EPU GB4-BIMB TD d'Algorithmique pour la biologie n.6 avril 2024

Application de la programmation dynamique à l'alignement de séquences

Exercice 1: (Alignement global (version récursive))

Implémentez en Python une version récursive pour calculer l'alignement global de deux séquences. Pour cela,

- 1. Récupérez d'abord une matrice de score de mutation, par exemple à l'adresse : http://www.i3s.unice.fr/~comet/SUPPORTS/.
- 2. Ecrivez une fonction qui lit un tel fichier et stocke dans un dictionnaire les valeurs lues.
- 3. Ecrivez l'algorithme récursif qui met en oeuvre la récurrence décrite en cours pour l'alignement de séquences global à pénalité linéaire des gaps.
- 4. Testez votre fonction sur des séquences de plus en plus grandes.

Exercice 2: (Alignement global (version itérative))

La compléxité excessive de l'algorithme précédent ne permet pas d'envisager une recherche de similarité pour des séquences de longueur supérieure à 15. La version itérative de l'algorithme se base sur le remplissage systématique d'un tableau permettant ainsi une mémorisation des scores intermédiaires.

- 1. Quelle structure utiliser pour stocker les scores intermédiaires?
- 2. Comment initialiser les premières ligne et colonne de ce tableau?
- 3. Implémentez l'algorithme de Needleman & Wunsch.
- 4. Développez une fonction qui prend en entrée le tableau complet des scores intermédiaires et qui retourne 3 chaînes de caractères représentant l'alignement. Par exemple, pour l'alignement (blosum62, g=5)

```
-KKR-SDNEDKRWKF
||: |::||:
KKKKPKKEEEQKWKW
```

les 3 chaînes de caractères seront respectivement : "-KKR-SDNEDKRWKF", " ||: :::|:" et "KKKKPKKEEEQKWKW".

Exercice 3: (Alignement global avec pénalité affine)

Modifiez l'algorithme de l'exercice précédent pour développer l'algorithme de Needleman & Wunsch avec pénalité affinedes gaps.

Exercice 4: (Alignement local avec pénalité affine)

Modifiez l'algorithme de l'exercice précédent pour développer l'algorithme de Smith & Waterman avec pénalité affine des gaps.