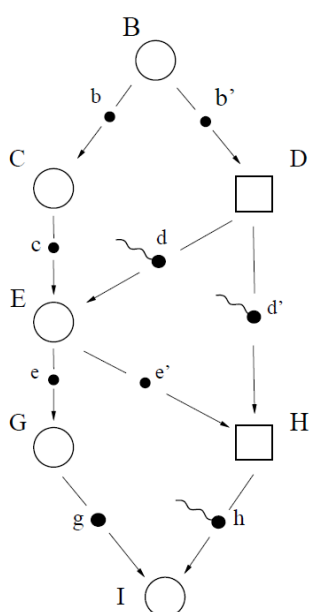


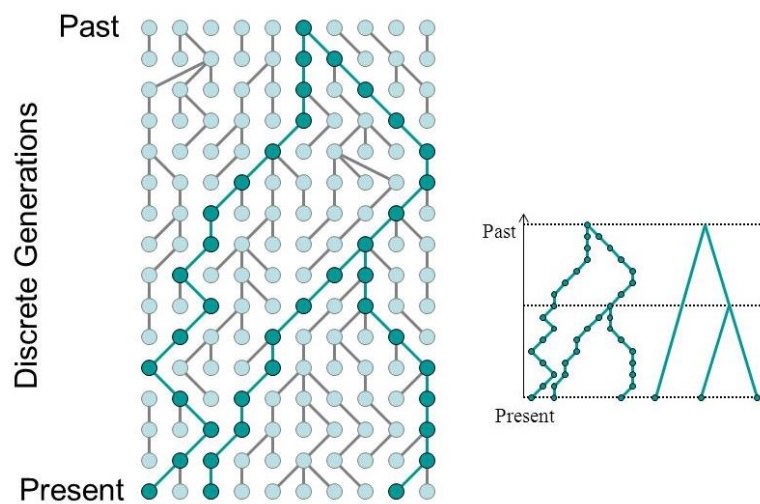
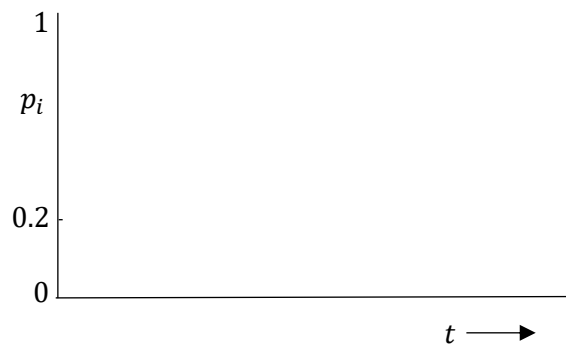
1- (30 نمره) یک ژن اتوزومی سه الل A_1, A_2, A_3 دارد. A_1 کاملاً بر A_2 بارز است و هر دو اینها کاملاً بر A_3 بارز هستند. اگر در جمعیتی که در تعادل هاردی-واینبرگ است فراوانی‌های فنوتیپی $A_1-: 50\%, A_2-: 30\%, A_3A_3: 20\%$ باشد، فراوانی هر یک از الل‌ها چند است؟

$$f(A_1) = \underline{\hspace{2cm}} \quad f(A_2) = \underline{\hspace{2cm}} \quad f(A_3) = \underline{\hspace{2cm}}$$



2- (30 نمره) در شجره‌نامه‌ی روبرو، ضریب درون آمیزی (احتمال Identical by Descent بودن دو الل) برای یک ژن وابسته به X در فرد I چند است؟ (عدد نهایی را با سه رقم اعشار محاسبه کنید).

3- (50 نمره) جمعیت هاپلوئید بزرگی دارای فراوانی برابر از 5 آلل خنثا در ژن رمزگردان یک آنزیم متابولیسمی است (فراوانی هر آلل 0/2 است). در نسل صفر، با ورود یک ترکیب شیمیایی سمی به محیط، شایستگی نسبی این آلل‌ها به 0/1، 0/3، 0/6، 0/8 و 1 تغییر می‌کند. نمودار تغییر فراوانی هر یک از 5 آلل را با گذر زمان تا رسیدن جمعیت به وضعیت نهایی رسم کنید. نکته: روند کیفی تغییر و تفاوت آن بین آلل‌ها مدنظر است؛ نیازی نیست مقدار تغییر بر حسب زمان از لحاظ کمی دقیق باشد. راهنمایی: معادله‌های $p'_A = p_A \frac{w_A}{\bar{w}}$ و $\Delta p_A = \frac{p_A}{\bar{w}} (w_A - \bar{w})$ برای حالت هاپلوئید و هر آلل در ژن‌های چنداللی هم عیناً درست هستند.



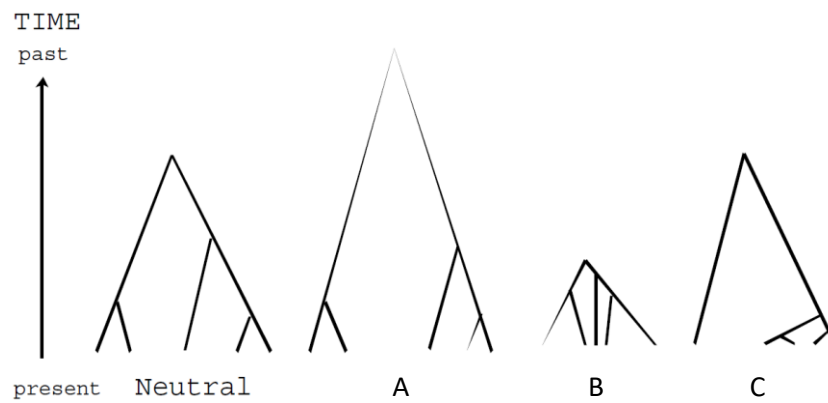
4- (30 نمره) با مفهوم درخت همرسی (Coalescent Tree) در جمعیت‌های متنهای تحت تاثیر رانش ژنی آشنا هستید. تصویر سمت چپ روند شبیه‌سازی شده‌ای را از تولیدمثل تصادفی جمعیتی با 10 آلل نشان می‌دهد که از آن در نسل حاضر نمونه‌ای به اندازه‌ی 3 آلل گرفته شده است. درخت همرسی خلاصه شده‌ی این سه آلل تا نیای مشترکشان و شکل مرتب شده‌اش هم در سمت راست رسم شده است. اگر به جای تولیدمثل تصادفی انتخاب طبیعی در جمعیت رخ دهد، شکل درخت همرسی از نظر طول نسبی شاخه‌ها و زمان رسیدن به نیای مشترک تغییر خواهد کرد. جنس این تغییر به نوع انتخاب طبیعی بستگی دارد.

در زیر، درخت همرسی جمعیتی فرضی در حالت رانش خالص (تکامل خنثی) و نیز شکل‌های دگرگون شده‌اش در پی انتخاب طبیعی آورده شده است. تعیین کنید که هر نوع انتخاب طبیعی به کدام دگرگونی در شکل همرسی می‌انجامد. (نمره سوال تنها به حالت کاملاً درست تعلق می‌گیرد)

_____ انتخاب مثبت جهت‌دار کامل (Completed Selective Sweep)

_____ انتخاب مثبت جهت‌دار نیمه‌کاره (Partial Selective Sweep)

_____ انتخاب متوازن‌کننده (Balancing Selection)



5- (60 نمره) یکی از راه‌های شناسایی ژن‌های تحت تاثیر انتخاب طبیعی از داده‌های مولکولی، مقایسه‌ی مقدار تنوع ژن در درون جمعیت یا چندریختی (Polymorphism) با میزان تفاوت‌های تثبیت‌شده میان جمعیت‌ها یا واگرایی (Divergence) است. اگر یک ژن رمزکننده‌ی پروتئین تنها تحت رانش تکامل پیدا کند و انتخابی در کار نباشد، تغییرات ناشی از جهش‌های مترادف (Synonymous) که توالی آمینواسیدی را تغییر نمی‌دهند و جهش‌های نامترادف (Nonsynonymous) که توالی آمینواسیدی را تغییر می‌دهند با الگوی یکسان درون و میان جمعیت‌ها انباشته می‌شوند. انتخاب طبیعی این تقارن را به هم می‌زند. الف. کدام نوع جهش معمولاً تاثیر بزرگتری بر کارکرد پروتئین (فنوتیپ) می‌گذارد و مایه‌ی احتمالی انتخاب طبیعی می‌شود؟ (نمره منفی یک سوم نمره سوال)

☐ مترادف ☐ نامترادف ☐ فرقی ندارد.

ب. توالی ژن الکل دهیدروژناز در جمعیت‌های دو گونه‌ی خویشاوند، دروزوفیلا ملانوگاستر و دروزوفیلا سیمپلانس، بررسی شده و شمار جایگاه‌های چندریخت در جمعیت د. ملانوگاستر و جایگاه‌های واگرا میان دو جمعیت به تفکیک مترادف و نامترادف در جدول زیر گزارش شده است:

	Divergent	Polymorphic
Synonymous	17	42
Nonsynonymous	7	2

کدام تست آماری برای آزمودن این فرضیه - فرضیه‌ی صفر - که نسبت واگرایی به چندریختی در دو گروه تغییرات مترادف و نامترادف تفاوت معناداری با هم ندارد، مناسب است؟

☐ تست t ☐ تست برازندگی χ^2 ☐ تست استقلال χ^2

پ. مقدار شاخص آماری، درجه‌ی آزادی و مقدار p آزمون را محاسبه کنید (بازه ای که با توجه به پیوست قابل محاسبه است). آیا فرضیه‌ی صفر در سطح معنی‌دار 0/05 رد می‌شود؟

Test statistic (t or χ^2) _____ Degree of freedom _____ >p-value
>_____

Null hypothesis rejected?(نمره منفی برابر نمره سوال) Yes ☐ No ☐

ت. نسبت $\omega = \frac{\text{Nonsynonymous divergence/Synonymous divergence}}{\text{Nonsynonymous polymorphism/Synonymous polymorphism}}$ را برای ژن الکل دهیدروژناز بر اساس جدول داده شده در بخش ب محاسبه کنید (تا سه رقم اعشار).

$\omega =$ _____

ث. با توجه به مقدار ω و نتیجه‌ی تست در بخش پ، کدام سناریو در توصیف روند تکامل ژن الکل دهیدروژناز در جمعیت د. ملائوگاستر محتمل‌تر است؟ (نمره منفی یک سوم نمره سوال)

☐ تکامل خنثی (انتخاب طبیعی بی‌اثر یا بسیار ضعیف) Neutral Evolution

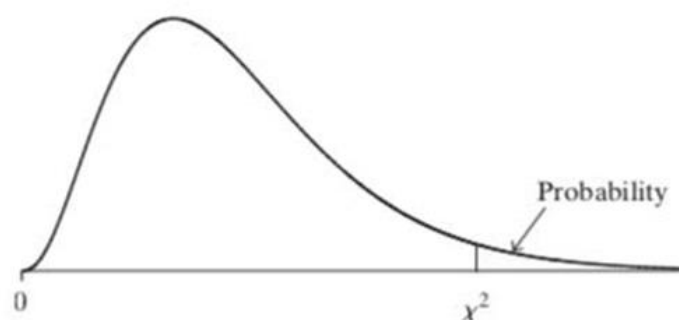
☐ انتخاب منفی یا وجین‌گر Negative (Purifying) Selection

☐ انتخاب مثبت جهت‌دار Positive Selection (Selective Sweep)

t Table

cum. prob	$t_{.50}$	$t_{.75}$	$t_{.80}$	$t_{.85}$	$t_{.90}$	$t_{.95}$	$t_{.975}$	$t_{.99}$	$t_{.995}$	$t_{.999}$	$t_{.9995}$
one-tail	0.50	0.25	0.20	0.15	0.10	0.05	0.025	0.01	0.005	0.001	0.0005
two-tails	1.00	0.50	0.40	0.30	0.20	0.10	0.05	0.02	0.01	0.002	0.001
df											
1	0.000	1.000	1.376	1.963	3.078	6.314	12.71	31.82	63.66	318.31	636.62
2	0.000	0.816	1.061	1.386	1.886	2.920	4.303	6.965	9.925	22.327	31.599
3	0.000	0.765	0.978	1.250	1.638	2.353	3.182	4.541	5.841	10.215	12.924
4	0.000	0.741	0.941	1.190	1.533	2.132	2.776	3.747	4.604	7.173	8.610
5	0.000	0.727	0.920	1.156	1.476	2.015	2.571	3.365	4.032	5.893	6.869
6	0.000	0.718	0.906	1.134	1.440	1.943	2.447	3.143	3.707	5.208	5.959
7	0.000	0.711	0.896	1.119	1.415	1.895	2.365	2.998	3.499	4.785	5.408
8	0.000	0.706	0.889	1.108	1.397	1.860	2.306	2.896	3.355	4.501	5.041
9	0.000	0.703	0.883	1.100	1.383	1.833	2.262	2.821	3.250	4.297	4.781
10	0.000	0.700	0.879	1.093	1.372	1.812	2.228	2.764	3.169	4.144	4.587
11	0.000	0.697	0.876	1.088	1.363	1.796	2.201	2.718	3.106	4.025	4.437
12	0.000	0.695	0.873	1.083	1.356	1.782	2.179	2.681	3.055	3.930	4.318
13	0.000	0.694	0.870	1.079	1.350	1.771	2.160	2.650	3.012	3.852	4.221
14	0.000	0.692	0.868	1.076	1.345	1.761	2.145	2.624	2.977	3.787	4.140
15	0.000	0.691	0.866	1.074	1.341	1.753	2.131	2.602	2.947	3.733	4.073
16	0.000	0.690	0.865	1.071	1.337	1.746	2.120	2.583	2.921	3.686	4.015
17	0.000	0.689	0.863	1.069	1.333	1.740	2.110	2.567	2.898	3.646	3.965
18	0.000	0.688	0.862	1.067	1.330	1.734	2.101	2.552	2.878	3.610	3.922
19	0.000	0.688	0.861	1.066	1.328	1.729	2.093	2.539	2.861	3.579	3.883
20	0.000	0.687	0.860	1.064	1.325	1.725	2.086	2.528	2.845	3.552	3.850
21	0.000	0.686	0.859	1.063	1.323	1.721	2.080	2.518	2.831	3.527	3.819
22	0.000	0.686	0.858	1.061	1.321	1.717	2.074	2.508	2.819	3.505	3.792
23	0.000	0.685	0.858	1.060	1.319	1.714	2.069	2.500	2.807	3.485	3.768
24	0.000	0.685	0.857	1.059	1.318	1.711	2.064	2.492	2.797	3.467	3.745
25	0.000	0.684	0.856	1.058	1.316	1.708	2.060	2.485	2.787	3.450	3.725
26	0.000	0.684	0.856	1.058	1.315	1.706	2.056	2.479	2.779	3.435	3.707
27	0.000	0.684	0.855	1.057	1.314	1.703	2.052	2.473	2.771	3.421	3.690
28	0.000	0.683	0.855	1.056	1.313	1.701	2.048	2.467	2.763	3.408	3.674
29	0.000	0.683	0.854	1.055	1.311	1.699	2.045	2.462	2.756	3.396	3.659
30	0.000	0.683	0.854	1.055	1.310	1.697	2.042	2.457	2.750	3.385	3.646
40	0.000	0.681	0.851	1.050	1.303	1.684	2.021	2.423	2.704	3.307	3.551
60	0.000	0.679	0.848	1.045	1.296	1.671	2.000	2.390	2.660	3.232	3.460
80	0.000	0.678	0.846	1.043	1.292	1.664	1.990	2.374	2.639	3.195	3.416
100	0.000	0.677	0.845	1.042	1.290	1.660	1.984	2.364	2.626	3.174	3.390
1000	0.000	0.675	0.842	1.037	1.282	1.646	1.962	2.330	2.581	3.098	3.300
Z	0.000	0.674	0.842	1.036	1.282	1.645	1.960	2.326	2.576	3.090	3.291
	0%	50%	60%	70%	80%	90%	95%	98%	99%	99.8%	99.9%
	Confidence Level										

TABLE C: Chi-Squared Distribution Values for Various Right-Tail Probabilities



df	Right-Tail Probability						
	0.250	0.100	0.050	0.025	0.010	0.005	0.001
1	1.32	2.71	3.84	5.02	6.63	7.88	10.83
2	2.77	4.61	5.99	7.38	9.21	10.60	13.82
3	4.11	6.25	7.81	9.35	11.34	12.84	16.27
4	5.39	7.78	9.49	11.14	13.28	14.86	18.47
5	6.63	9.24	11.07	12.83	15.09	16.75	20.52
6	7.84	10.64	12.59	14.45	16.81	18.55	22.46
7	9.04	12.02	14.07	16.01	18.48	20.28	24.32
8	10.22	13.36	15.51	17.53	20.09	21.96	26.12
9	11.39	14.68	16.92	19.02	21.67	23.59	27.88
10	12.55	15.99	18.31	20.48	23.21	25.19	29.59
11	13.70	17.28	19.68	21.92	24.72	26.76	31.26
12	14.85	18.55	21.03	23.34	26.22	28.30	32.91
13	15.98	19.81	22.36	24.74	27.69	29.82	34.53
14	17.12	21.06	23.68	26.12	29.14	31.32	36.12
15	18.25	22.31	25.00	27.49	30.58	32.80	37.70
16	19.37	23.54	26.30	28.85	32.00	34.27	39.25
17	20.49	24.77	27.59	30.19	33.41	35.72	40.79
18	21.60	25.99	28.87	31.53	34.81	37.16	42.31
19	22.72	27.20	30.14	32.85	36.19	38.58	43.82
20	23.83	28.41	31.41	34.17	37.57	40.00	45.32
25	29.34	34.38	37.65	40.65	44.31	46.93	52.62
30	34.80	40.26	43.77	46.98	50.89	53.67	59.70
40	45.62	51.80	55.76	59.34	63.69	66.77	73.40
50	56.33	63.17	67.50	71.42	76.15	79.49	86.66
60	66.98	74.40	79.08	83.30	88.38	91.95	99.61
70	77.58	85.53	90.53	95.02	100.4	104.2	112.3
80	88.13	96.58	101.8	106.6	112.3	116.3	124.8
90	98.65	107.6	113.1	118.1	124.1	128.3	137.2
100	109.1	118.5	124.3	129.6	135.8	140.2	149.5

Source: Calculated using *StaTable*, software from Cytel Software, Cambridge, MA.