

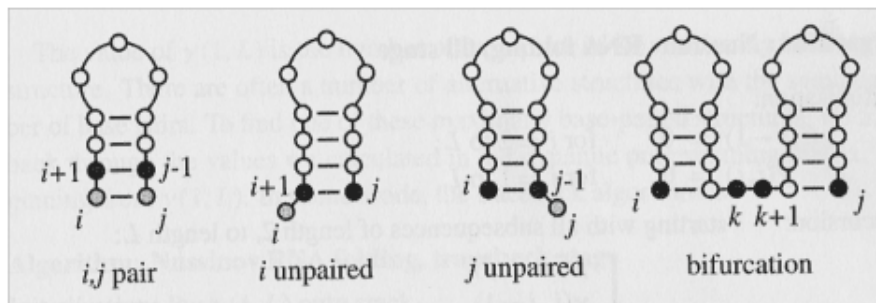
IFT3295 - Démo 3

25 septembre 2019

Repléments d'acides nucléiques

Les molécules d'ARN sont simple-brins, ce qui les rend beaucoup moins stables que la double hélice formée par les deux brins de l'ADN. L'ARN se replie donc sur lui-même pour former une structure plus stable. La description de ces structures, lorsqu'elle peut être représentée sur un seul plan, est appelée la *structure secondaire*

1. Citez toutes les paires de bases complémentaires pour les ARNs
2. Dessinez le repliement correspondant à la structure secondaire suivante $.((...)).$ de la séquence **AGGGAAAUCAC**
3. L'algorithme de Nussinov permet de retrouver la structure secondaire maximisant les appariements de bases.



- Donnez les conditions initiales et les équations de récurrence de cet algorithme.
- Quelle est sa complexité ?

- Appliquez l'algorithme de Nussinov pour obtenir le repliement de la séquence suivante : *CGAGUCGGAGUC*
- Donnez trois inconvénients de cette méthode.
- Comment doit-on modifier cet algorithme si on désire des boucles d'au moins 3 nucléotides ?

Alignement multiple exact (score SP)

- Expliquez le score SP (Sum of Pairs).
- Donnez les conditions initiales et les équations de récurrences de l'alignement multiple exact dans le cas de 3 séquences. On utilisera la généralisation de l'algorithme de Needleman-Wunsch.
- Quelle est la complexité de l'alignement multiple exact dans le cas de 3 séquences ? Dans le cas de m séquences ?

Questions sur TP1