

研究论文

一种在核苷酸水平检测自然选择的新方法

李昕^{1, 2}, 陈宏^{1, 3}, 王文²

1. 西北农林科技大学 动物科技学院, 陕西 杨陵 712100 2. 中国科学院昆明动物研究所 细胞与分子进化重点实验室, 中德马普青年科学家小组, 云南 昆明 650223 3. 徐州师范大学 生物技术研究所, 江苏 徐州 221116

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 非编码区序列在基因表达调控中起着重要作用, 但其在进化过程中是否受到选择作用一直较难检测。最近有一些研究使用平均的核苷酸替换速率与中性序列的核苷酸替换速率的比值(ω)作为检测非编码区总体受选择作用的指标; 但是对于非编码区而言, 了解具体哪些核苷酸受到选择作用更具有意义。我们借鉴Nielsen & Yang (1998)检测单个氨基酸位点是否受选择作用的思路, 在最大似然法的模型下, 提出一种在核苷酸位点水平上对自然选择作用检测的方法。本方法能够检测在进化过程中对功能分化有重要贡献的核苷酸位点, 包括编码和非编码区。将此方法应用于熟知的受到正选择作用的蛋白编码基因序列(HIV-1包装蛋白基因编码区), 均能够检测到那些已知的受到正选择的核苷酸(密码子)位点, 说明此方法可以有效地在核苷酸位点水平检测选择作用; 又将此方法应用于非编码区(CTGF基因5' UTR), 也得到了良好的结果。

关键词 [自然选择](#) [非编码区](#) [最大似然法](#)

分类号 [Q7](#); [Q.332](#)

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: [李昕^{1, 2}](#); [陈宏^{1, 3}](#); [王文²](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (209KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“自然选择”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

• [李昕](#)

•

• [陈宏](#)

•

• [王文](#)