



## بخشی از ترجمه مقاله

عنوان فارسی مقاله :

تجزیه و تحلیل مولکولی شکار: یک مقاله مروری از بهترین فعالیت ها  
برای روش های مبتنی بر DNA

عنوان انگلیسی مقاله :

Molecular analysis of predation: a review of best practice for  
DNA-based approaches



### توجه !

این فایل تنها قسمتی از ترجمه میباشد. برای تهیه مقاله ترجمه شده کامل  
با فرمت ورد (قابل ویرایش) همراه با نسخه انگلیسی مقاله، [اینجا](#) کلیک نمایید.



## بخشی از ترجمه مقاله

### Data analysis

One method for comparison of feeding trial data, for each predator-prey and primer combination, is to calculate a median detection time or molecular half-life (Greenstone & Hunt 1993). This is defined as the time after feeding when 50% of the predators test positive for the target prey DNA. For this to be calculated, the feeding trial data need to be fitted with a regression model that describes the decline in positives over time. The most frequent method of analysis has been to fit a linear regression to the number of positives against time since feeding (Agustí *et al.* 2003a; Harper *et al.* 2005, 2006; Sheppard *et al.* 2005; Read *et al.* 2006), although Probit models (Chen *et al.* 2000; Ma *et al.* 2005; Greenstone *et al.* 2007) and logistic regressions (Foltan *et al.* 2005) have also been used. Additionally, 95% confidence limits can be calculated for the observed amplification success at specific time points after feeding (Juen & Traugott 2007) and differences in prey DNA detection compared by G-test (Dytham 2003). A comparative weighting can then be placed on prey positives obtained from field-collected predators, so that predation by predators with long detection times is not overestimated in comparison with predators with shorter detection times.

### تجزیه و تحلیل داده ها

یک روش برای مقایسه داده‌های آزمایش‌های تغذیه‌ای، برای ترکیب آغازگر و شکار-شکارگر، محاسبه میانگین زمان تشخیص یا نیمه عمر مولکولی است (Greenstone & Hunt 1993)، که به صورت زمان پس از تغذیه تعریف شده است که در این زمان، 50 درصد از شکارگرها، از نظر حضور DNA طعمه مورد نظر مثبت هستند. برای محاسبه نیمه عمر، داده‌های آزمایش‌های تغذیه‌ای باید با یک مدل رگرسیونی که کاهش نمونه‌های مثبت در طول زمان را توصیف می‌کند، برازش شود. فراوان‌ترین روش آنالیز، برازش یک رگرسیون خطی به تعداد مثبت‌ها در برابر زمان پس از تغذیه است (Agusti *et al.* 2003a; Harper *et al.* 2005, 2006; Sheppard *et al.* 2005; Read *et al.* 2006)، اگرچه مدل پروبیت (Foltan *et al.* 2005) و لجستیک (Chen *et al.* 2000; Ma *et al.* 2005; Greenstone *et al.* 2007) نیز استفاده شده است. علاوه بر این، حدود اطمینان 95% می‌تواند برای تکثیرهای مشاهده شده در زمان‌های خاص پس از تغذیه (Juen & Traugott 2007) و تفاوت‌های موجود در ردیابی DNA شکار مقایسه شده با آزمون G (Dytham 2003) محاسبه شود. پس از آن، وزن‌دهی نسبی می‌تواند در نمونه‌های مثبت به دست آمده از شکارگرهای جمع‌آوری شده از مزرعه انجام شود، بنابراین شکارگری در شکارگرهایی با زمان تشخیص طولانی، در مقایسه با شکارگرهایی با زمان ردیابی کوتاه‌تر، بیش از حد تخمین زده نمی‌شود.



## توجه!

این فایل تنها قسمتی از ترجمه می‌باشد. برای تهیه مقاله ترجمه شده کامل با فرمت

ورد (قابل ویرایش) همراه با نسخه انگلیسی مقاله، [اینجا](#) کلیک نمایید.

برای جستجوی جدیدترین مقالات ترجمه شده، [اینجا](#) کلیک نمایید.