

Institutt for biologi

**Eksamensoppgave i BI2001 Biogeografi og biosystematikk**

**Faglig kontakt under eksamen: Hans Stenøien / Torbjørn Ekrem**

**Tlf.: 918 97 592 / 482 46 202**

**Eksamensdato: 01.06.2016**

**Eksamenstid (fra-til): 09:00-13:00**

**Hjelpemiddelkode/Tillatte hjelpemidler: D**

**Annen informasjon:**

## Målform/språk: Bokmål

## Antall sider (uten forside): 2

**Antall sider vedlegg:**

|  |
| --- |
| **Informasjon om trykking av eksamensoppgave Originalen er:****1-sidig □ 2-sidig □****sort/hvit □ farger □** |

**Kontrollert av:**

 Dato Sign

**Hovedoppgavene teller likt ved sensurering**

**Oppgave 1**

1. Hva er hoveddriverne bak jordas romlige og temporære variasjon i abiotiske miljøfaktorer?
2. Navngi hovedfaktorene som former den geografiske variasjonen i arters utbredelse.
3. Hva er geografisk utbredelse for en art og hvordan henger dette sammen med nisje konseptet? Forklar forskjellene mellom den fundamentale og den realiserte geografiske utbredelsen.
4. Definer de to fundamentale konseptene for en arts geografiske utbredelse (bruk gjerne engelske termer om den norske oversetting blir vanskelig).

**Oppgave 2**

1. Gjør rede for platetektonikk-teorien.
2. Gjør rede for ulike typer empiriske observasjoner som er blitt brukt for å understøtte teorien.
3. Nevn noen eksempler på observasjoner innen biogeografi som passer overens med platetektonikk-teorien.

**Oppgave 3**

Figur 1 viser to urotede fylogenier av sommerfugler i slekten *Parnassius*.

1. Viser de to trærne ulike evolusjonære slektskap? Forklar hvorfor/hvorfor ikke.
2. Tallene på grenene viser bootstrap-support fra analyser med 500 bootstrap replikater (verdier < 50% vises ikke). Forklar hva boostrap-support er og hvorfor det brukes i fylogenetisk analyse. Hvilke grupperinger i figur 1 ville du sagt har god støtte? Hvorfor?
3. Trærne i figur 1 er resultat fra Neighbour Joining (NJ)-analyser. Forklar hvordan NJ-analyser fungerer og hvordan de skiller seg fra fylogenetiske analysemetoder som benytter parsimoni.
4. Fylogeniene i figur 1 er basert på partielle gensekvenser av genet cytokrom c oxidase underenhet 1 (COI). Dette er den samme markøren som benyttes i standard DNA-strekkoding (DNA barcoding) av insekter. Forklar hva DNA-strekkoding er og hvordan det skiller seg fra metabarcoding.
5. Forestill deg at du legger til 10 korrekt identifiserte COI sekvenser for hver art i matrisen som ble benyttet til å konstruere trærne. Så kjører du den samme NJ-analysen igjen (med bootstrapping). Hvordan forventer du at sluttresultatet blir? Skisser en del av treet (6-7 arter) for å illustrere svaret.



Figur 1. Urotede fylogenetiske hypoteser til sommerfuglarter i slekten *Parnassius*.