Les mesures de distance par paire rapportees dans le tableau 1 ne fournissent aucune information sur la relation entre les virus des patients dentaires infectes ni sur les distances genetiques virales entre les patients et les CL individuelles.Il est prudent, dans le cas des analyses groupees impliquant un nombre relativement restreint de sites phylogenetiquement informatifs, de soumettre les analyses groupees a une analyse statistique bootstrap (27).D'autres arbres ont ete construits en (i) utilisant des sequences consensus ; (ii) reorganiser l'ordre dans lequel les sequences ont ete presentees au programme informatique ; (iii) y compris toutes les sequences LC, d'autres sequences derivees des Etats-Unis et les sequences V4-C3-V5 ; (iv) utiliser uniquement des nucleotides representant les premiere et deuxieme positions de bases dans les codons ; (v) suppression de 64 sites non informatifs (sur un total de 146 sites varies) (26) ; et (vi) retirer et reintroduire successivement les sequences du patient et de la LC. Tous les arbres les plus parcimonieux generes de ces differentes manieres ont conserve le clade dentaire represente sur la figure 1 ; les sequences virales des patients A. B. C. E et G etaient invariablement imbriquees dans les sequences virales du dentiste.Par consequent, nous avons concentre l'analyse sur les arbres constitues a partir des deux sequences les plus divergentes (lorsque disponibles) de chacun des echantillons et avons inclus uniquement les sequences LC qui ont ete trouvees par mesure de distance (Tableau 1) ou par analyse de modele de signature (Tableau 2).Lorsque les sequences virales du dentiste ont ete supprimees de l'analyse ou ont du etre regroupees avec le Sequence consensus LC dans une sequence et, dans les limites des longueurs de sequence , .De plus, ces mesures ne delimitent pas la source proximale des virus infectant chaque patient dentaire.1B).sequences.

Summarized by © lakhasly.com