



EKSAMENSOPPGAVER/ EXAM QUESTIONS:

BI3010 Populasjonsgenetikk / Population Genetics

Faglig kontakt under eksamen / Contact person during exam): Jarle Mork (mobile 90973351)

Eksamensdato / Exam Date: 24. Mai / 24. May

Eksamenstid / Exam duration: 4 timer/4 hours

Studiepoeng/ Study points: 7,5

Tillatte hjelpemidler / Allowed aids: Calculators Citizen SR-270X, SR-270X College and HP 30S

Antall sider/ Totalt (total # of pages bokmål + English): 4

Antall sider vedlegg / No. of pages in Appendix): 2

Sensurdato / Exam results : 14. Juni / 14. June

OPPGAVERNE ER VEKTET ULIKT / QUESTIONS HAVE UNEQUAL WEIGHT

BOKMÅL

Oppgave 1 (Vekt 4).

I en populasjonsgenetisk studie av en diploid art ble det innhentet stikkprøver fra to antatte populasjoner Pop.1 og Pop. 2. Elektroforetiske analyser for et locus med to allel A og B gav følgende antall genotyper (se tabell nedenfor):

	GENOTYPER		
	AA	AB	BB
Pop.1	28	104	68
Pop.2	138	204	58

a) Hva er allelfrekvensene for A og B i hver av de to stikkprøvene?

- b) Hva er de forventede antall (iflg Hardy-Weinberg) av de forskjellige genotyper i hver av stikkprøvene?
- c) Utfør en Goodness-of-fit test og rapporter χ^2 -kvadrat verdien for den observerte fordeling *versus* den forventede fordeling av genotyper i hver av stikkprøvene.
- d) Benytt χ^2 -kvadratverdiene fra c), beregn antall frihetsgrader (DF) og bruk Tabell 1 (Appendix) til å teste om genotyperfordelingen i noen av stikkprøvene avviker fra den forventede under Hardy-Weinberg likevekt. Angi P-verdiene du finner i Tabell 1.
- e) Utfør en RxC χ^2 -kvadrat kontingenstabell test og bruk Tabell 1 (Appendiks) for å teste om genotyperfordelingen i de to stikkprøvene avviker fra hverandre. Angi χ^2 -kvadrat, antall frihetsgrader (DF) og sannsynlighetsnivået (P-verdien) fra testen.
- f) Beregn heterozygositeten (den forventede) i hver av de to stikkprøvene og den observerte heterozygositeten i totalen. Rapport resultatet.
- g) Bruk de beregnede heterozygositetene i f) til å beregne F_{ST} for forskjellen mellom stikkprøvene.

Oppgave 2 (vekt 1).

Vis formelen for antall genotyekombinasjoner (N) for k polymorfe loci, hvert med n allel.
Hvor mange mulige multilocus kombinasjoner gir 5 polymorfe loci, hvert med 5 allel?

Oppgave 3 (Vekt 2).

I en stamfiskpopulasjon av laks var gjennomsnittlig slaktevekt ved alder to år 6 kg med $\text{Varians}=2\text{kg}$. De tyngste 20% av populasjonen ble brukt som foreldre for neste generasjon (F1). Gjennomsnittlig slaktevekt ved 2 år i F1 generasjonen var 7 kg. Beregn arvbarheten til egenskapen «slaktevekt ved alder 2 år» i denne populasjonen. Hjelpemiddel: Appendix Tabell 2 (“Falconer’s Table A”).

Oppgave 4 (Vekt 2).

Castle-Wright estimator er en formel som estimerer minimum antall polymorfe loci (også kalt «det effektive antall polymorfe loci») som påvirker en kvantitativ egenskap ved å utnytte den såkalte segregasjons-variansen. Betrakt følgende scenario: Gjennomsnittlig kroppsvekt ved alder 1 år for to helt innavlede grupper A og B av laboratoriemus var 20 og 30 gram, respektive. Ved krysning AxB ble det laget en F1 generasjon med en Varians på 5 gram for gjennomsnittlig vekt. En ny krysning F1xF1 ga en ny gjennomsnittsvikt med en Varians på 10 gram. Bruk Castle-Wright formelen og beregn det effektive antall polymorfe loci bak egenskapen «kroppsvekt ved alder 1 år» hos disse laboratoriemusene.

ENGLISH

Question 1 (Weight 4).

In a population genetic study in a diploid species, samples were collected from two potentially separate populations Pop.1 and Pop. 2. Electrophoretic analyses for a locus with two alleles A and B gave the following number of genotypes (cf table below):

	GENOTYPES		
	AA	AB	BB
Pop.1	28	104	68
Pop.2	138	204	58

- What are the frequencies of alleles A and B in each of the two samples?
- What are the expected (according to Hardy-Weinberg) numbers of genotypes in each sample?
- Carry out a chi-squared Goodness-of-fit test of the observed versus the expected genotypic distribution in each of the samples. Report the chi-squared values.
- Take the chi-squared values from c), calculate the DF (degrees of freedom) and use Table 1 (Appendix) to test whether the genotypic distribution in any of the samples deviate significantly from those expected under Hardy-Weinberg equilibrium. Report the P-values you find in Table 1.
- Carry out an RxC chi-squared contingency table test and use Table 1 (Appendix) to test whether the genotypic composition in the two samples deviate significantly from each other. Report the chi-squared value, DF and the significance level (the P-value) from the test.
- Calculate and report the (H-W expected) heterozygosity in each of the samples and the observed heterozygosity in the total.
- Use the heterozygosities in f) and calculate the F_{ST} for the two samples.

Question 2 (Weight 1).

- Show the formula for the number of genotype combinations (N) for k polymorphic loci, each with n alleles.
- How many possible multilocus combinations are there in 5 polymorphic loci, each with 5 alleles?

Question 3 (Weight 2).

In a breeding population of salmon the mean slaughtering weight at two years of age was 6 kg with Variance = 2kg. The heaviest 20% of the population was used as parents for the next generation (F1). Mean slaughtering weight at age 2 years in F1 was 7 kg. Calculate the heritability (h^2) of the trait “mean slaughtering weight at age 2 years” in the population. Help aid: Appendix Table 2 (“Falconer’s Table A”).

Question 4 (Weight 2).

The Castle-Wright estimator is a formula used for estimating the minimum number (also called “the effective number”) of polymorphic loci affecting a quantitative trait, by utilizing the so-called “segregation Variance”. Consider the following scenario: Mean body weight at age 1 year in two completely inbred strains A and B of laboratory mice were 20 and 30 grams, respectively. Crossing AxB created an F1 generation where the Variance of the mean weight at age 1 year was 5 grams. A new cross F1xF1 created a new generation where the Variance of the mean weight at age 1 was 10 grams. Use the Castle-Wright formula to estimate the effective number of polymorphic loci affecting the trait “mean body weight at age 1 year” in these strains of laboratory mice.

APPENDIX

Table 1. Critical values of the chi-squared distribution.

χ^2 CRITICAL VALUES

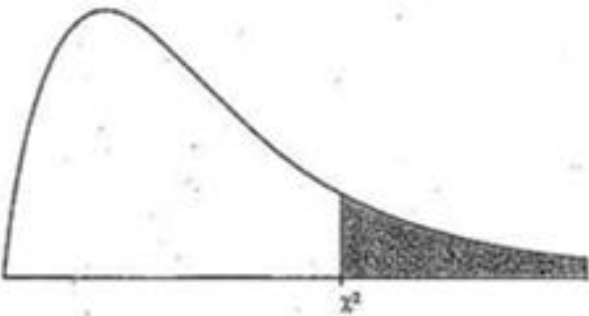


TABLE C: χ^2 CRITICAL VALUES

df	Tail probability p										
	.25	.20	.15	.10	.05	.025	.02	.01	.005	.0025	.001
1	1.32	1.64	2.07	2.71	3.84	5.02	5.41	6.63	7.88	9.14	10.83
2	2.77	3.22	3.79	4.61	5.99	7.38	7.82	9.21	10.60	11.98	13.82
3	4.11	4.64	5.32	6.25	7.81	9.35	9.84	11.34	12.84	14.32	16.27
4	5.39	5.99	6.74	7.78	9.49	11.14	11.67	13.28	14.86	16.42	18.47
5	6.63	7.29	8.12	9.24	11.07	12.83	13.39	15.09	16.75	18.39	20.51
6	7.84	8.56	9.45	10.64	12.59	14.45	15.03	16.81	18.55	20.25	22.46
7	9.04	9.80	10.75	12.02	14.07	16.01	16.62	18.48	20.28	22.04	24.32
8	10.22	11.03	12.03	13.36	15.51	17.53	18.17	20.09	21.95	23.77	26.12
9	11.39	12.24	13.29	14.68	16.92	19.02	19.68	21.67	23.59	25.46	27.88
10	12.55	13.44	14.53	15.99	18.31	20.48	21.16	23.21	25.19	27.11	29.59

Table 2. "Falconer's Table A".

APPENDIX TABLES									
<p>Appendix Table A Truncated normal distribution - large sample. p = proportion of population with values exceeding the truncation point T. x = deviation of T from the mean, in standard-deviation units. i = mean deviation of individuals with values exceeding T, in standard-deviation units from the population mean. For values of p greater than 50 per cent: take x and i tabulated for $(1 - p)$; give x a negative sign; multiply i by $(1 - p)/p$, retaining the positive sign. Errors from linear interpolation of p are positive, the largest in both x and i being approximately $+0.001$ when $p > 0.10$ per cent. (Abridged from Falconer, 1965a.)</p>									
p %	x	i	p %	x	i	p %	x	i	
0.01	3.719	3.960	0.75	2.432	2.761	10	1.282	1.755	
0.02	3.540	3.790	0.80	2.409	2.740	11	1.227	1.709	
0.03	3.432	3.687	0.85	2.387	2.720	12	1.175	1.667	
0.04	3.353	3.613	0.90	2.366	2.701	13	1.126	1.627	
0.05	3.291	3.554	0.95	2.346	2.683	14	1.080	1.590	
0.06	3.239	3.507	1.00	2.326	2.665	15	1.036	1.554	
0.07	3.195	3.464				16	0.994	1.521	
0.08	3.156	3.429	1.0	2.326	2.665	17	0.954	1.489	
0.09	3.121	3.397	1.2	2.257	2.603	18	0.915	1.458	
0.10	3.090	3.367	1.4	2.197	2.549	19	0.878	1.428	
			1.6	2.144	2.502	20	0.842	1.400	
			1.8	2.097	2.459	21	0.806	1.372	
0.10	3.090	3.367	2.0	2.054	2.421	22	0.772	1.346	
0.12	3.036	3.317	2.2	2.014	2.386	23	0.739	1.320	
0.14	2.989	3.273	2.4	1.977	2.353	24	0.706	1.295	
0.16	2.948	3.234	2.6	1.943	2.323	25	0.674	1.271	
0.18	2.911	3.201	2.8	1.911	2.295	26	0.643	1.248	
0.20	2.878	3.170	3.0	1.881	2.268	27	0.613	1.225	
0.22	2.848	3.142	3.2	1.852	2.243	28	0.583	1.202	
0.24	2.820	3.117	3.4	1.825	2.219	29	0.553	1.180	
0.26	2.794	3.093	3.6	1.799	2.197	30	0.524	1.159	
0.28	2.770	3.070	3.8	1.774	2.175	31	0.496	1.138	
0.30	2.748	3.050	4.0	1.751	2.154	32	0.468	1.118	
0.32	2.727	3.030	4.2	1.728	2.135	33	0.440	1.097	
0.34	2.706	3.012	4.4	1.706	2.116	34	0.412	1.078	
0.36	2.687	2.994	4.6	1.685	2.097	35	0.385	1.058	
0.38	2.669	2.978	4.8	1.665	2.080	36	0.358	1.039	
0.40	2.652	2.962	5.0	1.645	2.063	37	0.332	1.020	
0.42	2.636	2.947				38	0.305	1.002	
0.44	2.620	2.932				39	0.279	0.984	
0.46	2.605	2.918	5.0	1.645	2.063	40	0.253	0.966	
0.48	2.590	2.905	5.5	1.598	2.023	41	0.228	0.948	
0.50	2.576	2.892	6.0	1.555	1.985	42	0.202	0.931	
			6.5	1.514	1.951	43	0.176	0.913	
			7.0	1.476	1.918	44	0.151	0.896	
0.50	2.576	2.892	7.5	1.440	1.887	45	0.126	0.880	
0.55	2.543	2.862	8.0	1.405	1.858	46	0.100	0.863	
0.60	2.512	2.834	8.5	1.372	1.831	47	0.075	0.846	
0.65	2.484	2.808	9.0	1.341	1.804	48	0.050	0.830	
0.70	2.457	2.784	9.5	1.311	1.779	49	0.025	0.814	
0.75	2.432	2.761	10.0	1.282	1.755	50	0.000	0.798	x