

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: 20/05/2015

Eksamenstid / Exam duration: 4

Studiepoeng/ Study points: 7,5

Tillatte hjelpemidler / Allowed aids: authorized calculator

Antall sider/ Totalt (total # of pages bokmål + nynorsk + English): 9

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

Sensurdato / Exam results:

The weight of the different questions is indicated in parenthesis

Nynorsk

1 - Kvantitativ genetik (20%)

A - Kva ulike kjelder finst til fenotypisk variasjon, og kva er samanhengen mellom desse kjeldene når me freistar å predikera evolusjon av fenotypiske trekk?

B - Korleis kan vi estimere desse ulike kjeldene til fenotypisk variasjon? Forklar fordelar og ulemper for dei ulike metodane.

2 – Testing av evolusjonær teori (15%)

To populasjonar av ein blømande plante, på kvar si side av eit fjell, har ulik farge på blomane. Me ynskjer å testa hypotesen at denne morfologiske ulikskapen er ei tilpassing til miljøet, og spesielt til kva insekt som bestøvar populasjonane. Skildra ei rekkje eksperiment som testar denne hypotesa. Desse eksperimenta skal spesielt søkja å identifisera det selektive trykket som påverkar trekket, og kvantifisera den genetiske basisen til trekket.

Hjelp: prøv å presentera den/dei spesifikke prediksjonen/ane som kvart eksperiment skal testa.

3 – Livshistorie-evolusjon (15%)

A - Forklår kvifor me forventar ein evolusjon av optimal avkomstorleik (trade-off-hypotese). Kva endringar skal me forventa på avkom-storleik og antal avkom når miljøet vert mindre gunstig for avkommet (t.d. auka konkurranse mellom larvar)?

B - Kvifor er det vanskeleg å påvise trade-off i ein naturleg populasjon?

Hjelp: Hugs å bruka grafar for å forklåra samanhengen mellom ulike variablar.

4 – Populasjonsgenetikk (15%)

Følgjande tal individ i ein *Drosophila polymorpha* populasjon har dei tre ulike genotypane for farge på buken (abdomen):

EE (mørk): 3969

Ee (intermediær): 3174

ee (lys): 927

A – Forklar kva Hardy-Weinberg modellen/likevekta er, og dei viktigaste meiningane denne har.

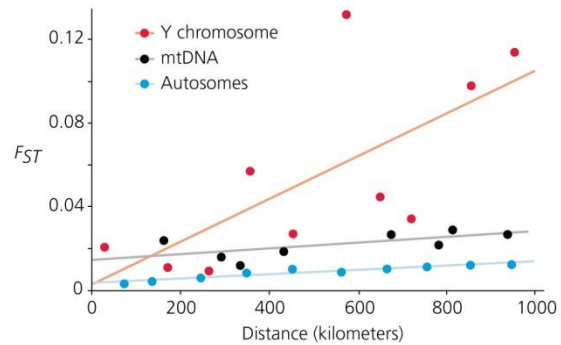
B – Kva er allel- og genotypfrekvensane i denne *Drosophila* populasjonen?

C – Kva ville dei forventa genotypfrekvensane i denne populasjonen vere om populasjonen var i Hardy-Weinberg likevekt?

D – Test om populasjonen er i Hardy-Weinberg likevekt (tips: bruk ein Chi-square-test; ein Chi-square tabell finn du i Appendix).

5 – Populasjonsgenetikk (15%)

Figuren viser F_{ST} som ein funksjon av geografisk avstand. Dataa er frå menneskepopulasjonar i Europa. Genetisk differensiering har blitt beregna basert på nøytrale loci på autosoma, mitokondriegenomet og Y-kromosomet. Vi ser at mønstra for dei tre ulike typane loci er forskjellige.



A – Forklar kva F_{ST} er.

B – Forklar kort korleis dei tre typane loci nedarvast.

C – Gi ei sannsynlig forklaring for kvifor F_{ST} er lågere for loci på autosoma og mitokondriegenomet, enn for loci på Y-kromosomet.

6 – Molekylær evolusjon (10%)

Anta at ein forskar samanliknar ein kodande DNA sekvens i mus med den korresponderande (homologe) sekvensen i menneske og finn 420 ikkje-synonyme sites/nukleotider/baser, 180 synonyme sites, 8 ikkje-synonyme mutasjonar, og 6 synonyme mutasjonar.

A – Kva er dN/dS -ratioen for denne DNA-sekvensen?

B – Forklar om det er bevis for positiv seleksjon, negativ/purifying seleksjon, eller ingen seleksjon på denne DNA-sekvensen (gi ei kvalitativ forklaring; ikkje gjer nokon statistisk test).

7 – Evolusjonær genetikk (10%)

Forklar den viktigaste prosessen som skildrast i kvart av (dei hypotetiske) eksempla nedenfor, og forklar korleis prosessen sannsynligvis vil forandre allelfrekvensane i kommande generasjonar.

A – Ein bille-art introduserast til ei øy som er dekkja av mørk basaltisk stein. På denne mørke bakgrunnen er mørke biller (med genotyper TT eller Tt på locuset som gir mørk eller lys

farge) mye meir resistente mot predasjon enn lyse biller (med genotype tt på locuset som gir mørk eller lys farge). Dei mørke billene har ein selektiv fordel. Begge allela er relativt vanlege i gruppa av biller som blei satt ut på den nye øya.

B – Ein annan billepopulasjon, som denne gongen hovudsakleg består av lyse biller og berre noen få mørke biller, introduserast til ei øy med eit blanda substrat av lys sand, vegetasjon og svart basalt. På denne øya har mørke biller berre ein liten selektiv fordel.

C – Ein korallrevsfisk har to typer hanner som er genetisk bestemt. Ein type hann er mykje mindre enn den andre, og snik seg inn i reira til større hanner for å befrukte egga frå hoene deira. Når små hanner er sjeldne har dei ein selektiv fordel over store hanner. Om det blir for mange små hanner bytter derimot dei store hannene til ein meir aggressiv strategi for å forsvare reira sine, og små hanner mistar fordelene sine.

D – Hos ei tropisk plante har individ med CC og Cc genotypar på eit blomsterfargelocus røde blomster og cc individ har gule blomster. Men Cc individ har defekt blomsterutvikling og produserer få blomster.

E – Hos ein fugleart er individ med MM genotype på eit immunforsvarsgen mottakelege for fuglemalaria. Mm fuglar er resistente mot fuglemalaria og mm fuglar er resistente mot fuglemalaria. Men mm fuglar er utsette for avipoxvirus.

Bokmål

1 - Kvantitativ genetik (20%)

A - Hvilke ulike kilder finns til fenotypisk variasjon, og hva er sammenhengen mellom disse kildene når vi prøver å predikere evolusjon av fenotypiske trekk?

B - Hvordan kan vi estimere disse forskjellige kildene til fenotypisk variasjon? Forklar fordeler og ulemper for de ulike metodene.

2 – Testing av evolusjonær teori (15%)

To populasjoner av en blomsterplante, på hver sin side av et fjell, har forskjellig farge på blomstene. Vi ønsker å teste hypotesen at denne morfologiske forskjellen er en tilpasning til miljøet, og spesielt til hvilke insekt-typer som er bestøvere i de to populasjonene. Beskriv en rekke eksperimenter som tester denne hypotesen. Disse eksperimentene skal spesielt forsøke å identifisere det selektive trykket som virker på trekket, og kvantifisere den genetiske basisen til trekket.

Hjelp: Forsøk å tydelig presentere den/de spesifikke prediksjonen(e) som hvert eksperiment skal teste.

3 – Livshistorie-evolusjon (15%)

Forklar hvorfor vi forventer en evolusjon av optimal avkomstørrelse (trade-off-hypotese). Hvilke forandringer skal vi forvente i avkomstørrelse og antall avkom når miljøet blir mindre gunstig for avkommet (f.eks. økt konkurranse mellom larver)?

B - Hvorfor er det vanskelig å påvise trade-off i en naturlig populasjon?

Hjelp: Husk å bruke grafer for å forklare sammenhengen mellom ulike variabler.

4 – Populasjonsgenetikk (15%)

Følgende antall individer i en *Drosophila polymorpha* populasjon har de tre ulike genotypene for farge på buken (abdomen):

EE (mørk): 3969

Ee (intermediær): 3174

ee (lys): 927

A – Forklar hva Hardy-Weinberg modellen/likevekten er, og de viktigste antagelsene denne har.

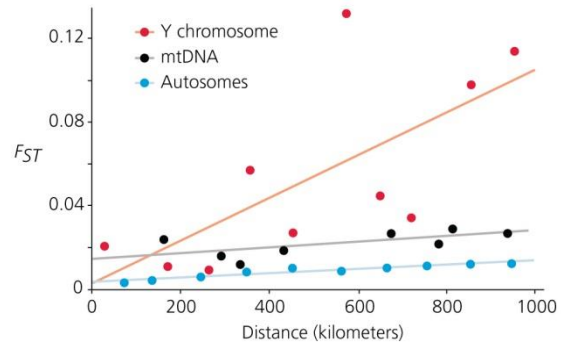
B – Hva er allel- og genotypfrekvensene i denne *Drosophila* populasjonen?

C – Hva ville de forventede genotypfrekvensene i denne populasjonen være hvis populasjonen var i Hardy-Weinberg likevekt?

D – Test om populasjonen er i Hardy-Weinberg likevekt (tips: bruk en Chi-square-test; en Chi-square tabell finner du i Appendix).

5 – Populasjonsgenetikk (15%)

Figuren viser F_{ST} som en funksjon av geografisk avstand. Dataene er fra menneskepopulasjoner i Europa. Genetisk differensiering har blitt beregna basert på nøytrale loci på autosomene, mitokondriegenomet og Y-kromosomet. Vi ser at mønstrene for de tre ulike typene loci er forskjellige.



A – Forklar hva F_{ST} er.

B – Forklar kort hvordan de tre typene loci nedarves.

C – Gi en sannsynlig forklaring for hvorfor F_{ST} er lågere for loci på autosomene og mitokondriegenomet, enn for loci på Y-kromosomet.

6 – Molekylær evolusjon (10%)

Anta at en forsker sammenligner en kodende DNA sekvens i mus med den korresponderende (homologe) sekvensen i menneske og finner 420 ikke-synonyme sites/nukleotider/baser, 180 synonyme sites, 8 ikke-synonyme mutasjoner, og 6 synonyme mutasjoner.

A – Hva er dN/dS -ratioen for denne DNA-sekvensen?

B – Forklar om det er bevis for positiv seleksjon, negativ/purifying seleksjon, eller ingen seleksjon på denne DNA-sekvensen (gi en kvalitativ forklaring; ikke gjør noen statistisk test).

7 – Evolusjonær genetikk (10%)

Forklar den viktigste prosessen som beskrives i hvert av (de hypotetiske) eksemplene nedenfor, og forklar hvordan prosessen sannsynligvis vil forandre allelfrekvensene i kommende generasjoner.

A – En bille-art introduseres til ei øy som er dekket av mørk basaltisk stein. På denne mørke bakgrunnen er mørke biller (med genotyper TT eller Tt på locuset som gir mørk eller lys farge) mye mer resistente mot predasjon enn lyse biller (med genotype tt på locuset som gir mørk eller lys farge). De mørke billene har en selektiv fordel. Begge allelene er relativt vanlige i gruppa av biller som ble satt ut på den nye øya.

B – En annen billepopulasjon, som denne gangen hovedsakelig består av lyse biller og bare noen få mørke biller, introduseres til ei øy med et blanda substrat av lys sand, vegetasjon og svart basalt. På denne øya har mørke biller bare en liten selektiv fordel.

C – En korallrevsfisk har to typer hanner der hann-typen er genetisk bestemt. En type hann er mye mindre enn den andre, og sniker seg inn i større hanners reir for å befrukte eggene fra hunnene deres. Når små hanner er sjeldne har de en selektiv fordel over store hanner. Hvis det blir for mange små hanner bytter derimot de store hannene til en mer aggressiv strategi for å forsvare reirene sine, og små hanner mister sin fordel.

D – Hos en tropisk plante har individer med CC og Cc genotyper på et blomsterfargelocus røde blomster og cc individer har gule blomster. Cc individer har imidlertid defekt blomsterutvikling og produserer få blomster.

E – Hos en fugleart er individer med MM genotype på et immunforsvarsgen mottakelige for fuglemalaria. Mm fugler er resistente mot fuglemalaria og mm fugler er resistente mot fuglemalaria. Imidlertid er mm fugler utsatt for avipoxvirus.

English

1 - Quantitative genetics (20%)

A - What are the different sources of phenotypic variation, and what is the relationship between these different sources when we try to predict the evolution of phenotypic traits?

B - How can we estimate these different sources of variation? Explain the advantages and drawbacks of the different methods.

2 – Testing evolutionary theory (15%)

Two populations of a flowering plant, on two different sides of a mountain, differ in the colour of the flower. We want to test the hypothesis that this morphological difference is an adaptation to the environment, and more particularly to the type of insect pollinating the two populations. Describe a series of experiments to test this general hypothesis. These experiments should particularly aim at clearly identifying the selective pressures acting on the trait, and quantify the genetic basis of this trait.

Help: Try to present clearly the specific prediction(s) that each experiment is expected to test.

3 – Life history evolution (15%)

A - Explain why we expect the evolution of an optimal offspring size (trade-off hypothesis). What kind of changes should we expect on offspring size and offspring number when environmental conditions become less favorable for the offspring (such as increased competition among larvae)?

B – Why is it difficult to demonstrate the occurrence of trade-off in natural population?

Help: Remember to use graphics to explain the relationship between different variables.

4 – Population genetics (15%)

The number of individuals in a population of *Drosophila polymorpha* with each of three different abdomen colour genotypes are:

EE (dark): 3969

Ee (intermediate): 3174

ee (light): 927

A – Explain what the Hardy-Weinberg model/equilibrium is, and what main assumptions it has.

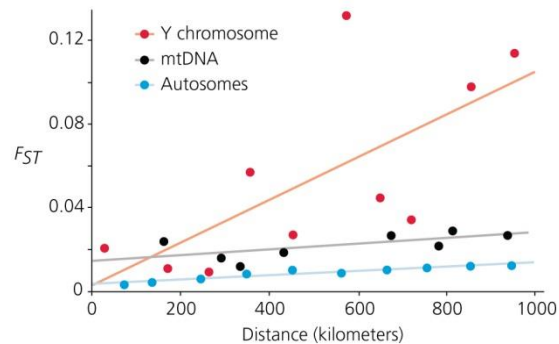
B – What are the allele and genotype frequencies in this *Drosophila* population?

C – What would the expected genotype frequencies in this population be if the population was in Hardy-Weinberg equilibrium?

D – Test if the population is in Hardy-Weinberg equilibrium (hint: use a Chi-square-test; a Chi-square table can be found in the Appendix).

5 – Population genetics (15%)

The graph shows F_{ST} as a function of geographic distance. The data are from human populations in Europe. Genetic differentiation has been calculated based on neutral loci on the autosomes, the mitochondrial genome, and the Y chromosome. We see that the patterns are different from the three kinds of loci.



A – Explain what F_{ST} is.

B – Briefly explain how the three types of loci are inherited.

C – Give a likely explanation why F_{ST} is lower for autosomal and mitochondrial loci than for Y-chromosome loci.

6 – Molecular evolution (10%)

Assume a researcher compares a coding DNA sequence in mouse to the corresponding (homolog) sequence in humans and finds 420 non-synonymous sites, 180 synonymous sites, 8 nonsynonymous mutations, and 6 synonymous mutations.

A – What is the dN/dS-ratio for this DNA sequence?

B – Explain whether there evidence for positive selection, negative/purifying selection, or no selection on this DNA sequence (give a qualitative explanation; do not carry out a statistical test).

7 – Evolutionary genetics (10%)

Explain the main process which is described in each of the (hypothetical) examples below, and explain how the process is likely to affect allele frequencies in subsequent generations.

A – A beetle species is introduced to an island covered with dark basaltic rock. On this dark background, dark beetles (with genotypes TT or Tt at the dark-light color locus) are much more resistant to predation than are light-colored beetles (with genotype tt at the dark-light color locus). The dark beetles have a large selective advantage. Both alleles are relatively common in the group of beetles released on the new island.

B – Another beetle population, this time consisting of mostly light beetles and just a few dark beetles, is introduced onto a different island with a mixed substrate of light sand, vegetation, and black basalt. On this island, dark beetles have only a small selective advantage.

C – A coral-reef fish has two genetically determined types of male. One kind of male is much smaller than the other, and sneaks into larger males' nests to fertilize their females' eggs. When small males are rare, they have a selective advantage over large males. However, if there are too many small males, large males switch to a more aggressive strategy of nest defence, and small males lose their advantage.

D – In a tropical plant, plants with CC and Cc genotypes at a flower color locus have red flowers and cc plants have yellow flowers. However, Cc plants have defective flower development and produce very few flowers.

E – In a species of bird, individuals with genotype MM at an immune system gene are susceptible to avian malaria, Mm birds are resistant to avian malaria, and mm birds are resistant to avian malaria. However, the mm birds are also vulnerable to avian pox.

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.

