

**Tehtävä 1.**

- Selitä lyhyesti geneettisen lajiutumisen mekanismit.
- Tarkastellaan diploidipopulaatiota ja kahden alleelin (A,a) geeniä, joiden alleelifrekvenssejä merkitään  $p = \text{Freq}(A) = 0.4$  ja  $q = \text{Freq}(a) = 0.6$ . Oletetaan että populaatio on Hardy-Weinbergin tasapainotilassa muiden tekijöiden suhteen mutta genotyyppien AA, Aa ja aa suhteelliset kelpoisuudet ovat  $W_{AA} = 1$ ,  $W_{Aa} = 0.3$  ja  $W_{aa} = 0.1$ . Laske kahden seuraavan sukupolven genotyyppi- ja alleelifrekvenssit.

**Tehtävä 2.**

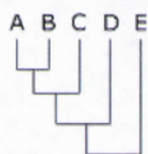
- Selvitä lyhyesti kytkentäanalyysin ja assosiaatioanalyysin peruseriaatteet ja eroavaisuudet.
- Valitse **jompikumpi** allaolevista testeistä ja selitä sen periaate yksityiskohtaisesti
  - TDT-testi (Transmission-Disequilibrium Test)
  - ASP-testi (Affected sib pair)

**Tehtävä 3.**

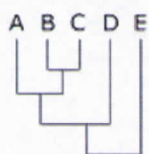
- Selitä hyvin lyhyesti Bayes-verkon periaate.
- Piirrä Bayes-verkko, joka kuvaa satunnaismuuttujien A,B,C,D,E,F yhteisjakaumaa  $P(A,B,C,D,E)$ , kun tiedetään että  $P(A,B,C,D,E) = P(A) P(B) P(C|A,B) P(D|B) P(E|C,D)$
- Olkoon jokainen muuttuja A,B,C,D,E kaksiarvoinen TOSI/EPÄTOSI ja muuttujien ehdollisia jakaumia esitetään multinomijakaumalla. Lisää Bayes-verkon solmuihin taulukot, jotka sisältävät kaikki parametrit muuttujien yhteistodennäköisyyden laskemiseksi. Vertaa taulukoiden kokoa yhteisjakauman  $P(A,B,C,D,E)$  todennäköisyyksien taulukointiin suoraan.

**Tehtävä 4.**

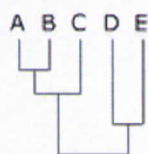
- Selitä mikä on *Bonferroni*-korjaus ja johda korjaus  $N$  testille kun väärän positiivisen todennäköisyys yhdessä testissä on  $p$ .
- Piirrä 50% enemmistösääntöpuu seuraaville kladogrammeille



Tree 1



Tree 2



Tree 3