

IFT3295 - Démo 2

17 septembre 2019

Présentation du TP1

Alignement pairwise de séquence

Alignement avec matrice de coût et pondération affine

1. Combien de matrices faut-il remplir pour l'alignement avec une pondération affine des gaps ? Justifiez votre réponse.
2. Quelles sont les équations de récurrence pour un tel alignement ?
3. Remplir la table de programmation dynamique pour trouver le meilleur alignement global entre les deux séquences nucléotidiques suivantes :
 $S_1 = AATC$ et $S_2 = ACACTG$

Utilisez les scores suivant :

- ouverture et extension de gap : $gap(k) = a + kb$ avec $a = 3$ et $b = 1$

— matrice M de similarité suivante :

	A	T	G	C
A	2	-2	-1	-2
T	-2	2	-2	-1
G	-1	-2	2	-2
C	-2	-1	-2	2

4. Quelle est la complexité (temps et espace) d'un tel algorithme ?

Optimisation des algorithmes d'alignement

Énumérez les différentes améliorations possibles de l'algorithme d'alignement de séquences (programmation dynamique). Pour chaque amélioration donnez, tout en justifiant :

- le principe permettant l'amélioration
- la complexité en temps et en espace

Alignement avec au plus k erreurs

Soit les deux séquences suivantes : $S_1 = AGTAGG$, $S_2 = TTACG$. Existe-t-il un alignement avec au plus $k = 2$ erreurs entre S_1 et S_2 ? Et pour $k = 3$?

Algorithme d'Hirschberg

Illustrez l'algorithme d'Hirschberg sur l'alignement des deux séquences précédentes.