

گزارش تئوری

محمد روغنی

۸ بهمن ۱۳۹۶

۱,۲

• پروتئین های ساختاری [۳]

۱. VP۲۴

۲. VP۳۰

۳. VP۳۵

۴. VP۳۰

۵. GP

۶. NP

۷. L

• پروتئین های غیرساختاری

۱. sGP

پروتئین VP۲۴ و VP۴۰ در انتشار و بازتولید ویروس ابولا نقش مهمی دارند.

۱,۳

ابولا از طریق دیریت ها که رشته مانندی هستند که به جسم سلولی یاخته های عصبی (نورون ها)، متصل هستند به غدد لنفاوی نفوذ کرده و سپس با وارد شدن به خون و رسیدن به کبد باعث بیماری و کشته شدن فرد می شود. [۴]

۳,۱

- در الگوریتم UPGMA ارتفاع برگ ها برابر است اما در الگوریتم NJ متفاوت است.
 - درخت خروجی از الگوریتم UPGMA دارای ریشه است اما درخت خروجی از الگوریتم NJ بدون ریشه است.
- این تفاوت ها به دلیل تفاوت در نوع الگوریتم هاست، در الگوریتم clock molecule UPGMA، ثابت در نظر گرفته میشود ولی در الگوریتم NJ خیر.
- در مسائلی که clock molecular ثابت است میتوان از UPGMA استفاده کرد اما الگوریتم دقیقی نیست. [۱]

۳,۲

- روش اول در این روش میتوانیم ابتدا بیابیم هر ژن به چه قسمتی از یک ژنوم منطبق میشود. مثلاً برای ژنوم سودان محل انطباق تمام ۷ ژن را به دست آوریم. سپس این قسمت ها را به هم بچسبانیم و بعد روی ژن های جدید الگوریتم تطابق سراسری را اجرا کنیم. این روش بسیار دقیق است چرا که قسمت های منطبق شده با ژن قسمت های تاثیرگذار هستند و جهش در آن ها بیشترین تاثیر در تفاوت عملکرد گونه دارد.
- روش دوم در این روش از کتابخانه ی ape در R تابع consensus را فراخوانده و ۷ ماتریس فاصله در قسمت قبل را به آن میدهم، خروجی درخت تلفیقی از این ۷ درخت خواهد بود.

۴,۱

$$rt = -\ln(1 - \frac{4}{3}p)$$

- p = نسبت تعداد جهش ها به طول رشته ی اولیه

- r = نرخ جهش

این مدل بر پایه ی مدل cantor jukes است که در آن احتمال جهش ها برابر در نظر گرفته میشود. [۲]

۴,۲

میتوانیم از این مدل استفاده کنیم که اگر تعداد جهش ها از مقداری بیشتر شد بگوییم یک گونه ی جدید به وجود آمده است. باتوجه به فاصله ی ویرایش گونه های مختلف ویروس ابولا میتوانیم این

حد را برابر با میانگین فاصله ی ویرایش دو به دوی آن ها قرار دهیم که برابر است با ۶۵۴۳، و طول میانگین این گونه ها برابر است با ۱۹۰۰۰ که طبق فرمول بخش قبل زمان لازم برای به وجود آمدن یک گونه ی جدید برابر خواهد بود با ۳۲۳ سال.

مراجع

- [1] https://www.researchgate.net/post/What_is_the_difference_between_UPGMA_and_NEJ_method_while_constructing_a_tree_using_a_MEGA_4_software
- [2] <https://mathcs.clarku.edu/~djoyce/java/Phyltree/mutations.html>
- [3] https://en.wikipedia.org/wiki/Ebola_virus
- [4] <http://www.sciencemag.org/news/2014/08/what-does-ebola-actually-do>