
HONG GU, Dalhousie University

Estimation de la sélection positive de Darwin à l'aide de modèles généralisés à base de codons

Le modèle généralisé à base de codons pour les séquences d'ADN codant pour des protéines offre une grande flexibilité pour le choix de la matrice de transition et améliore significativement la qualité de l'ajustement. Nous développons davantage l'approche du modèle mixte pour ce type de modèle en permettant les effets aléatoires pour un ou plusieurs paramètres sur des sites d'acides aminés. En permettant les effets aléatoires pour le paramètre estimant le taux de mutation non synonyme sur différents sites, les modèles généralisés à base de codons incluent la série de modèles M de Yang et al. (2000) à titre de cas particuliers. Nous démontrons l'estimation plus précise de la pression sélective hétérogène aux sites d'acides aminés, comparativement à l'estimation par la série de modèles M.