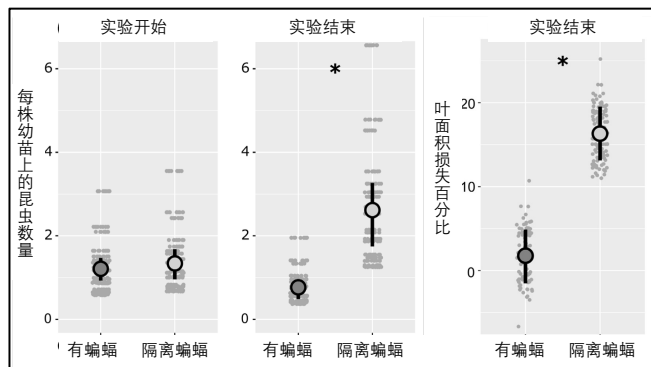
- A. 在所有可能的婚配类型中, 仅当亲本双方基因型完全相同时, 其子代才可能出现纯合子
- B. 存在这样一种婚配类型: 亲本双方均为杂合子, 且其所有子代个体也必定是杂合子
- C. 亲代共有 7 种不同的婚配类型
- D. 若该基因座 $n=2$, 则根据此分类标准, 可能的婚配类型将减少至两种

59. 对以下关于人体细胞中线粒体的结构、遗传及功能的陈述进行正误判断:

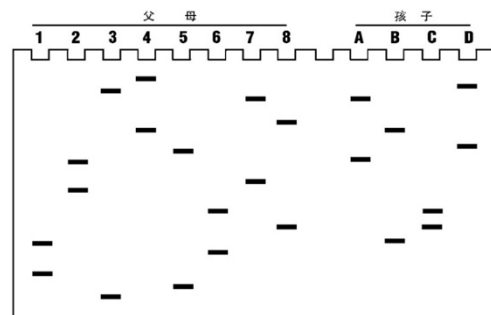
- A. 线粒体的生物合成和功能维持在很大程度上依赖于核基因编码的蛋白质, 这些蛋白质在细胞质中合成后被转运至线粒体内
- B. 由于线粒体 DNA 遵循严格的母系遗传模式, 携带致病性线粒体 DNA 突变的父亲将其传递给后代的概率很低
- C. 细胞内同时存在野生型和突变型线粒体 DNA 是导致线粒体疾病在家族成员中表现度差异的重要原因
- D. 线粒体病主要影响肌肉和神经组织, 因为线粒体在细胞中的功能是单一的, 即专门通过氧化磷酸化途径产生 ATP, 为细胞提供能量

60. 对以下关于细菌中遗传物质传递方式及其应用的陈述进行正误判断:

- A. 噬菌体能参与细菌之间的遗传物质传递
- B. 细菌无法从其周围环境中直接摄入外源 DNA
- C. 细菌间的遗传物质传递需要细菌之间直接接触
- D. 细菌之间遗传物质的传递可以用于推断细菌基因间的距离



61. 可变数目串联重复序列(VNTR)因其在个体间的重复次数多态性而被广泛应用。右图展示了利用某一 VNTR 位点对四对潜在父母(泳道 1-8)及其四个孩子(泳道 A-D)进行基因分型的凝胶电泳结果。对以下关于此 VNTR 多态性分析结果的陈述进行正误判断:



- A. 检测的所有 12 个个体在该 VNTR 位点上均表现为杂合子
- B. 根据条带匹配推断, A 的父母是 7 号和 5 号个体, B 的父母是 4 号和 1 号个体
- C. 该 VNTR 位点的等位基因在分子水平上表现为共显性
- D. 扩增该 VNTR 所用的一对引物在不同个体中均相同

62. 沃纳综合征(Werner Syndrome)是由 WRN 基因突变导致的成人早老症。WRN 蛋白是一种 DNA 解旋酶,在 DNA 复制、修复、转录和端粒维持中发挥作用。沃纳综合征患者常表现出身高低于正常人。研究人员利用斑马鱼模型探究其机制:敲除斑马鱼 wrn 基因(WRN 同源基因)导致斑马鱼身长缩短和软骨发育异常;RNA 测序显示,敲除个体中 SHOX 基因表达量显著下调;在敲除个体中过表达 SHOX 能部分缓解软骨发育异常。对以下基于这些研究信息的陈述进行正误判断:

- A. 实验结果表明, SHOX 基因的表达水平直接调控 WRN 蛋白的活性
- B. 实验结果支持 WRN 基因的功能对于维持正常的 SHOX 基因表达是必需的
- C. 这些发现说明, SHOX 基因发生突变是引发沃纳综合征中 WRN 蛋白功能异常的根本原因
- D. 利用抗 WRN 蛋白的抗体进行染色质免疫共沉淀(ChIP)是研究 WRN 蛋白直接调控靶基因的可行方法

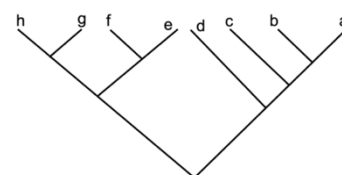
63. Stickler 综合征 I 型是由 12 号染色体上 COL2A1 基因突变引起的遗传病。一个受该病影响的家庭希望通过分子生物学方法进行检测。对以下关于可用于研究 COL2A1 基因及其表达产物的分子遗传学检测技术的陈述进行正误判断:

- A. Western 印迹法可以通过检测 COL2A1 蛋白量的变化来协助推断启动子功能是否异常,但不能确定启动子 DNA 的具体序列改变
- B. Southern 印迹法检测启动子区域 DNA 变异的能力依赖于突变是否改变了限制性内切酶识别位点或导致了较大的结构变化
- C. 定量 RT-PCR 技术可用于测量 COL2A1 mRNA 的丰度,从而评估 mRNA 序列不变时启动子突变对基因转录活性的影响,但不能直接鉴定 DNA 序列突变
- D. 利用 COL2A1 基因探针进行荧光原位杂交(FISH),可以通过分析杂交信号强度的细微变化来直接识别启动子区域具体的 DNA 序列突变类型

64. 非编码保守元件(CNEs)是基因组中不编码蛋白质但在物种间显示出高度序列保守性的区域。对以下关于 CNEs 的陈述进行正误判断:

- A. 许多 CNEs 已被证实位于基因的调控区域(如启动子、增强子),参与调控基因的时空表达
- B. CNEs 在物种间的高度保守性,主要是由于它们受到了强烈的正选择作用以适应不同环境
- C. 由于其高度保守性, CNEs 区域的碱基替换速率较低,但插入和缺失等结构变异的发生和固定则基本不受选择压力影响
- D. CNEs 的保守性主要体现在核苷酸序列本身,其在基因组中相对于邻近基因的位置关系在远缘物种间通常不保守

65. 图示为一个假设的系统发生树,展示了 8 个分类单元(a-h)的演化关系。其中,分类单元 a,b,c,d 被定义为研究的内群,其余分类单元(e,f,g,h)构成外群,且该树已使用外群进行定根(根位于连接内群分支与外群分支处)。对以下关于该系统发生树解读的陈述进行正误判断:



- A. 分类单元 a, b, c 共同构成一个单系群
- B. 分类单元 g 和 h 互为姐妹群
- C. 分类单元 e 是和内群亲缘关系最近的外群
- D. 分类单元 d 是包含分类单元 a, b, c 的分支的姐妹群

66. 基于分子演化中性理论进行推断,对以下陈述进行正误判断:

- A. 人类和黑猩猩在假基因 DNA 序列上的差异通常比在功能基因编码区大
- B. 人类和黑猩猩在功能基因编码区 DNA 序列上的差异可能比假基因大
- C. 人类某些 DNA 序列的演化速度可能因中性突变而快于黑猩猩
- D. 最晚形成的物种一般具有更多功能基因变异

67. 协同进化是指两个或多个相互作用的物种,因彼此施加的选择压力而导致相互适应性演化的过程。对以下关于演化场景是否属于协同进化的陈述进行正误判断:

- A. 羚羊奔跑速度的提高对其捕食者(如猎豹)施加选择压力,可能促使猎豹也演化出更快的速度,反之亦然,这体现了协同进化
- B. 某长距兰花与其唯一的传粉天蛾之间,兰花花距的增长和天蛾喙的相应变长是典型的协同进化关系
- C. 某群岛上不同岛屿的几种地雀,因食物资源不同演化出不同形态的喙,这是它们之间协同进化的结果
- D. 北极熊演化出厚厚的脂肪层和白色皮毛以适应寒冷和冰雪环境,这是它与环境协同进化的范例

68. 不等交换 (unequal crossover) 是一种在同源染色体配对过程中发生的重组异常, 导致基因重复或缺失。例如, 果蝇的 Bar 突变就是由于 X 染色体上的不等交换, 导致 Bar 基因重复, 从而引起眼睛缩小。关于不等交换在进化中的后果, 判断以下陈述的正确性:

- A. 不等交换可导致某些基因家族成员减少
- B. 不等交换是基因家族扩大的潜在机制
- C. 不等交换通常发生在减数分裂中, 但也有可能在有丝分裂中出现
- D. 不等交换可能促进新基因功能的演化

69. 在社会性动物研究中, 科学家观察到工蜂放弃繁殖并保护蜂巢现象。这一现象可以由亲缘选择理论解释, 对以下关于符合该理论的陈述进行正误判断:

- A. 帮助行为在社会性昆虫中可能提升亲缘个体的生殖成功率, 从而促进利他演化
- B. 亲缘系数较高通常会提高利他行为在进化中的固定概率
- C. 亲缘选择可能主要在特定物种如蜜蜂中存在, 而在其他动物中作用较弱
- D. 亲缘选择可能只在群居动物中发生, 独居物种不会表现出类似行为

70. 重复序列是指在基因组同一区域或不同区域重复出现的相同或相似的序列, 可分为串联重复序列和散在重复序列。其中散在重复序列又可分为长散在重复序列 (LINEs)、短散在重复序列 (SINEs)、长末端重复序列 (LTR)、以及 DNA 转座子等。对以下关于基因组重复序列的陈述进行正误判断:

- A. 哺乳动物 LINE-1 属于自主转座子, 在基因组中呈散在分布, 它能够编码自身转座所必需的蛋白和酶
- B. DNA 转座子在哺乳动物基因组中占比通常高于 LINEs, 且主要通过 RNA 介导的逆转录转座扩增
- C. SINEs (如 Alu 元件) 依赖 LINE 编码的逆转录酶进行转座, 多集中在基因富集区域
- D. LTR 反转录转座子在哺乳动物基因组中已基本失去转座能力, 因此它们的存在对基因表达调控和基因组结构稳定性没有显著影响

71. 基因组覆盖度 (Coverage) 和测序深度 (Depth) 是基因组测序中的两个关键参数。某基因组大小为 1 Mb, 使用测序读长 (read) 为 100 bp 的测序技术。对以下关于测序深度和覆盖度的陈述进行正误判断:

- A. 如果测序产生了 10,000 条读长, 则理论上的平均测序深度为 1×
- B. 即使平均测序深度达到 1×, 由于读长在基因组上随机分布, 仍可能存在部分区域未被任何读长覆盖
- C. 测序深度从 1×增加到 2×, 和从 10×增加到 11×, 基因组覆盖度增加的比例是相同的
- D. 只要测序深度足够高, 理论上就可以轻易实现对基因组 100% 的完全覆盖

72. 以下是人 22 号染色体 GTF 格式基因组注释文件的一部分, 展示了 PERM1 基因的转录本 NM_001291367.2 的信息。对以下基于该 GTF 信息的陈述进行正误判断:

NC_000001.11	BestRefSeq	transcript	975198	982093	.	-	.	gene_id "PERM1"; transcript_id "NM_001291367.2";
NC_000001.11	BestRefSeq	exon	982065	982093	.	-	.	gene_id "PERM1"; transcript_id "NM_001291367.2";
NC_000001.11	BestRefSeq	exon	981137	981173	.	-	.	gene_id "PERM1"; transcript_id "NM_001291367.2";
NC_000001.11	BestRefSeq	exon	978881	980657	.	-	.	gene_id "PERM1"; transcript_id "NM_001291367.2";
NC_000001.11	BestRefSeq	exon	976499	976624	.	-	.	gene_id "PERM1"; transcript_id "NM_001291367.2";
NC_000001.11	BestRefSeq	exon	975198	976269	.	-	.	gene_id "PERM1"; transcript_id "NM_001291367.2";
NC_000001.11	BestRefSeq	CDS	981137	981166	.	-	0	gene_id "PERM1"; transcript_id "NM_001291367.2";
NC_000001.11	BestRefSeq	CDS	978881	980657	.	-	0	gene_id "PERM1"; transcript_id "NM_001291367.2";
NC_000001.11	BestRefSeq	CDS	976499	976624	.	-	2	gene_id "PERM1"; transcript_id "NM_001291367.2";
NC_000001.11	BestRefSeq	CDS	976175	976269	.	-	2	gene_id "PERM1"; transcript_id "NM_001291367.2";
NC_000001.11	BestRefSeq	start_codon	981164	981166	.	-	0	gene_id "PERM1"; transcript_id "NM_001291367.2";
NC_000001.11	BestRefSeq	stop_codon	976172	976174	.	-	0	gene_id "PERM1"; transcript_id "NM_001291367.2";

- A. GTF 文件第 7 列的“-”标记表明, PERM1 基因及其所示转录本位于染色体的负链
- B. 该转录本起始密码子的第一个核苷酸 (A) 对应于基因组坐标 981164
- C. 该转录本包含 5 个外显子 (exon), 但编码序列 (CDS) 仅覆盖了其中的 4 个外显子区域
- D. 成熟的 mRNA 分子包含了从基因组坐标 976172 到 981164 之间的所有核苷酸序列