

网站搜索  
Search

关键词:

搜索类别:

[搜索](#) [高级搜索](#)

当前位置: [中国科学院](#)>>>[科研](#)>>>[科研动态](#)>>>[生物科学](#)

## 基因组所Ka/Ks算法研究取得新进展

北京基因组研究所

近日,中国科学院北京基因组研究所基因组科学及信息重点实验室通过引入新的参数构造模型,发展了一个新的ka/ks算法,该研究成果在近期出版的*Biology Direct*杂志上发表。

比较基因组分析是研究生物进化关系的基本工具,非同义替换率(Ka)和同义替换率(Ks)的计算是研究分子进化动力学的重要内容。在过去的二十多年,基于马尔科夫链的核酸替代模型一直在不断发展。于是涌现了诸如NG, LWL, LPB, MLWL, MLPB, YN, MYN等近似算法和GY等极大似然算法。这些方法考虑了三个主要的进化序列动力学特征的部分或者全部:不平衡的转换/颠换率;不平衡的核酸频率;不平衡的转换速率(嘌呤之间的和嘧啶之间的)。

该重点实验室硕士生王大鹏、万昊雷在王军研究员的指导下,在原方法的基础上,通过引入gamma分布来描述序列的不同位点进化速率的不平衡,发展了考虑四种进化特征的新方法gamma-MYN。通过与相关的算法比较,借助于计算机模拟和真实数据集的检验,发现gamma-MYN方法比其他方法在负选择的情况下具有更好的准确度。该研究表明,忽略不同位点的速率的多变性可以导致Ka和Ks值的偏倚,最终导致选择压力评估值( $\omega$ )的偏倚。该研究发现对于更加精确的评估选择压力( $\omega$ ),以及为其他后续研究提供模型具有重要意义。

目前,该课题组正在通过将新参数嵌入到其他模型中,来研究不同位点多变的突变速率和其他进化参数对ka/ks算法的影响的相互作用。

[Biology Direct原文链接](#)

- 中国科学院-当日要闻
- 中国科学院保密宣传教育展在北京开幕
  - 全国野外科技工作会议召开 中科院多名个人...
  - 亚洲最快超级计算机正式运行
  - 河北省副省长张和视察农业资源研究中心
  - 路甬祥会见国际科学院委员会执行主任坎贝尔...
  - 中国科学院战略研究系列报告在京发布
  - 中国科学院高层战略研讨会在京召开
  - 白春礼会见沙特高等教育大臣一行
  - “天山南北院士行”主题科技活动启动
  - 中科院成立治理“小金库”组织机构并召开视...