



ارائه شده توسط:

سایت ترجمه فا

مرجع جدیدترین مقالات ترجمه شده

از نشریات معتبر

# الگوهای تکاملی مولکولی در پروتئین مربوط به پاتوژنز

## چکیده مقاله:

ژن کد 13 کلاسی از پروتئین مربوط به پاتوژنز برای انتخاب مثبت با استفاده از حداکثر احتمال مدل جایگزینی کردن مورد بررسی قرار گرفت. این بررسی شامل 194 توالی از 54 گونه متعلق به 37 جنس است اگرچه اندازه توالی از 237 جفت باز برای پروتئین مربوط به پاتوژنز 12 به 110 جفت باز متنوع مورد بررسی قرار گرفت. پروتئین پاتوژنز 7 بیشتر کلاسها (9-10-11-12-13) از دنباله ایی بیش از 400 نوکلئوتید ساخته شده است. نشانه های مثبت انتخاب شده رد پروتئینهای 9، 6، 8، و 15 با استفاده از روش بیزی، احتمال و آزمون نسبت به دست آمد. نتایج اهمیت انتخاب مثبت در پروتئین مربوطه به مکانیسم های دفاعی در حال حاضر در طیف وسیعی از موجودات زنده مشاهده شده است.

واژه های کلیدی: پروتئینهای مربوط به پاتوژنز، تنوع مولکولی، انتخاب مثبت، روش حداکثر احتمال دریافت شده (سپتامبر 2003 و 2004 پذیرفته شده 31 مارس).

## مقدمه و معرفی

پروتئین مربوط به پاتوژنز (PR) توسط میزبان گیاهان در پاسخ به موقعیت های آسیب شناختی کد گذاری می شود و به طو معمولی تجمع آنها نه تنها بصورت محلی در محل عفونت می باشد بلکه عفونت سیستمیک توسط باکتریها، قارچها و یا ویروس ها و یا القاء آنها توسط عوامل استرس زنده می باشد. این پروتئین ها دارای یک آرایه وسیعی از توابع است که شامل هیدرولازها، فاکتورهای ونویس. پروتئاز مهار کننده، آنزیم های مرتبط با سوخت و مرتبط با سوخت و سازهای مختلف مسیر و و محصولات آلرژی زا می باشد. نقشهای کاربردی پروتئین مربوط به پاتوژنز به تعدادی از پروتئین های داخل یوکاریوتها و پروتئین های داخل سلولی درگیر توابع بسیار متمایز مثل گلبکوپروتئینهای اسپرم، فرآیند بلوغ در جوندگان، پروتئین ها در دانه و یا توسعه گل و تمایز آن مربوط می شود بنابراین عملکرد دفاعی پروتئین مربوط به پاتوژنز، پروتئین پس از ظهور آنها به عنوان خانواده ژن تکامل یافته است.

روشن است که پروتئین مربوط به پاتوژن PR نه تنها مهم هستند بلکه گیاهان هرگونه تلاشی را برای بهبود خود از طریق انتخاب مصنوعی انجام می دهند. در نتیجه علاقه برای ایجاد چگونگی فرآیند این پروتئینها به طور طبیعی تکامل یافته است. نظریه تکامل مولکولی Neutralist بیان می کند که اکثر نوکلئوتیدها و اسیدآمینها تعویضی هیچ عواقب تطبیقی ندارند، اگرچه آزمایش توسعه به منظور بررسی این فرض انجام می شود. در برخی موارد رد یک مدل به شدت بی طرف قادر به تشخیص انواع مختلف انتخاب طبیعی می باشد. یک روش قدرتمند برای شناسایی انتخاب مثبت در سطح مولکولی مقایسه مترادف (DS) و غیرمترادف (DN) است که نرخ جایگزینی در ژن که کد برای پروتئین ها با استفاده از بیان DN/DS می باشد. اگر پاسخ DN/DS بیشتر از یک //تغییرات اسید آمینه سودمند هستند سودمند هستند و بالعکس اگر DN/DS کمتر از یک شد تغییرات اسیدآمینه مضر می باشند. با جهش خنثی میزان بازده برابر 1 خواهد بود. با این حال این نسبت ساده برای نرخ متغییر انتخاب مناسبی نیست به جای آن مدل های مبتنی بر کدون مناسب توسعه داده شده است. مجموعه ای از 14 مدل مختلف (M0-M13) به طور کامل مورد بررسی قرار گرفت. نسبت بین سایت ها در هر مدل با فرض مختلفی در مورد توزیع در طبیعت است که می تواند به آن توجه کرد. با این حال برخی از این مدل سخت استفاده کرده و تنها مدل های 0(یک نسبت) می باشد، 1(خنثی)، 2(انتخاب)، 3(گسسته)، 7(بتا) و 8(بتا و ...) است که توسط یانگ و همکاران توصیه می شود.

موضوع مقاله حاضر یک بررسی اولیه ساختار نمایندگان 13 از 15 خانواده پروتئین مربوط به پاتوژن (PR) است و جستجو برای شواهدی از انتخابهای مثبت انجام می پذیرد جستجو منجر به شناسایی سایت های مختلفی است که در آن فرآیندهایی احتمالاً اتفاق می افتد.

Family	Properties	Other remarks
1	Unknown	Specific members have antifungal activities
2	Beta-1,3 glucanase	A tryptophan residue is important in the interaction with the glucan substrate
3	Chitinases types I, II, IV, V, VI, VII	Activities on colloidal chitin may vary over 100-fold
4	Chitinases types I, II	Typical members are barwins, extracted from barley
5	Thaumatin-like	Intensely sweet tasting, they are involved both in the acquired systemic resistance and reaction to stress
6	Proteinase-inhibitor	Implicated in defense against insects and other herbivores, microorganisms, and nematodes
8	Chitinase type III	Basic isoforms possess substantial lysozyme activity
9	Peroxidase	They strengthen plant cell walls by catalyzing lignin deposition in reaction to microbial attack
10	Ribonuclease-like	Typical members are the plant allergens of the Bet v 1 multigenic family
12	Defensin or gamma-purothionin	Antifungal activity well-recognized, rich in cystein residues, widely distributed
13	Thionin	Their type member is not elicited by salicylates, suggesting a different activation route
14	Lipid-transfer protein	They transfer phospholipids between two membranes <i>in vitro</i> , and probably insert themselves in the pathogen cell membrane, its central hydrophobic cavity forming a pore that leads to intracellular ion loss and its death
15	Oxalate oxidase	Typical members are the germins, also involved in seed germination

جدول 1

PR proteins	Accession numbers of the sequences
PR1	P35792, P35793, Q05968, Q43489, Q04108, P04284, P07053, P08299, P09042, Q40397, Q40557, Q9SC15, Q941G6, O82714, Q94F73
PR2	Q01413, P23431, P23432, P23433, P23546, P23547, P27666, P52399, O65360, P52401
PR3	O22065, O22066, O22067, O22068, O22069, O22070, O22071, O22072, O22073, O22074, O22075, O22076, P19172, Q9XFW7, O23803, O23804, O23805, O23806
PR4	P43082, O48880, P02877, P93180, P32045, P29062, P29063, Q40558, P09762, O64392, O64393, O81228, Q41802
PR5	P50695, P50696, P50697, P50698, Q9ARG0, Q9SMH2, CAB99485, P32937, P32938, P12670, Q9M3X2, O82546, Q9FSG7, Q40428, P14170, P25871, Q40529, Q94JN9, P50694, O80327, Q9S776, Q9ZSN0, P50701, P50702, Q9FT35, P27357, Q94F70
PR6	P05118, P20076, P16231, Q03198, Q03199, Q02214, AAA697, P08454, Q00783, Q07459, Q41434, Q43648, Q43651
PR8	P1971, Q9S838, Q9SXJ2, Q9SXJ3, Q9SSXJ4, Q9S7J5, Q9M7H3, Q9M7H4, Q9M7H2, Q9M7H0, Q9M7H1, Q9SXJ1, Q9M7G7, Q9M7G9, Q9M7G6, Q9M7H5, Q9M7G4, Q9M7G0, Q9M7G1, Q9M7G2, Q9M7F9, Q9M7F7, Q9M7F4, Q9M7F5, Q9M7G5
PR9	Q8S3U4, Q8RVP3, Q42905, Q40949, Q40950, Q43049, Q43050, Q43051, Q43099, Q43100, Q43101, Q43102
PR10	P49372, P15494, P43176, P43177, P43178, P43179, P43180, P43183, P43184, P43185, P43186, P45431, P26987, P19417, P19418, P27538, P25985, P25986, P13239, P14710, P27047
PR12	P30225, Q39313, Q94IN7, Q9FS38, O24331, O24332, P30230
PR13	P08772, P09617, P09618, P21742, Q42838, Q9ZNY5, P01543, P32032, Q9T0P2, Q43205
PR14	Q42614, Q42615, Q42616, Q42642, Q43304, O49200, Q9FVA5, Q9M6B6, Q9M6B8, Q43129, P27056, P93224, Q03461, Q42952
PR15	O24004, P45851, Q8L696, Q8L697, Q9FEW6, P15290, P26759, P93598, P93600

## جدول 2

Pathogenesis-related proteins	Number of sequences	Number of species	Sizes of sequences (bp)	Aligned nucleotides	Kappa (ts/v) <sup>1</sup>	Relative sequence divergence
PR1	15	5	477-504	513	2.11	0.185
PR2	10	4	1026-1110	1134	1.76	0.234
PR3	18	3	795-906	906	1.73	0.423
PR4	13	10	348-360	360	1.58	0.314
PR5	28	15	507-753	840	1.64	0.235
PR6	13	5	282-357	357	1.50	0.131
PR8	25	13	867-1005	1047	2.75	0.027
PR9	12	6	909-978	978	2.09	0.254
PR10	21	6	462-480	483	1.45	0.210
PR12	7	4	237-240	240	3.40	0.126
PR13	10	3	408-411	414	2.09	0.125
PR14	14	5	342-360	363	1.54	0.216
PR15	9	3	669-672	672	3.42	0.149

## جدول 3

PRs	Model	Parameters <sup>1</sup>	<i>l</i>	Sites showing indications of positive selection <sup>2</sup>	
PR1	M0	$\omega = 0.199$	<i>l</i> = -2605.91	None	
	M1	$p_0 = 0.387, p_1 = 0.613$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1$	<i>l</i> = -2592.21	Not allowed	
	M2	$p_0 = 0.357, p_1 = 0.077, p_2 = 0.566$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1, \omega_2 = 0.302$	<i>l</i> = -2552.83	None	
	M3	$p_0 = 0.363, p_1 = 0.602, p_2 = 0.034$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 0.331, \omega_2 = 1.707$	<i>l</i> = -2552.03	81 (1.640), 97 (1.646)	
	M7	$p = 0.416, q = 1.178$	<i>l</i> = -2556.61	Not allowed	
	M8	$p_0 = 0.675, p = 1.935, q = 3.227$ $p_1 = 0.325, \omega = 0$	<i>l</i> = -2556.22	None	
	PR2	M0	$\omega = 0.156$	<i>l</i> = -4119.33	None
		M1	$p_0 = 0.379, p_1 = 0.621$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1$	<i>l</i> = -4165.12	Not allowed
M2		$p_0 = 0.334, p_1 = 0, p_2 = 0.666$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1, \omega_2 = 0.278$	<i>l</i> = -4080.21	None	
M3		$p_0 = 0.470, p_1 = 0.224, p_2 = 0.306$ $\omega_0 = 0.027, \omega_1 = 0.335, \omega_2 = 0.335$	<i>l</i> = -4078.25	None	
M7		$p = 0.636, q = 2.574$	<i>l</i> = -4080.19	Not allowed	
M8		$p_0 = 0.729, p = 2.445, q = 6.83$ $p_1 = 0.271, \omega = 0$	<i>l</i> = -4078.94	None	
PR3		M0	$\omega = 0.235$	<i>l</i> = -3930.95	None
		M1	$p_0 = 0.059, p_1 = 0.941$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1$	<i>l</i> = -4000.91	Not allowed
	M2	$p_0 = 0.037, p_1 = 0.104, p_2 = 0.858$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1, \omega_2 = 0.205$	<i>l</i> = -3917.65	None	
	M3	$p_0 = 0.036, p_1 = 0.833, p_2 = 0.131$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 0.196, \omega_2 = 0.851$	<i>l</i> = -3917.48	None	
	M7	$p = 1.774, q = 4.783$	<i>l</i> = -3920.67	Not allowed	
	M8	$p_0 = 0.893, p = 3.820, q = 14.977$ $p_1 = 0.107, \omega = 0.876$	<i>l</i> = -3919.26	None	

PRs	Model	Parameters <sup>1</sup>	<i>I</i>	Sites showing indications of positive selection <sup>2</sup>	
PR4	M0	$\omega = 0.117$	<i>I</i> = -2421.80	None	
	M1	$p_0 = 0.441, p_1 = 0.559$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1$	<i>I</i> = -2423.41	Not allowed	
	M2	$p_0 = 0.483, p_1 = 0.494, p_2 = 0.023$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1, \omega_2 = 6.565$	<i>I</i> = -2417.28	99 (6.427)	
	M3	$p_0 = 0.579, p_1 = 0.401, p_2 = 0.020$ $\omega_0 = 0.011, \omega_1 = 0.290, \omega_2 = 1.985$	<i>I</i> = -2328.82	27 (1.941), 99 (1.985)	
	M7	$p = 0.272, q = 1.426$	<i>I</i> = -2332.36	Not allowed	
	M8	$p_0 = 0.983, p = 0.323, q = 2.114$ $p_1 = 0.017, \omega = 2.098$	<i>I</i> = -2329.67	99 (2.060)	
	PR5	M0	$\omega = 0.148$	<i>I</i> = -5352.25	None
		M1	$p_0 = 0.187, p_1 = 0.813$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1$	<i>I</i> = -5521.84	Not allowed
M2		$p_0 = 0.230, p_1 = 0.770, p_2 = 0$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1, \omega_2 = 999.0$	<i>I</i> = -5519.66	None	
M3		$p_0 = 0.218, p_1 = 0.538, p_2 = 0.243$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 0.127, \omega_2 = 0.440$	<i>I</i> = -5238.33	None	
M7		$p = 0.664, q = 3.033$	<i>I</i> = -5242.50	Not allowed	
M8		$p_0 = 1, p = 0.664, q = 3.033$ $p_1 = 0, \omega_2 = 2.123$	<i>I</i> = -5242.50	None	
PR6		M0	$\omega = 0.460$	<i>I</i> = -1339.56	None
		M1	$p_0 = 0.314, p_1 = 0.686$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1$	<i>I</i> = -1322.46	Not allowed
	M2	$p_0 = 0.315, p_1 = 0.668, p_2 = 0.016$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1, \omega_2 = 8.045$	<i>I</i> = -1314.11	25 (8.040), 84 (7.903)	
	M3	$p_0 = 0.625, p_1 = 0.362, p_2 = 0.013$ $\omega_0 = 0.145, \omega_1 = 1.061, \omega_2 = 6.328$	<i>I</i> = -1305.29	2 (1.082), 12 (1.586), 19 (1.026), 21 (1.113), 22 (1.017), 25 (6.291), 35 (1.072), 36 (1.057), 39 (1.058), 47 (1.289), 52 (1.072), 54 (1.027), 62 (1.129), 64 (1.063), 78 (1.190), 84 (5.882), 86 (1.046)	
	M7	$p = 0.373, q = 0.497$	<i>I</i> = -1312.53	Not allowed	
	M8	$p_0 = 0.986, p = 0.440, q = 0.533$ $p_1 = 0.014, \omega = 5.606$	<i>I</i> = -1306.48	25 (5.593)	
	PR8	M0	$\omega = 0.292$	<i>I</i> = -2906.21	None
		M1	$p_0 = 0.669, p_1 = 0.331$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1$	<i>I</i> = -2859.22	Not allowed
M2		$p_0 = 0.667, p_1 = 0.309, p_2 = 0.024$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1, \omega_2 = 5.152$	<i>I</i> = -2848.98	128 (5.065), 131 (5.070), 248 (3.174)	
M3		$p_0 = 0.543, p_1 = 0.406, p_2 = 0.051$ $\omega_0 = 0.019, \omega_1 = 0.361, \omega_2 = 3.097$	<i>I</i> = -2838.15	128 (3.096), 131 (3.097), 145 (2.994), 211 (3.096), 221 (3.093), 248 (3.096), 279 (3.054)	
M7		$p = 0.124, q = 0.370$	<i>I</i> = -2853.46	Not allowed	
M8		$p_0 = 0.953, p = 0.426, q = 1.992$ $p_1 = 0.046, \omega = 3.234$	<i>I</i> = -2838.15	128 (3.229), 131 (3.231), 211 (3.228), 221 (3.218), 248 (3.228), 279 (3.113)	
PR9		M0	$\omega = 0.227$	<i>I</i> = -6058.13	None
		M1	$p_0 = 0.407, p_1 = 0.593$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1$	<i>I</i> = -5976.13	Not allowed
	M2	$p_0 = 0.425, p_1 = 0.550, p_2 = 0.025$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1, \omega_2 = 5.070$	<i>I</i> = -5962.79	45 (5.291), 155 (4.820), 161 (5.089)	
	M3	$p_0 = 0.322, p_1 = 0.455, p_2 = 0.223$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 0.161, \omega_2 = 0.967$	<i>I</i> = -5845.29	None	
	M7	$p = 0.269, q = 0.741$	<i>I</i> = -5850.23	Not allowed	
	M8	$p_0 = 0.978, p = 0.311, q = 0.980$ $p_1 = 0.022, \omega = 2.461$	<i>I</i> = -5843.25	45 (2.394), 161 (2.438)	

PRs	Model	Parameters <sup>1</sup>	<i>I</i>	Sites showing indications of positive selection <sup>2</sup>	
PR10	M0	$\omega = 0.249$	<i>I</i> = -3982.76	None	
	M1	$p_0 = 0.343, p_1 = 0.857$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1$	<i>I</i> = -4022.14	Not allowed	
	M2	$p_0 = 0.158, p_1 = 0.823, p_2 = 0.019$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1, \omega_2 = 6.189$	<i>I</i> = -4018.33	98 (5.900)	
	M3	$p_0 = 0.445, p_1 = 0.517, p_2 = 0.038$ $\omega_0 = 0.083, \omega_1 = 0.468, \omega_2 = 1.445$	<i>I</i> = -3927.47	None	
	M7	$p = 0.802, q = 1.632$	<i>I</i> = -3926.73	Not allowed	
	M8	$p_0 = 0.986, p = 0.877, q = 1.913$ $p_2 = 0.014, \omega = 1.879$	<i>I</i> = -2838.15	None	
	PR12	M0	$\omega = 0.161$	<i>I</i> = -744.54	None
	M1	$p_0 = 0.725, p_1 = 0.275$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1$	<i>I</i> = -739.39	Not allowed	
PR12	M2	$p_0 = 0, p_1 = 0.129, p_2 = 0.871$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1, \omega_2 = 0.060$	<i>I</i> = -735.63	None	
	M3	$p_0 = 0.268, p_1 = 0.602, p_2 = 0.131$ $\omega_0 = 0.059, \omega_1 = 0.059, \omega_2 = 0.989$	<i>I</i> = -735.63	None	
	M7	$p = 0.158, q = 0.738$	<i>I</i> = -735.99	Not allowed	
	M8	$p_0 = 0.992, p = 0.234, q = 1.276$ $p_2 = 0.008, \omega = 7.187$	<i>I</i> = -733.88	None	
	PR13	M0	$\omega = 0.392$	<i>I</i> = -1519.56	None
		M1	$p_0 = 0.340, p_1 = 0.660$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1$	<i>I</i> = -1517.22	Not allowed
		M2	$p_0 = 0, p_1 = 0.292, p_2 = 0.708$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1, \omega_2 = 0.183$	<i>I</i> = -1508.83	None
		M3	$p_0 = 0.498, p_1 = 0.264, p_2 = 0.238$ $\omega_0 = 0.208, \omega_1 = 0.208, \omega_2 = 1.200$	<i>I</i> = -1508.65	56 (1.172), 67 (1.190), 70 (1.185), 71 (1.158), 78 (1.157), 118 (1.178), 137 (1.196)
M7		$p = 0.595, q = 0.831$	<i>I</i> = -1510.31	Not allowed	
M8		$p_0 = 1, p = 0.595, q = 0.831$ $p_2 = 0, \omega = 3.253$	<i>I</i> = -1510.31	None	
PR14		M0	$\omega = 0.283$	<i>I</i> = -2199.44	None
		M1	$p_0 = 0.338, p_1 = 0.663$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1$	<i>I</i> = -2171.57	Not allowed
	M2	$p_0 = 0.282, p_1 = 0.311, p_2 = 0.406$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1, \omega_2 = 0.241$	<i>I</i> = -2150.59	None	
	M3	$p_0 = 0.503, p_1 = 0.191, p_2 = 0.306$ $\omega_0 = 0.046, \omega_1 = 0.676, \omega_2 = 0.676$	<i>I</i> = -2148.94	None	
	M7	$p = 0.330, q = 0.564$	<i>I</i> = -2149.39	Not allowed	
	M8	$p_0 = 0.545, p = 0.902, q = 12.034$ $p_2 = 0.455, \omega = 0.708$	<i>I</i> = -2148.85	None	
	PR15	M0	$\omega = 0.066$	<i>I</i> = -2510.46	None
		M1	$p_0 = 0.670, p_1 = 0.330$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1$	<i>I</i> = -2506.11	Not allowed
M2		$p_0 = 0.433, p_1 = 0.013, p_2 = 0.554$ $\omega_0 = 0, \omega_1 = 1, \omega_2 = 0.106$	<i>I</i> = -2494.91	None	
M3		$p_0 = 0.752, p_1 = 0.245, p_2 = 0.003$ $\omega_0 = 0.025, \omega_1 = 0.189, \omega_2 = 4.016$	<i>I</i> = -2493.38	48 (4.009)	
M7		$p = 0.454, q = 5.598$	<i>I</i> = -2498.05	Not allowed	
M8		$p_0 = 0.997, p = 0.614, q = 8.438$ $p_2 = 0.003, \omega = 4.007$	<i>I</i> = -2493.42	48 (3.999)	

جدول 4

-مواد و روش ها:

بازیابی داده ها

توالی DNA بانکی هستند که به عنوان منابع برای پروتئین استفاده می شود که در چند مورد لارو//// از آنها نیز استفاده شده است. این بانک و چند ابزار دیگر را می توانید در سیستم تجزیه و تحلیل پروتئین کارشناس (Expassy) در برداشت.

چندین ابزار جستجو را با هدف مورد استفاده قرار گرفت. این جستجو شامل تمام توالی مثبت شده تا به حال می باشد. ابزاری که به عنوان کارآمدترین راه به رسمیت شناخته شده شناسایی توالی در دسترس بود. این روش برای به دست آوردن بیشتر از توالی مورد استفاده قرار گرفت. برای توالی ناقص این توصیف مفید بود. چون امکان چند روش جستجو، یعنی کتابشناختی مرجع، ارگانسیم، نام ژن و یا دسترسی کد به وسیله آن امکانپذیر بود.



## روش شناسی:

توالی های DNA با چند تراز از وسط قرار دارد. اصطلاحات تجاری در این مقاله براساس الگوی کدون به دست آمده از برنامه DNA Tagger (Ddna تایگر) این برنامه برنامه رنگ بر برای DNA و جزء صف بندی های برنامه نویس می باشد.

فیلوژنیها برای هر یک از خانواده ها وجود دارد و در واقع حداکثر احتمال و روش های همسایه پیوستن با استفاده از گزینه فاصله (P) و مدل جایگزین HKY می باشد.

در فرآیند توپولوژی درخت حاصل برای محاسبه طول شاخه با استفاده از MO استفاده می شود. اندازه گیری نسبی توالی با استفاده از محاسبه متوسط تعداد نوکلئوتید و تغییر در کدون هر شاخه است که با فرمول  $S/(2T-3)$  ( که در آن  $2T-3$  تعداد شاخه های یک درخت unrooted از  $t$  گونه و  $s$  تعداد تعویض نوکلئوتید در هر کدون همراه درخت است نمایش می دهند.

پس از آن تجزیه و تحلیل با استفاده از حداکثر احتمال مدل های توصیه شده توسط یانگ و همکاران به اجرا درآمد. در برنامه paml همه مدلها با استفاده از گزینه  $F 3 \times 4$  در برنامه PAML که در آن انتظار می رود فرکانس کدون بر فرکانس نوکلئوتید در سه موقعیت کدون رخ می دهد اجرا می شود. این مدل یک نسبت  $(M_0)$  است، نسبت برای تمام سایت های مدل های خنثی  $(M_1)$  پیش فرض  $P_0$  و نسبت سایتهای حفاظت شده با  $0=0$  و  $1-P_0 = P_1$  از سایتهای بی طرف با  $1=1$  خواهد بود. اگر این موارد اتفاق افتاد اگر تقریباً همه تعویض ها غیر مترادف بود هر دو زیان و یا خنثی است. مدل انتخاب مثبت  $M_2$  کلاسهای اضافی با فرکانس  $P_2 = 1 - P_0 - P_1$  و  $P_2$  از داده ها برآورد شده است. در مدل گسسته  $(M_3)$ ، احتمالات  $(P_2, P_0, P_1)$  هر یک بر انتخاب تمیز کردن ارائه شده در واقع انتخاب بی طرف و انتخاب مثبت به ترتیب به نسبت  $(0, 1, 2)$  از داده ها بدست آمد. مدل بتا  $(M_7)$  آزمون تهی برای انتخاب مثبت است با فرض توزیع بتا بین  $0$  و  $1$  در نهایت بتا و مدل  $(M_8)$  یک کلاس فوق العاده با همان نسبت  $1$  را می افزاید.

به منظور بررسی احتمال آزمون نسبت (LRT) مورد استفاده قرار گرفت. در اینجا برای هر مقایسه ای دوجه دو بررسی انجام می دهیم. به طور مثال  $(M_1)$  در مقابل  $M_0$  و  $M_2$  در مقابل  $(M_7)$  و  $(M_3)$  در مقابل  $(M_8)$  و  $M_{8a}$  (بتا=1) در مقابل  $(M_8)$  (بتا=1) قرار می دهیم LRT انجام یک مقایسه از احتمال نمرات از این

دو مدل با محدودیت  $=1$  و بدون محدودیت برابر  $LR=2(\ln 1 - \ln m)$  می باشد. آمار  $LRT$  برابر است با حدود شرح توزیع  $K_2$  و تعداد درجه آزادی به تعداد اضافی برابر است با این پارامترها در مدل پیچیده تر. از واگرایی دنباله و دقت و قدرت آزمون نسبت احتمال در تشخیص انتخاب مثبت استفاده می کنیم.

### نتایج:

مشخصات اصلی 13 خانواده از 14 خانواده پروتئین مربوط به پاتوژن  $RR$  به رسمیت شناخته شده است. همانطور که در مقدمه ذکر شد، این پروتئینها دارای آرایه وسیعی از اشکال با خواص متفاوت می باشند، اما آنها می توانند با هم به دلیل عملکردی که در دفاع گیاه برای آنها در نظر گرفته شده وارد عمل شوند. پروتئینهای مربوط به پاتوژن مورد مطالعه که الحاق اعداد در بانک داده ها در جدول 2 نشان داده شده اند ویژگیهای اصلی آنها در جدول 3 ذکر شده است.

آنها بطور قابل توجهی با اندازه متنوع تنها 237 جفت باز ( $PR12$ ) تا 110 جفت باز ( $PR2$ ) تشکیل شده اند. دوم اینکه  $4/7$  بار بزرگتر از اولین فاصله برای نرخ انتقال/مقاطع از  $1/45$  بود ( $PR10$ ) به  $3/42$  ( $PR15$ ) بود. در حالیکه محدوده توالی نسبی واگرایی بین  $0/027$  ( $PR8$ ) و  $0/423$  ( $PR3$ ) می باشد.

جدول 4 لیست برآورد پارامتر و مقادیر در زیر مدل های متغیر می باشد. نسبت بین سایت و کسانی که با مدل  $Mo\ operation$  کار کردند که فرض بر این است که نرخ مشابه برای سایتها در نظر می گیرند.

نتایجی که به دست می آید این است که برای پروتئین 12، 5، 3، 2،  $PR2$  منفی بود در حالیکه برای پروتئینهای 10،  $PR1$  و 13 در مرز بود. این موضوع بیانگر این می باشد که نشانه های قابل توجهی برای انتخاب مثبت برای یکی از مدل ها از سایر مدل با هیچ مدرکی برای اثبات پیشنهاد مطرح نشده است.

در مقابل داده ها را برای  $PR$  پروتئینهای 4، 6، 8، 9، 15 نفر از جالب ترین و از سال تجزیه و تحلیل  $ML$  و انتخاب مثبت برای آن دسته از پروتئینهایی استنباطی در بیش از یک مدل بررسی می کنیم. در پروتئین 6،  $PR4$  و 8 همه مدل برای حضور انتخاب مثبت از طریق سایت مورد بررسی قرار گرفت. وجود این سایت ها نشان می دهد که برای پروتئین 15،  $PR9$  فقط دو نفر از آنها اجازه می دهند به همان نتیجه برسند.

با این حال آزمون نسبت احتمال ( $LRTS$ ) به منظور بررسی اهمیت آماری از نظر متفاوت بودن بین مدل های تهی ( $M_7, M_0, M_1$ ) و سایر مدل ها مورد نیاز می باشد.

ما در اینجا بررسی محاسبه چهار (LRTS) که  $M_0$  با مقایسه  $M_1, M_3, M_7$  با  $M_2, M_8$  با  $M_8$ ،  $M_{8a}$ ،  
دومی به عنوان یک روش قابل دسترس در برنامه PAML می باشد. که در آن  $M_{8a}$  تهی مساوی 1 است با  $M_8$   
آل Terna tire که در محدودیت می باشد که باید یا مساوی یا بیشتر از یک باشد. نتایج قابل توجهی از این lrts  
در جدول شماره 5 نشان داده شده است.



این مقاله، از سری مقالات ترجمه شده رایگان سایت ترجمه فا میباشد که با فرمت PDF در اختیار شما عزیزان قرار گرفته است. در صورت تمایل میتوانید با کلیک بر روی دکمه های زیر از سایر مقالات نیز استفاده نمایید:

لیست مقالات ترجمه شده ✓

لیست مقالات ترجمه شده رایگان ✓

لیست جدیدترین مقالات انگلیسی ISI ✓

سایت ترجمه فا ؛ مرجع جدیدترین مقالات ترجمه شده از نشریات معتبر خارجی