

Questions sur le TP1 ?

Repliement

Structure secondaire de l'ARN

1. Citez les paires de bases complémentaires
2. Dessinez le repliement correspondant à la structure secondaire suivante :

AGGGAAAUCAC

. (. ((. . .)) .)

Repliement

Algorithme de Nussinov

Trouver le repliement optimal de
la séquence suivante :

CGAGUCGGAGUC

Algorithme de Nussinov

CGAGUCGGAGUC

$$D(i,i) = 0$$
$$D(i,i-1) = 0$$
[illegible]

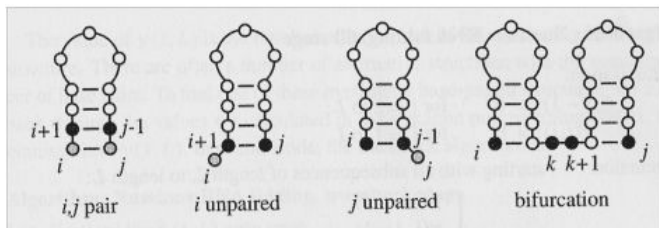
Algorithme de Nussinov

Diagram illustrating the recursive formula for $D(i,j)$:

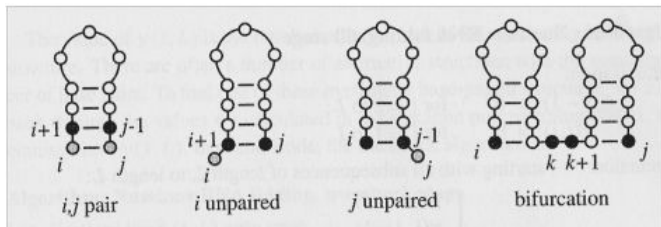
$$D(i,j) = \max \begin{cases} D(i+1,j) \\ D(i,j-1) \\ D(i+1,j-1) + p(S[i],S[j]) \end{cases}$$

Below the max operator, the formula for the third case is expanded:

$$\max_{i < k < j} [D(i,k) + D(k+1,j)]$$

[illegible]

Algorithme de Nussinov

$$D(i,j) = \max \begin{cases} D(i+1,j) \\ D(i,j-1) \\ D(i+1,j-1) + p(S[i],S[j]) \\ \max_{i < k < j} [D(i,k) + D(k+1,j)] \end{cases}$$
[illegible]

Repliement

Algorithme de Nussinov

- Complexité ?
- Inconvénients de cette méthode ?
- Comment doit-on modifier cet algorithme si on désire des boucles d'au moins 3 nucléotides ?
- Différences avec l'algorithme de Zuker ?

Alignement multiple exact

1. Expliquez le score SP (Sum-of-Pairs)
2. Donnez les conditions initiales et équations de récurrence de l'alignement multiple exact pour 3 séquences avec pondération linéaire, en utilisant la généralisation de l'algorithme de Needleman-Wunsch.
3. Complexité pour 3 séquences ? Pour m séquences ?