

Norges teknisk-naturvitenskapelige universitet

Institutt for biologi

EKSAMENSOPPGAVER/ EXAM QUESTIONS:

BI 2017 Genetics and Evolution

Faglig kontakt under eksamen / Contact person during exam:

C. Pelabon: 908 24 159

H. Jensen: 918 97 064

Eksamensdato / Exam Date: 1/12/2014

Eksamenstid / Exam duration: 4

Studiepoeng/ Study points: 7,5

Tillatte hjelpemidler / Allowed aids: authorized calculator

Antall sider/ Totalt (total # of pages bokmål + nynorsk + English): 15

Antall sider vedlegg / No. of pages in Appendix: 1

Sensurdato / Exam results :

The weight of the different questions is indicated in parenthesis

English

Exercise 1 (25%)

The following table presents different phenotypic characteristics of various species of arthropods.

<i>Trait</i> <i>Species</i>	Presence of chelicerae ¹	Number of locomotory appendages	Development	Wing folding pattern	Haplodiploid cycle	Reduced hind wing	Wing in adults	Aquatic larvae
<i>Drosophila melanogaster</i> (fruit fly)	no	≤10	holometabolous	Folded on abdomen	no	Yes	yes	No
<i>Latrodectus mactans</i> (black widow)	yes	≤10	NA	NA	no	NA	NA	No
<i>Cordulegaster boltonii</i> (dragonfly)	no	≤10	hemimetabolous	Not folded	no	No	yes	Yes
<i>Vespula germanica</i> (wasp)	no	≤10	holometabolous	Folded on abdomen	yes	No	yes	No
<i>Lithobius forficatus</i> (centipede)	no	>10	NA	NA	no	NA	NA	No
<i>Formica rufa</i> (red ant)	no	≤10	Holometabolous	Folded on abdomen (if wings)	yes	No	Reproductive individuals only	No
<i>Chironomus plumosus</i> (midge)	no	≤10	Holometabolous	Folded on abdomen	no	Yes	yes	Yes

1 - Chelicerae: Mouthparts that are hollow and contain venom glands. They are used to inject venom into prey.

a) Using this table, build a phylogenetic tree with the species included. Show the synapomorphies that characterize the different groups.

b) Explain why the same character, for example aquatic larvae, can be found in species that are not closely related. Give other examples of such a phenomenon in other groups of animals or plants.

Next, let us assume that the exons (coding regions) of two different and imaginary genes, which we will denote *winged* and *quadrowing*, were sequenced in both the dragonfly and the midge. In this hypothetical example the gene *winged* codes for development of wings, whereas the gene *quadrowing* determines the number of full-grown wings in adults (2 or 4 wings). When the sequences from the two genes in the two species were aligned and compared the following was observed:

Gene	Number of non-synonymous substitutions*	Number of synonymous substitutions**	dN/dS-ratio (ratio of non-synonymous to synonymous nucleotide substitutions)
<i>winged</i>	2	42	0.048
<i>quadrowing</i>	25	17	1.471

*More precisely, this should be the number of non-synonymous nucleotide substitutions per non-synonymous site; **More precisely, this should be the number of synonymous nucleotide substitutions per synonymous site.

c) Explain what synonymous and non-synonymous nucleotide substitutions are.

d) The Neutral theory of molecular evolution is often used as a null-model when DNA sequences are examined for signs of selection. Briefly, explain the neutral theory of molecular evolution, and how you expect the DNA sequences from the same gene in two species to evolve under this null model. What do you then expect the dN/dS-ratio calculated for the DNA sequence to be?

e) Explain the evolutionary processes that are the most likely explanations for the dN/dS-ratios observed for the genes *winged* and *quadrowing* when their sequences in the dragonfly and the midge were compared.

Exercise 2 (25%)

In a recent study, Morrongiello and colleagues (Morrongiello et al. 2012) compared the female fecundity of different populations from the fresh water fish *Nannoperca australis*. They particularly analyzed the effects of the hydrology of the rivers (variability in water flow) on the number and size of the eggs produced. The results of their survey are presented below (Fig. 1)

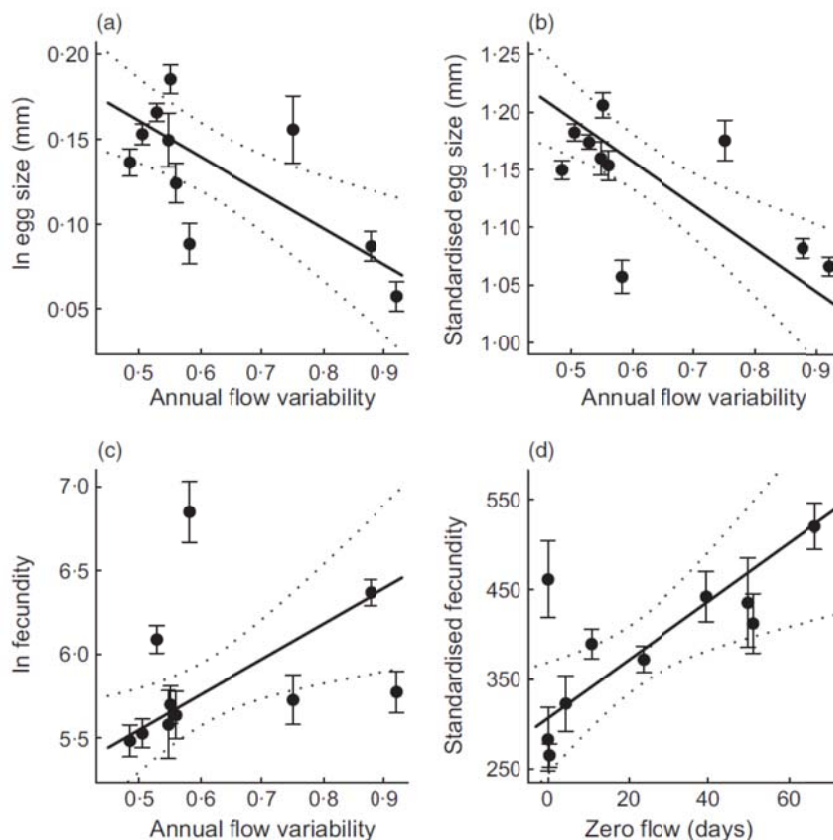


Fig. 1 Among-population variation in raw and standardized traits along hydrological gradients. (a) Egg size, (b) standardized egg size [i.e. corrected for variation in female size] and (c) fecundity [number of eggs] vs. annual flow variability; (d) standardized fecundity [i.e. corrected for variation in female size] vs. zero flow. Points represent observed population averages (± 1 SE), and lines predicted relationships ($\pm 95\%$ confidence intervals) between x and y variables. Each point represents the mean for each population estimated over several years of measurements. The annual flow variability represents the among year variation in annual flow, 0.5 representing

relatively low and 0.9 relatively high variability in flow among years. Zero flow gives the number of days with no water flow in the river (i.e. the water was stagnant).

a) Describe these results and explain how they conform to the theory of life history evolution of offspring size. Explain this theory in detail. Use graph(s) to illustrate your explanation.

b) Suggest a possible explanation for the changes in egg size and egg number observed with the change in annual flow variability.

c) The authors of this study also recorded the within-clutch variability in egg size. The next figure (Fig. 3) illustrates the relationship between environmental predictability and within clutch variability in egg size. The predictability of the environment is a measure of how the water flow at a certain time can be predicted from the long-term average water flow in the river at this specific time (e.g. how much water flow in June a given year can be predicted from the average water flow at this month in previous years). Give a possible interpretation of these results.

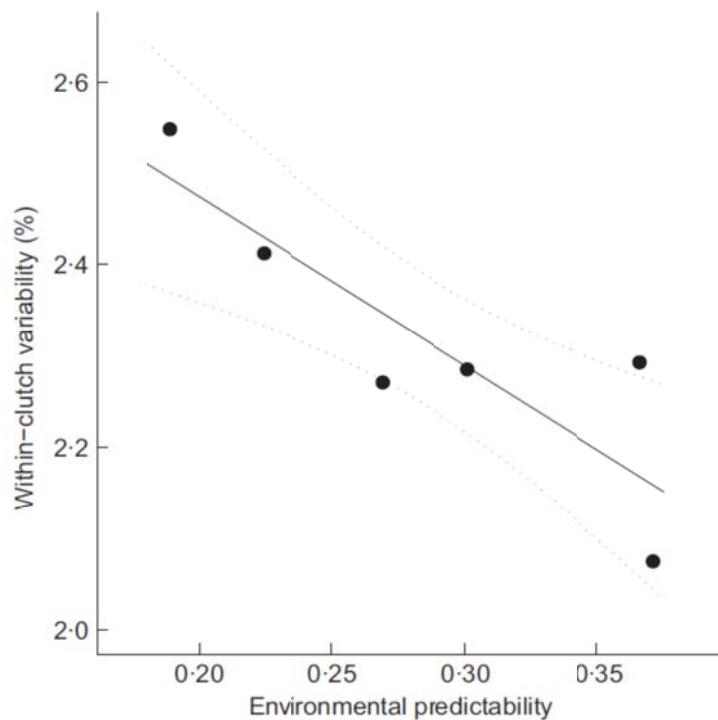


Fig. 3. Relationship between within-female egg size variation and environmental predictability as measured using Colwell's index. Lines represent fitted relationship and 95% confidence intervals.

Exercise 3 (15%)

The Lande equation $\Delta Z = \beta G$ (Lande 1979) aims at predicting changes in phenotypic traits due to selection.

a) Explain the different terms of the equation.

b) Explain how β can be estimated in natural populations. Give an example.

Exercise 4 (15%)

The Hardy-Weinberg principle/model is a very important model in population genetics, and describes allele frequencies and genotype frequencies we expect to observe at a locus with two alleles.

a) What is the Hardy-Weinberg model/equilibrium? Give a brief explanation of this important population genetics model and its predictions.

There are a number of assumptions underlying the Hardy-Weinberg model. How the predictions of the model change when these assumptions are relaxed (removed/un-fulfilled) often provide us with an important understanding of how different processes affect the genetics and evolution of populations.

b) What are the main assumptions of the Hardy-Weinberg model/equilibrium? Explain how violation of each of these assumptions is expected to change allele frequencies and/or genotype frequencies.

Exercise 5 (10%)

In a study of *Daphnia* in a small pond in Illinois, USA, Spitze (1993) reported the following numbers of genotypes at the *PGI* locus in a sample of 127 individuals:

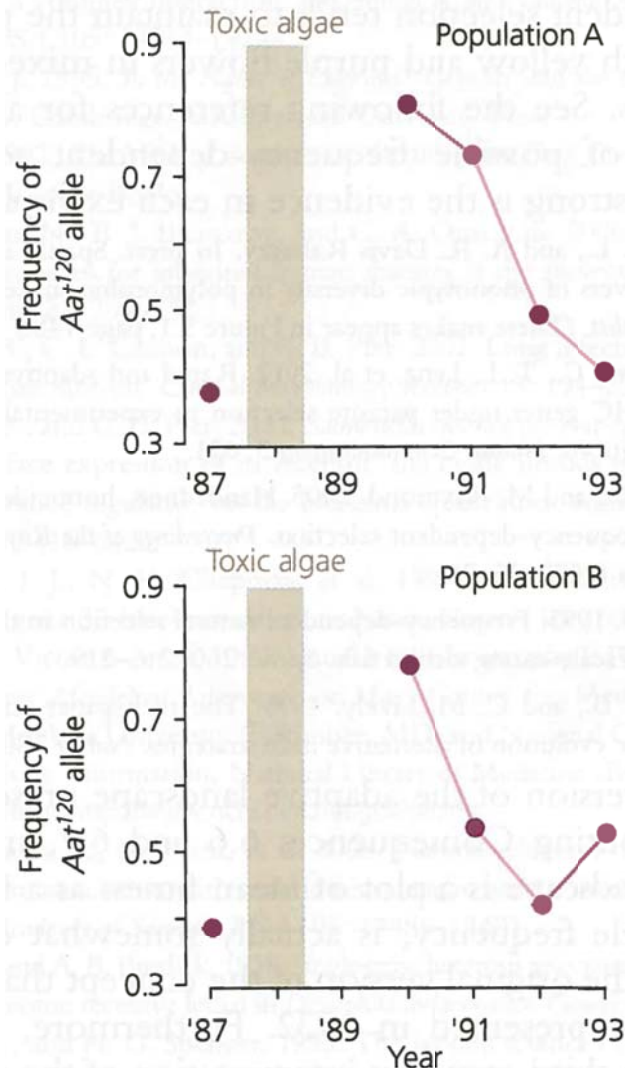
Genotype	Observed number
AA	11
AB	55
BB	61

a) What are the observed genotype frequencies and allele frequencies?

b) What are the genotype frequencies expected under Hardy-Weinberg equilibrium? Use a Chi-square test to examine whether the observed genotype frequencies agree with the frequencies under Hardy-Weinberg equilibrium expectations.

Exercise 6 (10%)

Kerstin Johannesson and colleagues (1995) studied two populations of a marine snail living in the intertidal zone on the shore of Ursholmen Island close to Strömstad in Sweden. Each year, the researchers determined the allele frequencies for the enzyme aspartate aminotransferase (Aat; don't worry about what this enzyme does). Their data are shown in the graphs in the figure to the right. The first year of the study was 1987. In 1988, a bloom of the toxic algae (tan bars) **killed all of the snails in the intertidal zone** across the entire island. That is why there are no data for 1988 and 1989. Although the snails living in the intertidal zone were exterminated by the bloom, snails of the same species living in the splash zone just above the intertidal survived unscathed. By 1990, the intertidal zone had been recolonized by splash-zone snails. Your task in this question is to develop a coherent explanation for the data in the graphs. In each part, be sure to name the evolutionary mechanism involved (selection, mutation, migration or drift).



- Why was the frequency of the Aat¹²⁰ allele higher in both populations in 1990 than it was in 1987? Name the evolutionary mechanism and explain.
- Why did the allele frequency decline in both populations from 1990 through 1993? Name the evolutionary mechanism and explain.
- Why are the curves traced by the 1990-1993 data for the two populations generally similar but not exactly identical? Name the most likely evolutionary mechanism and explain.
- Predict what would happen to the allele frequencies if we followed these two populations for another 100 years (assuming there are no more toxic algal blooms). Explain your reasoning.

Bokmål

Oppgave 1 (25%)

Tabellen nedenfor viser ulike fenotypiske egenskaper hos ulike arter av leddyr.

<i>Trait</i> <i>Species</i>	Presence of chelicerae ¹	Number of locomotory appendages	Development	Wing folding pattern	Haplodiploid cycle	Reduced hind wing	Wing in adults	Aquatic larvae
<i>Drosophila melanogaster</i> (fruit fly)	no	≤10	holometabolous	Folded on abdomen	no	Yes	yes	No
<i>Latrodectus mactans</i> (black widow)	yes	≤10	NA	NA	no	NA	NA	No
<i>Cordulegaster boltonii</i> (dragonfly)	no	≤10	hemimetabolous	Not folded	no	No	yes	Yes
<i>Vespula germanica</i> (wasp)	no	≤10	holometabolous	Folded on abdomen	yes	No	yes	No
<i>Lithobius forficatus</i> (centipede)	no	>10	NA	NA	no	NA	NA	No
<i>Formica rufa</i> (red ant)	no	≤10	Holometabolous	Folded on abdomen (if wings)	yes	No	Reproductive individuals only	No
<i>Chironomus plumosus</i> (midge)	no	≤10	Holometabolous	Folded on abdomen	no	Yes	yes	Yes

1 - Chelicerae: Munddeler som er hul og inneholder gift kjertler. De brukes til å injisere gift inn byttedyr.

a) Ved hjelp av tabellen, sett opp et fylogenetisk tre som inkluderer disse artene. Indiker synapomorfiene som karakteriserer de ulike gruppene.

b) Forklar hvorfor den samme karakteren, for eksempel akvatiske larver, kan finnes i arter som ikke er nært beslektet. Gi andre eksempler på et slikt fenomen i andre grupper av dyr eller planter.

La oss så anta at eksone (de kodende regioner) i to forskjellige og hypotetiske gener, som vi vil kalle *winged* og *quadrowing*, ble sekvensert i både øyestikker og mygg. I dette hypotetiske eksempelet koder genet *winged* for utviklingen av vinger, mens genet *quadrowing* bestemmer antall fullt utviklede vinger hos voksne individer (2 eller 4 vinger). Da sekvensene fra de to genene i de to artene ble sammenstilt og sammenlignet ble følgende observert:

Gen	Antall ikke-synonyme substitusjoner*	Antall synonyme substitusjoner **	dN/dS-ratio (forholdet mellom ikke-synonyme og synonyme nukleotidsubstitusjoner)
<i>winged</i>	2	42	0.048
<i>quadrowing</i>	25	17	1.471

*More precisely, this should be the number of non-synonymous nucleotide substitutions per non-synonymous site; **More precisely, this should be the number of synonymous nucleotide substitutions per synonymous site.

c) Forklar hva synonyme og ikke-synonyme nukleotidsubstitusjoner er.

d) Den nøytrale teorien for molekylær evolusjon blir ofte brukt som en nullmodell når DNA sekvenser blir undersøkt for å se etter endringer som skyldes seleksjon. Forklar kort den nøytrale teorien for molekylær evolusjon, og hvordan du ville forvente at DNA-sekvensene fra det samme genet i to arter vil evolvere under denne nullmodellen. Hva vil du da forvente at dN/dS-ratioen beregna for DNA-sekvensen er?

e) Forklar de evolusjonære prosessene som er de mest sannsynlige forklaringene på dN/dS-ratioene som ble funnet for genene *winged* og *quadrowing* da sekvensene til disse genene hos øyenstikker og mygg ble sammenlignet.

Oppgave 2 (25%)

Morrongiello og kollegaer (Morrongiello et al. 2012) sammenlignet fekunditeten i ulike populasjoner av ferskvannsfisken *Nannoperca australis*. De analyserte spesielt effektene av hydrologien i elvene (variabilitet i vannføring) på antall og størrelse av eggene som ble produsert. Resultatene fra deres undersøkelse presenteres nedenfor (Fig. 1).

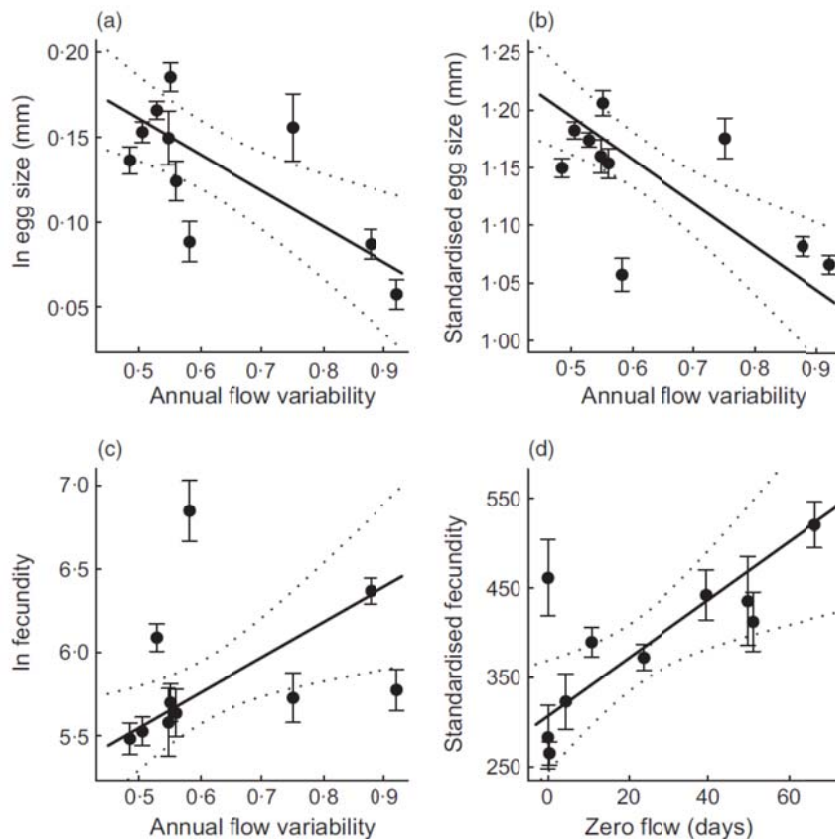


Fig. 1 Among-population variation in raw and standardized traits along hydrological gradients. (a) Egg size, (b) standardized egg size [i.e. corrected for variation in female size] and (c) fecundity [number of eggs] vs. annual flow variability; (d) standardized fecundity [i.e. corrected for variation in female size] vs. zero flow. Points represent observed population averages (± 1 SE), and lines predicted relationships ($\pm 95\%$ confidence intervals) between x and y variables. Each point represents the mean for each population estimated over several years of measurements. The annual flow variability represents the among year variation in annual flow, 0.5 representing relatively low and 0.9 relatively high variability in flow among years. Zero flow gives the number of days with no water flow in the river.

a) Beskriv disse resultatene og forklar hvordan de samsvarer med livshistorieteori når det gjelder evolusjon av avkomstørrelse. Forklar denne teorien i detalj. Bruk figur(er) til å illustrere din forklaring.

b) Foreslå en mulig forklaring på forandringene i eggstørrelse og antall egg som observeres når årlig vannføringsvariabilitet endrer seg.

c) Forfatterne av studien registrerte også innen-kull variasjon i eggstørrelse. Den neste figuren (Fig. 3) illustrerer forholdet mellom miljøforutsigbarhet og innen-kull variasjon i eggstørrelse. Forutsigbarheten i miljøet måles ved hvor godt vannføringen på et bestemt tidspunkt kan forutsis fra gjennomsnittlig vannføring i elva på dette bestemte tidspunktet over lengre tid (f.eks hvor mye vannføring i juni et gitt år kan forutsis fra gjennomsnittlig vannføring i denne måneden i tidligere år). Gi en mulig tolkning av disse resultatene.

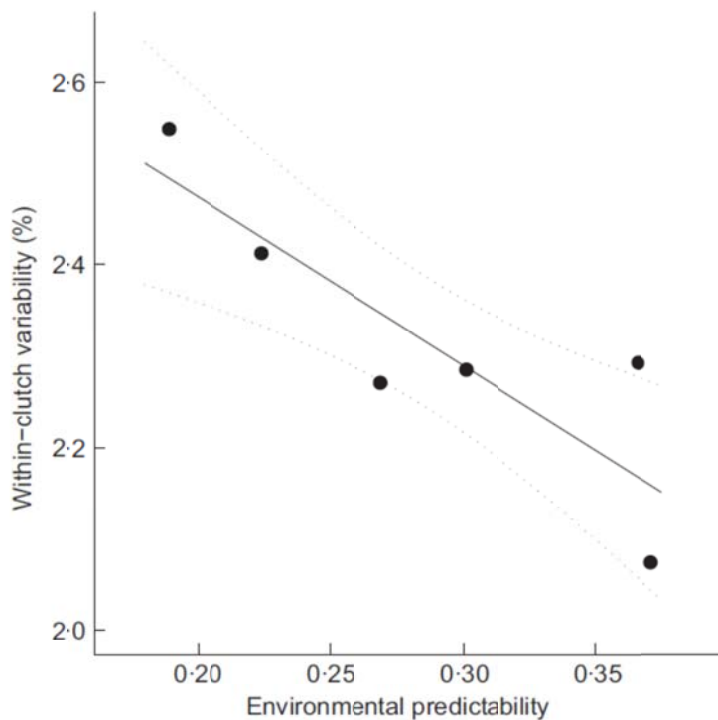


Fig. 3. Relationship between within-female egg size variation and environmental predictability as measured using Colwell's index. Lines represent fitted relationship and 95% confidence intervals.

Oppgave 3 (15%)

Landeligningen $\Delta Z = \beta G$ (Lande 1979) tar sikte på å forutsi endringer i fenotypiske trekk som følge av seleksjon.

a) Forklar de ulike variablene i ligningen.

b) Forklar hvordan β kan estimeres i naturlige populasjoner. Gi et eksempel.

Oppgave 4 (15%)

Hardy-Weinbergprinsippet/-modellen er en svært viktig populasjonsgenetisk modell, og beskriver allelfrekvenser og genotypfrekvenser som vi forventer å se på et locus/gen med to alleler.

a) Hva er Hardy-Weinbergmodellen/-likevekten? Gi en kort forklaring av denne viktige populasjonsgenetiske modellen og prediksjonene modellen har.

Hardy-Weinbergmodellen har noen antagelser. Hvordan prediksjonene til modellen endrer seg når en eller flere av disse antagelsene ikke er oppfylt gir oss ofte en viktig forståelse av hvordan ulike prosesser påvirker populasjoners genetik og evolusjon.

b) Hva er de viktigste antagelsene i Hardy-Weinbergmodellen? Forklar hvordan en forventer at allelfrekvenser og/eller genotypfrekvenser vil endre seg når hver av disse antagelsene ikke er oppfylt.

Oppgave 5 (10%)

I en studie av vannlopper (*Daphnia*) i en liten dam i Illinois, USA, fant Spitze (1993) følgende antall genotyper på *PGI*-locuset/genet da han tok en prøve/sampel på 127 individer:

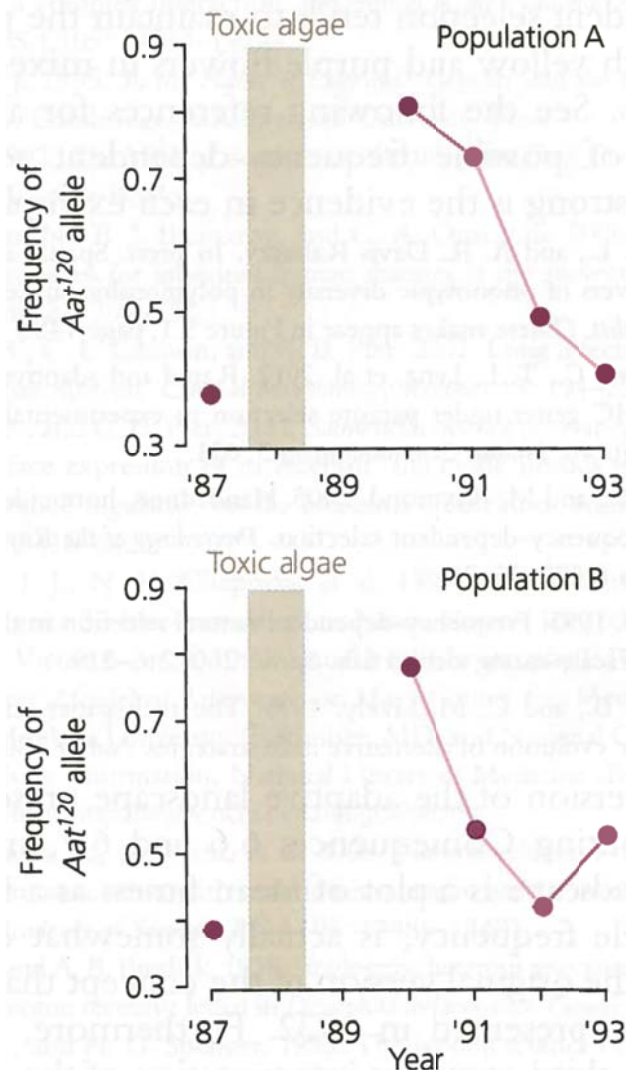
Genotype	Observert antall
AA	11
AB	55
BB	61

a) Hva er de observerte genotypfrekvensene og allelfrekvensene?

b) Hva er genotypfrekvensene som forventes under Hardy-Weinberglikevekt? Bruk en kjikvadrattest for å undersøke om de observerte genotypfrekvensene er som forventet under Hardy-Weinberglikevekt.

Oppgave 6 (10%)

Kerstin Johannesson og kollegaene hennes (1995) studerte to populasjoner av en marin snegle som lever i tidevannsonen på Ursholmen nær Strömstad i Sverige. Hvert år bestemte forskerne allelfrekvensen for enzymet aspartate aminotransferase (Aat; det er ikke nødvendig å vite hva dette enzyme gjør). Dataene deres ser du i grafene i figuren til høyre. Det første studieåret var 1987. I 1988 var det en algeoppblomstring av giftige alger (grå søyler) som drepte alle sneglene i tidevannsonen på hele Ursholmen. Dette er årsaken til at det ikke er noen data fra 1988 og 1989. Selv om sneglen i tidevannsonen ble utryddet av algeoppblomstringen, overlevde sneglene i skvalpesonen rett ovenfor tidevannsonen uten problem. I 1990 hadde tidevannsonen blitt rekolonisert av skvalpesone-snegler. Her er målet at du skal utvikle en logisk forklaring for dataene i grafene. I hver del er det viktig at du nevner de evolusjonære mekanismene som er involvert (seleksjon, mutasjon, migrasjon og drift).



- Hvorfor var frekvensen av Aat¹²⁰ allelet høyere i begge populasjonene i 1990 enn den var i 1987? Oppgi de evolusjonære mekanismene og forklar.
- Hvorfor gikk allelfrekvensen ned i begge populasjonene fra 1990 til 1993? Oppgi de evolusjonære mekanismene og forklar..
- Hvorfor er kurvene som viser 1990-1993-dataene stort sett like, men ikke eksakt identiske? Oppgi den mest sannsynlige evolusjonære mekanismen og forklar.
- Forutsi hva som vil skje med allelfrekvensene om vi fulgte disse to populasjonene i 100 år til (anta at det ikke ble flere algeoppblomstringer). Forklar hvordan du tenker.

Nynorsk

Oppgåve 1 (25%)

Tabellen nedanfor viser ulike fenotypiske eigenskapar hos ulike artar av leddyr.

Trait Species	Presence of chelicerae ¹	Number of locomotory appendages	Development	Wing folding pattern	Haplodiploid cycle	Reduced hind wing	Wing in adults	Aquatic larvae
<i>Drosophila melanogaster</i> (fruit fly)	no	≤10	holometabolous	Folded on abdomen	no	Yes	yes	No
<i>Latrodectus mactans</i> (black widow)	yes	≤10	NA	NA	no	NA	NA	No
<i>Cordulegaster boltonii</i> (dragonfly)	no	≤10	hemimetabolous	Not folded	no	No	yes	Yes
<i>Vespula germanica</i> (wasp)	no	≤10	holometabolous	Folded on abdomen	yes	No	yes	No
<i>Lithobius forficatus</i> (centipede)	no	>10	NA	NA	no	NA	NA	No
<i>Formica rufa</i> (red ant)	no	≤10	Holometabolous	Folded on abdomen (if wings)	yes	No	Reproductive individuals only	No
<i>Chironomus plumosus</i> (midge)	no	≤10	Holometabolous	Folded on abdomen	no	Yes	yes	Yes

1 - Chelicerae: Munddeler som er hul og inneholder gift kjertler. De brukes til å injisere gift inn byttedyr.

a) Ved hjelp av tabellen, sett opp eit fylogenetisk tre som inkluderer desse artane. Indiker synapomorfiane som karakteriserer dei ulike gruppene.

b) Forklar kvifor den same karakteren, for eksempel akvatiske larver, kan finnast i artar som ikkje er nært i slekt. Gi andre eksempel på eit slikt fenomen i andre grupper av dyr eller planter.

La oss så anta at eksona (kodande regionar) i to ulike og hypotetiske gen, som vi vil kalle *winged* og *quadrowing*, vart sekvenserte i både augestikkar og mygg. I dette hypotetiske eksempelet koder genet *winged* for utviklinga av venger, mens genet *quadrowing* bestemmer talet fullt utvikla venger hos vaksne individ (2 eller 4 venger). Da sekvensane frå dei to gena i dei to artane vart samanstilte og samanlikna vart dette registrert:

Gen	Antal ikkje-synonyme substitusjonar*	Antal synonyme substitusjonar **	dN/dS-ratio (forholdet mellom ikkje-synonyme og synonyme nukleotidsubstitusjonar)
<i>winged</i>	2	42	0.048
<i>quadrowing</i>	25	17	1.471

*More precisely, this should be the number of non-synonymous nucleotide substitutions per non-synonymous site; **More precisely, this should be the number of synonymous nucleotide substitutions per synonymous site.

c) Forklar kva synonyme og ikkje-synonyme nukleotidsubstitusjonar er.

d) Den nøytrale teorien for molekylær evolusjon blir ofte brukt som ein nullmodell når DNA-sekvensar blir undersøkt for å sjå etter endringar som skriv seg frå seleksjon. Forklar kort den nøytrale teorien for molekylær evolusjon, og korleis du ville forvente at DNA-sekvensane frå det same genet i to artar vil evolvere under denne nullmodellen. Kva vil du da forvente at dN/dS-ratioen beregna for DNA-sekvensane for dette genet er?

e) Forklar dei evolusjonære prosessane som er dei mest sannsynlige forklaringane på dN/dS-ratioane som vart funne for gena *winged* og *quadrowing* da sekvensane til desse gena hos augestikker og mygg vart samanlikna.

Oppgåve 2 (25%)

Morrongiello og kollegaer (Morrongiello et al. 2012) samanlikna fekunditeten i ulike bestandar av ferskvatnsfisken *Nannoperca australis*. Dei analyserte spesielt effektane av hydrologien i elvene (variabilitet i vatnføring) på tal og størrelse av egga som vart produsert. Resultata frå undersøkinga deira blir presentert nedanfor (Fig. 1).

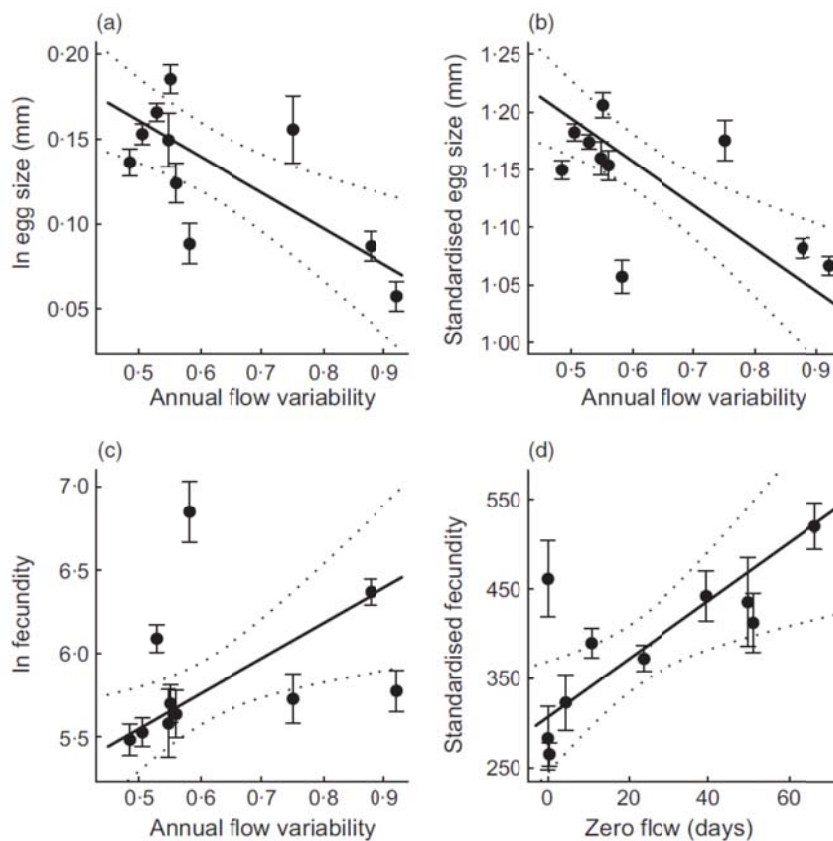


Fig. 1 Among-population variation in raw and standardized traits along hydrological gradients. (a) Egg size, (b) standardized egg size [i.e. corrected for variation in female size] and (c) fecundity [number of eggs] vs. annual flow variability; (d) standardized fecundity [i.e. corrected for variation in female size] vs. zero flow. Points represent observed population averages (± 1 SE), and lines predicted relationships ($\pm 95\%$ confidence intervals) between x and y variables. Each point represents the mean for each population estimated over several years of measurements. The annual flow variability represents the among year variation in annual flow, 0.5 representing relatively low and 0.9 relatively high variability in flow among years. Zero flow gives the number of days with no water flow in the river.

a) Beskriv desse resultatata og forklar korleis dei samsvarer med livshistorieteori når det gjeld evolusjon av avkomstorleik. Forklar denne teorien i detalj. Bruk figur(ar) til å illustrere forklaringa di.

b) Foreslå ei mulig forklaring på forandringane i eggstorleik og talet egg som blir observert når årleg vatnføringsvariabilitet endrar seg.

c) Forfatterane av studien registrerte også innen-kull variasjon i eggstorleik. Den neste figuren (Fig. 3) viser forholdet mellom kor føreseieleg miljøet er og innen-kull variasjon i eggstorleik. Kor føreseieleg miljøet er målast ved kor godt gjennomsnittlig vatnføring i elva på eit bestemt tidspunkt over lengre tid kan føreseie vatnføringa på dette tidspunktet i framtida (for eksempel kor mye vatnføringa i juni i tidlegare år kan føreseie vatnføringa i denne månaden i eit gitt år). Gi ei mulig tolking av desse resultatata.

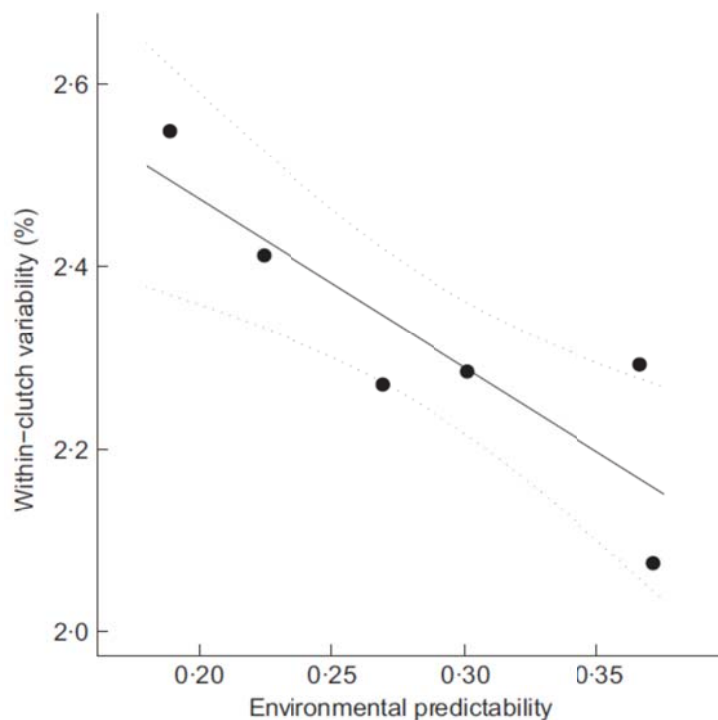


Fig. 3. Relationship between within-female egg size variation and environmental predictability as measured using Colwell's index. Lines represent fitted relationship and 95% confidence intervals.

Oppgåve 3 (15%)

Landelikninga $\Delta Z = \beta G$ (Lande 1979) tar sikte på å føreseie endringar i fenotypiske trekk som følgje av seleksjon.

a) Forklar dei ulike variablane i likninga.

b) Forklar korleis β kan estimerast i naturlige bestandar. Gi eit eksempel.

Oppgave 4 (15%)

Hardy-Weinbergprinsippet/-modellen er ein svært viktig populasjonsgenetisk modell, og beskriver allelfrekvensar og genotypfrekvensar som vi forventar å sjå på eit locus/gen med to allel.

a) Kva er Hardy-Weinbergmodellen/-likevekta? Gi ei kort forklaring av denne viktige populasjonsgenetiske modellen og prediksjonane modellen har.

Hardy-Weinbergmodellen har noen føresetnader. Korleis prediksjonane til modellen endrar seg når ein eller fleire av desse føresetnadene ikkje er oppfylt gir oss ofte ei viktig forståing av korleis ulike prosessar påverkar genetik og evolusjon i ulike bestander.

b) Kva er dei viktigaste føresetnadene i Hardy-Weinbergmodellen? Forklar korleis ein forventar at allelfrekvensar og/eller genotypfrekvensar vil endre seg når kvar av desse føresetnadene ikkje er oppfylt.

Oppgave 5 (10%)

I ein studie av vatnlopper (*Daphnia*) i ein liten dam i Illinois, USA, fant Spitze (1993) desse genotypane på *PGI*-locuset/genet då han tok ei prøve/sampel på 127 individ:

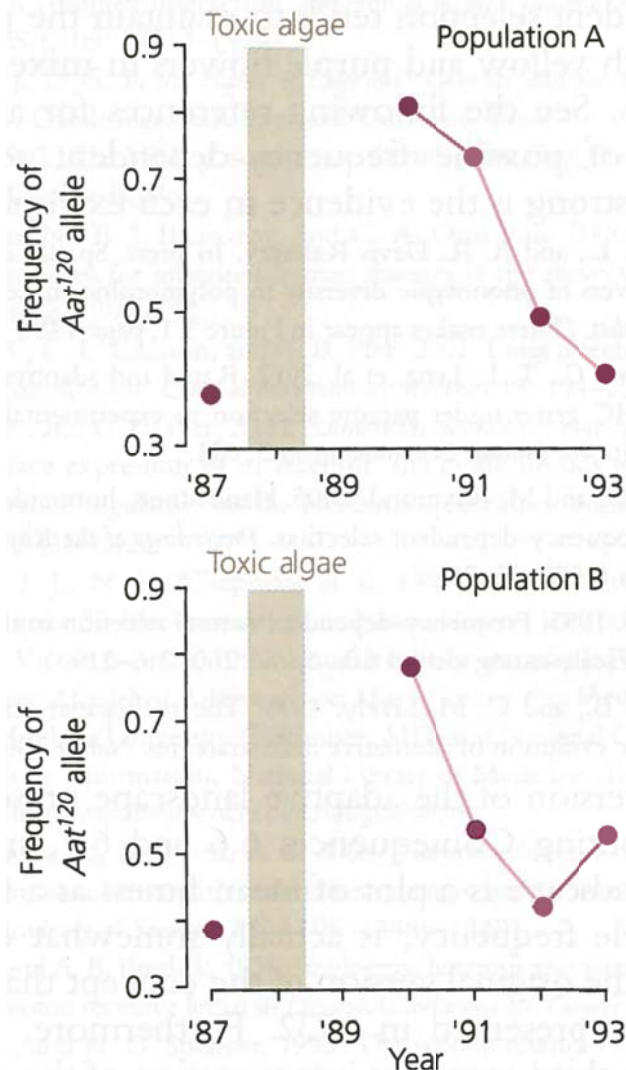
Genotype	Observert tal
AA	11
AB	55
BB	61

a) Kva er dei observerte genotypfrekvensane og allelfrekvensane?

b) Kva er genotypfrekvensane som vi forventar å finne under Hardy-Weinberglikevekt? Bruk ein kjikvadrattest for å undersøke om dei observerte genotypfrekvensane er som forventa under Hardy-Weinberglikevekt.

Oppgave 6 (10%)

Kerstin Johannesson og kollegaene hennar (1995) studerte to bestandar av ein marin snigel som lever i tidevatnsona på Ursholmen nær Strömstad i Sverige. Kwart år bestemte forskerane allelfrekvensane for enzymet aspartate aminotransferase (Aat; det er ikkje nødvendig å vite kva enzymet gjør). Dataa deira ser du i grafane i figuren til høgre. Det første studieåret var 1987. I 1988 var det ei algeoppblomstring av giftige algar (grå søyler) som **drap alle sniglane i tidevatnsona** på heile Ursholmen. Dette er årsaken til at det ikkje er nokre data frå 1988 og 1989. Sjølv om siglene i tidevatnsona vart utrydda av algeoppblomstringa, overlevde siglene i skvalpesona rett ovanfor tidevatnsona utan problem. I 1990 hadde tidevatnsona blitt rekolonisert av skvalpesone-sniglar. Her er målet at du skal utvikle ei logisk forklaring for dataa i grafane. I kvar del er det viktig at du nemner dei evolusjonære mekanismane som er involvert (seleksjon, mutasjon, migrasjon og drift).



- Kvifor var frekvensen av Aat¹²⁰ allelet høgre i begge bestandane i 1990 enn den var i 1987? Nemn den evolusjonære mekanismen og forklar.
- Kvifor minka allelfrekvensen i begge bestandane frå 1990 til 1993? Nemn den evolusjonære mekanismen og forklar.
- Kvifor er kurvene som viser 1990-1993-dataa for dei to bestandane stort sett like, men ikkje eksakt identiske? Nemn den mest sannsynlege evolusjonære mekanismen og forklar.
- Spå kva som vil skje med allelfrekvensane om vi følgde dei to bestandane i 100 år til (anta at det ikkje vart fleire algeoppblomstringar). Forklar korleis du tenkjer.

Appendix

Chi-square table: Critical values of the Chi-square distribution for up to 5 degrees of freedom (d.f.). The proportions in the table (corresponding to $\alpha=0.05, 0.01$, etc.) represent the area to the right of the critical value of Chi-square given in the table, as shown in the figure below. The null-hypothesis is usually not rejected unless the probability associated with the calculated Chi-square is less than 0.05.

