

**Norges teknisk-  
naturvitenskapelige universitet  
Institutt for biologi**

**Fakultet for  
naturvitenskap og teknologi**

Faglige kontaktperson under eksamen: Torbjørn Ekrem, 73597812, 48246202

EKSAMEN I: BI2001 – BIOGEOGRAFI OG BIOSYSTEMATIKK

## **BOKMÅL**

DATO: 28.05.2013

Antall timer: 4

Studiepoeng: 7,5

Antall sider: 3

Tillatte hjelpemidler: Ingen

Sensurdato: 18.06.2013

---

VED SENSOR TELLER OPPGAVENE LIKT

### **Oppgave 1**

- a) Gjør rede for kontinentaldrift, hva det er og hvilke prosesser som fører til bevegelse av kontinentalplatene.
- b) Hvilke geologiske og biologiske bevis finnes det for kontinentaldrift? Kom gjerne med eksempler.
- c) Hva er vikarians i biogeografien og hva er karakteristisk for biogeografiske mønstre som skyldes vikarians?
- d) Gjør kort rede for likevektsmodellen i øybiogeografi. Hvilke faktorer er det som påvirker den terrestriske artsdiversiteten på øyer?

### **Oppgave 2**

- a) Hva er homologe karakterer? Gi minst tre eksempler hver på morfologiske og molekylære homologier.
- b) Forklar parsimoni. Hvilke karakterer er informative i en parsimonianalyse og hva kalles disse?
- c) Hva er en substitusjonsmodell og hvorfor bruker vi slike i fylogenetiske analyser av DNA-sekvenser?
- d) Hva er DNA-strekkoding (DNA barcoding) og hvilke forutsetninger er viktige for at DNA-strekkoding skal fungere?

### Oppgave 3

- Hva er genetisk drift og hva er de viktigste konsekvensene av genetisk drift? Hvordan kan man estimere historiske effektive populasjonsstørrelser?
- Et sentralt mål innen fylogeografi er å forstå hva som ligger til grunn for dagens utbredelse av arter. I den forbindelse er det i mange sammenhenger viktig å vite hvor arter har overlevd istidene som har kommet og gått de siste to millioner årene, og spesielt hvor arter overlevde siste istid som endte for om lag 10,000 år siden. Nevn to måter man kan bruke genetiske data på for å belyse hvilke geografiske områder som har virket som refugier under siste istid og hvilke som sannsynlig har blitt kolonisert etter siste istid.
- Figur 1 og 2 fremstiller resultater av analyser gjort på den cirkumarktiske planten *Cassiope tetragona* (kantlyng) ved hjelp av AFLP markører (hentet fra Eidesen *et al.* 2007 Journal of Biogeography). Fig. 1a viser resultat av genetisk cluster-analyse (Structure), Fig. 1b viser estimert genetisk diversitet innen studerte populasjoner, og Fig. 2 viser det mest parsimone treet for analyserte data, inklusive nært beslektede arter som utgrupper. Gi en fylogeografisk tolking av disse resultatene.

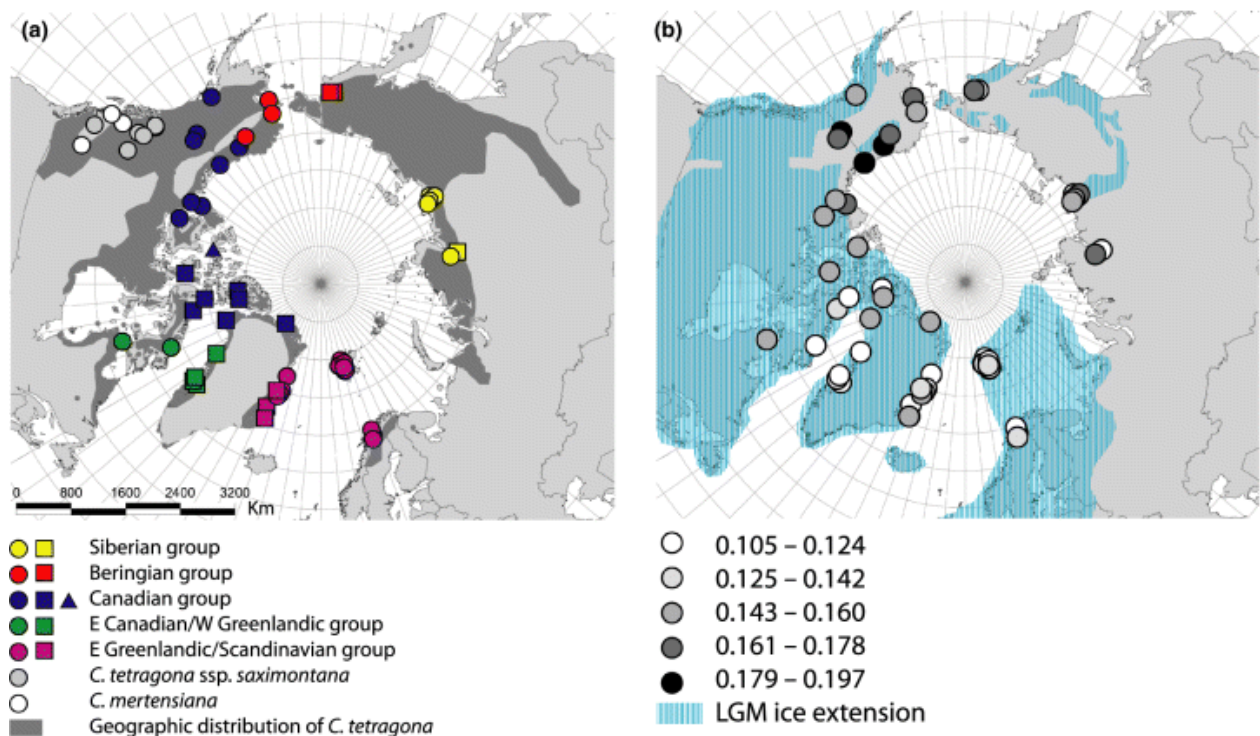


Fig. 1

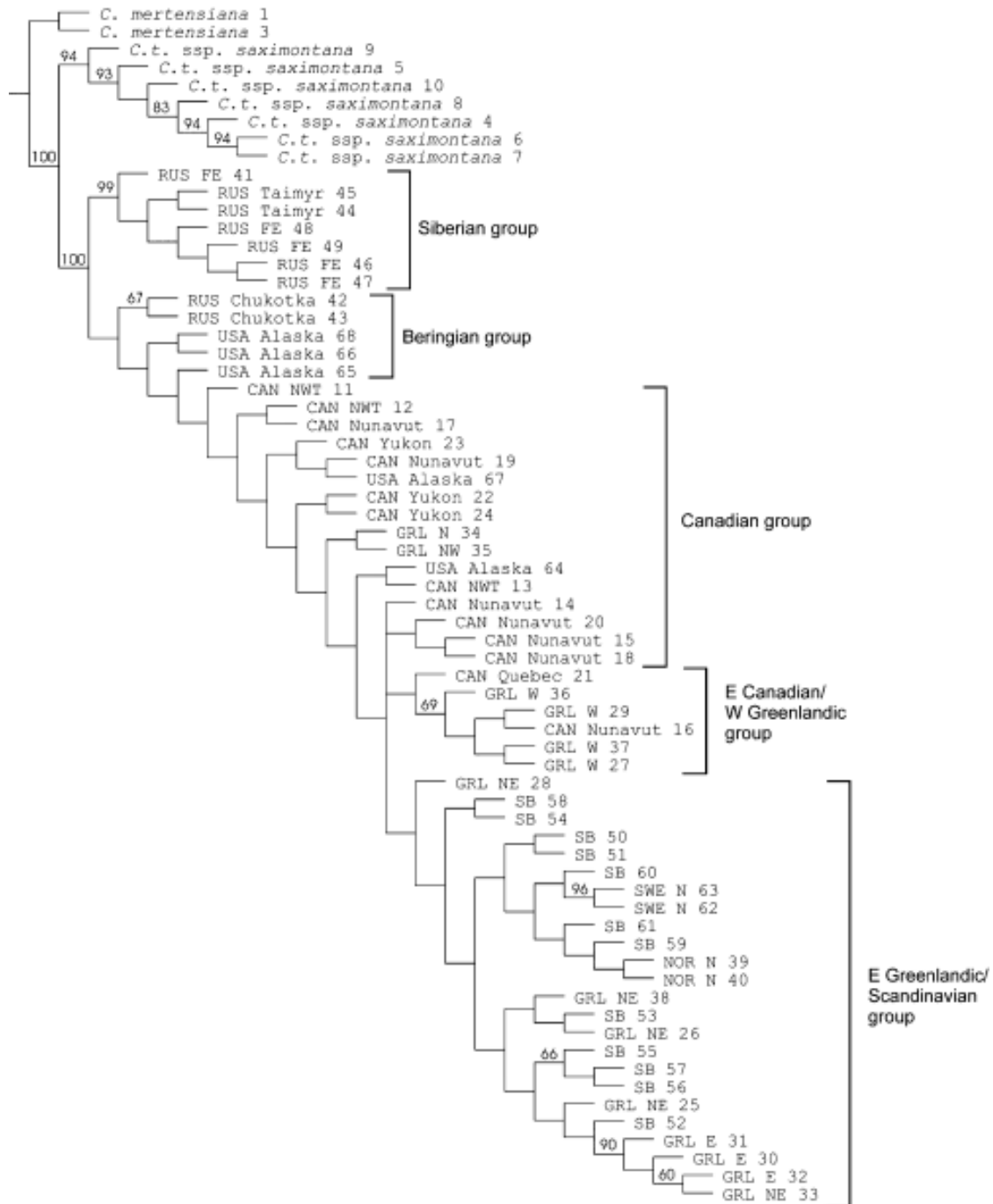


Fig. 2.

**NORWEGIAN UNIVERSITY OF SCIENCE AND TECHNOLOGY**

**Faculty of Natural Sciences and Technology**

**Department of Biology**

**a)**

Subject teacher: Torbjørn Ekrem, 73597812, 48246202

EXAMINATION IN: BI2001 – BIOGEOGRAPHY AND BIOSYSTEMATICS

**ENGLISH**

DATE: 28.05.2013

Number of hours: 4

Points: 7,5

Number of pages: 3

Permitted aids: None

Grades to be announced on: 18.06.2013

---

ALL QUESTIONS COUNT EQUALLY IN THE EVALUATION

**Question 1**

- e) Explain continental drift, what it is and which processes that drive movement of the continental plates.
- f) What are the geological and biological evidences of continental drift? Please provide examples if you can.
- g) What do we mean by vicariance in biogeography? What is typical of biogeographical patterns that are caused by vicariance?
- h) Explain briefly the equilibrium model in island biogeography. Which factors influence the terrestrial species diversity on islands?

**Question 2**

- e) What are homologous characters? Please provide at least three examples of morphological and three examples of molecular homologies.
- f) Explain what parsimony is. What kind of characters is informative in parsimony analysis and what are they called?
- g) What is a substitution model and why do we use these models in analyses of DNA sequences?
- h) What is DNA barcoding? What are the conditions that should be met for DNA barcoding to be effective?

### Question 3

- d) What is genetic drift, and what are the main consequences of genetic drift? How is it possible to estimate historical effective population sizes?
- e) A central goal in phylogeography is to understand the reasons for extant distribution of species. Thus, it is often important to know where species have survived the various ice ages that happened during the last two million years, and in particular where species survived the last ice age, ending about 10,000 years ago. Explain two ways to use genetic data to explore what geographical regions that might have acted as refugia during the last glacial maximum and what regions that seem to have been colonized after the last ice age.
- f) Figures 1 and 2 shows the results from analyses performed on the circumarctic plant *Cassiope tetragona* (Arctic bell-heather) with AFLP markers (from Eidesen *et al.* 2007 Journal of Biogeography). Fig. 1a shows the result of a genetic cluster analysis (Structure), Fig. 1b shows estimated genetic diversities in studied populations, and Fig. 2 shows the most parsimonious tree for analysed data, including closely related species as outgroup. Give a phylogeographic interpretation of these results.

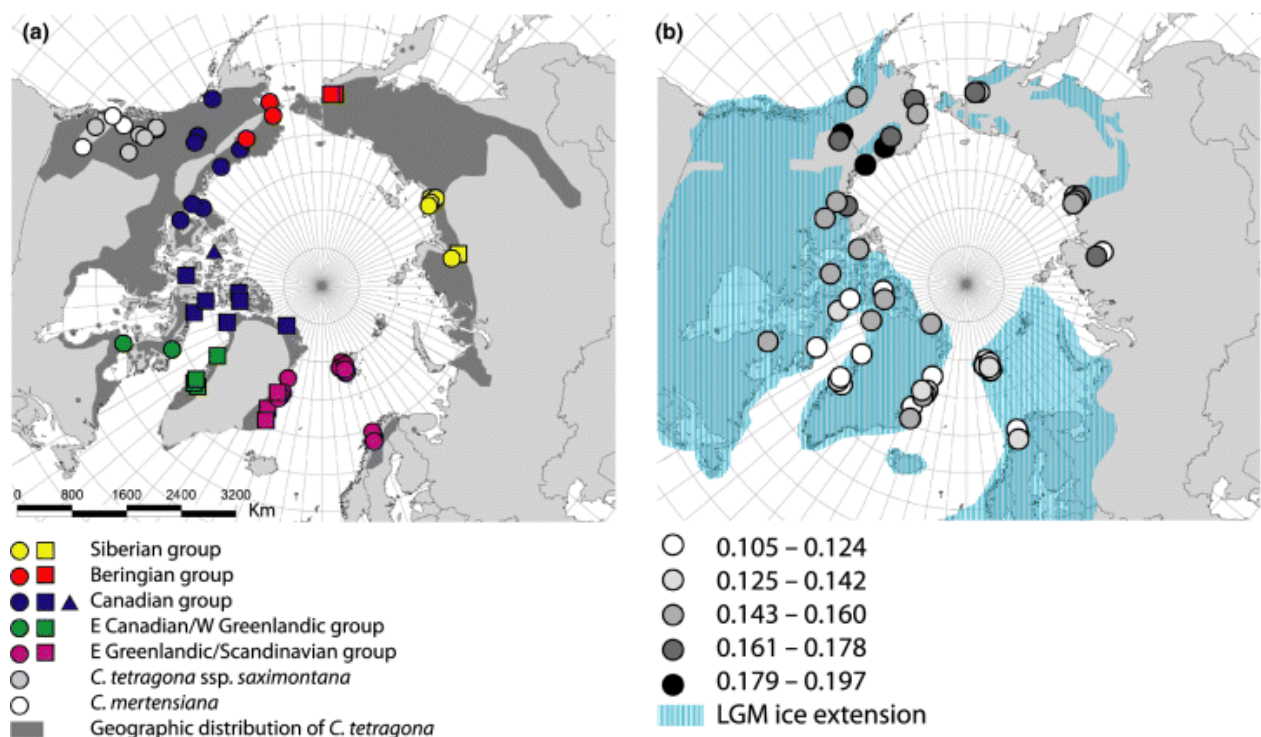


Fig. 1

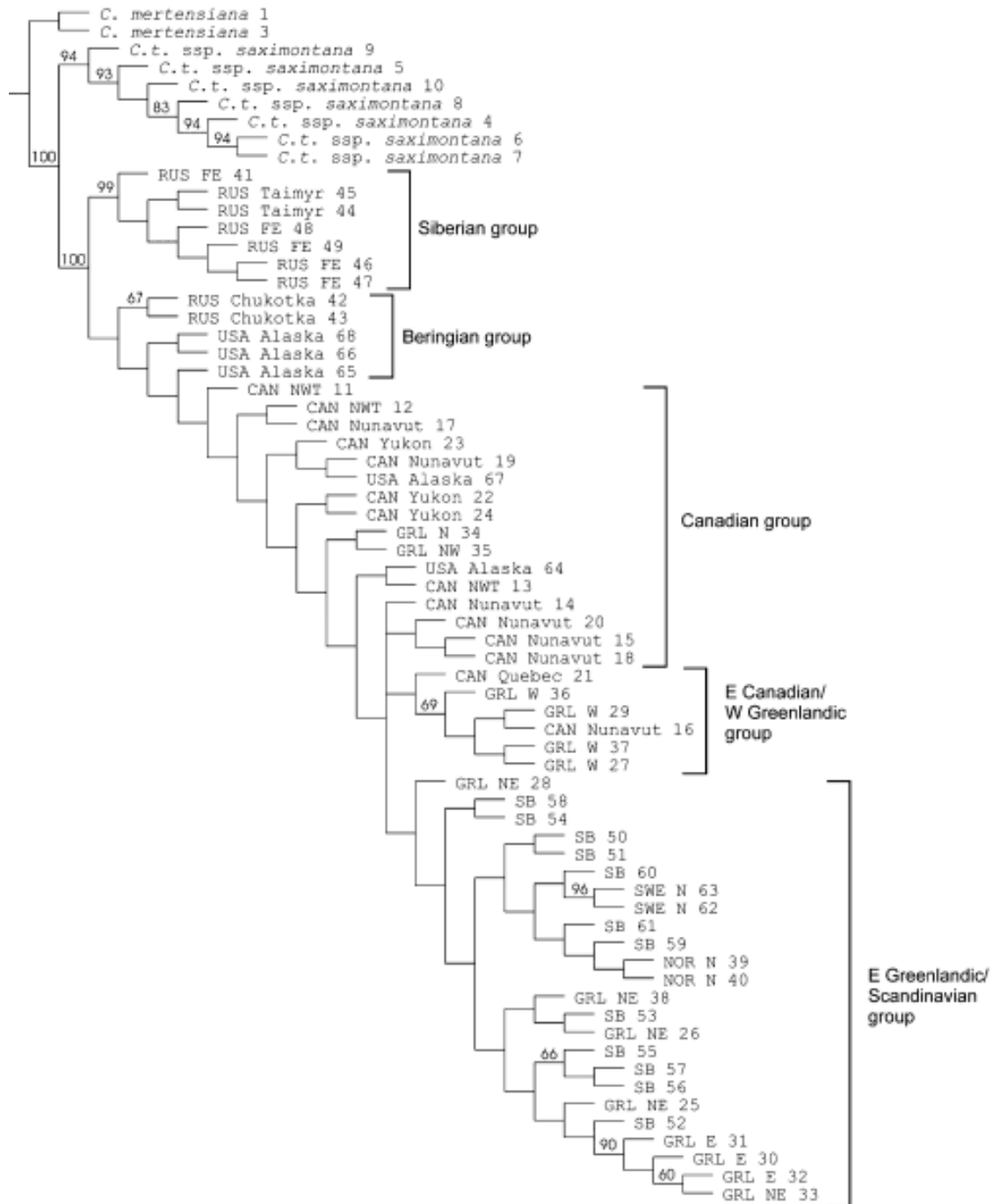


Fig. 2.