

Alignement de séquences

1. Présentation du sujet

On dispose de deux chaînes de caractères : A , qui vaut `INFORMATIQUE`, et B , qui vaut `NUMERIQUE`. On aimerait mettre ces deux chaînes de caractères en correspondance de la manière suivante :

- On place les 2 chaines l'une en dessous de l'autre;
- Si les derniers caractères des deux chaines coïncident, alors on passe aux caractères suivants;
- Sinon, on va ajouter un trou dans une des deux chaines, symbolisé par un - et on passe aux caractères suivants.

Voici un exemple d'alignement optimal :



Dans cette situation on a besoin de 9 tirets, pas moins.

L'objectif est d'aligner le maximum de lettres (donc de mettre le moins de possible). Ce n'est pas un problème simple, surtout quand les chaînes sont longues, comme pour les séquences d'ADN par exemple :

TTCA**CC**AGAAAA**GA**-**-ACACGGTA**GTTA-**CGAG**-**-TCCAATATT**-GTTAA**-
-ACC**-**G**
TTCA-C-GAAAA-AGTA-ACGG-**-G**-**-CCGA**-TCTCCAATA-**-AG-T**-**-GCGACCGAG**

2. Résolution par une méthode récursive

Le principe est présenté dans la vidéo suivante :

[illegible]

file:///home/fabien/Documents/GitHub/ZoneNSI.md/site/NSI/Terminale/C08/alignSeq/tmp8o_xuc75.html



3. Résolution par une méthode itérative

3.1. Activité débranchée

Considérons les deux chaines de caractères `GENOME` et `ENORME`. Afin de chercher le nombre minimal d'insertion à effectuer, nous allons compléter le tableau suivant, avec la convention suivante : à l'intersection de la colonne `N` et de la première ligne `E` se trouve le nombre minimal d'insertion nécessaire pour aligner les chaines `EN` et `GE`, c'est-à-dire 2 tirets. Par convention la première ligne et la première colonne correspondent à une chaine vide.

	-	E	N	O	R	M	E
-							
G							
E							
N							
O							
M							
E							

Question

Enoncé

En quoi la méthode ci-dessus est-elle une méthode itérative (Bottom Up) ?

Réponse

1. Pour compléter le tableau, on va commencer par compléter la première ligne et la première colonne. Par exemple, la case de la première ligne correspondant à l'intersection de R et de - doit contenir le nombre minimal de tirets nécessaire pour aligner ENOR avec une chaîne vide, c'est-à-dire 4.

	-	E	N	O	R	M	E
-	0	1	2	3	4	5	6
G	1						
E	2						
N	3						
O	4						
M	5						
E	6						

E	N	O	R
-	-	-	-

2. Pour compléter ensuite le reste du tableau, il faut concevoir deux cas différents :

- a. Soit la case correspond aux deux même lettres, comme dans l'exemple ci-dessous :

	-	E	N	O	R	M	E
-	0	1	2	3	4	5	6
G	1	2	3	4	5	6	7
E	2	1	2	3	4	5	6
N	3	2	1	2	3	4	5
O	4	3	2	1			
M							
E							

-	E	N	O
G	E	N	O

Le meilleur alignement de ENO et de GENO contient autant de tirets que le meilleur alignement de EN et de GEN, donc ici 1.

- b. Soit les deux lettre sont différentes, et on peut considérer deux situations :

	-	E	N	O	R	M	E
-	0	1	2	3	4	5	6
G	1	2	3	4	5	6	7
E	2	1	2	3	4	5	6
N	3	2	1				
O							
M							
E							

-	E	N	O	-
G	E	-	-	N

On considère la case comme étant une de l'alignement de ENO et GE , qui contenait 3 tirets, vers l'alignement de ENO et GEN , qui en contiendra donc **un de plus**, soit 4.

	-	E	N	O	R	M	E
-	0	1	2	3	4	5	6
G	1	2	3	4	5	6	7
E	2	1	2	3	4	5	6
N	3	2	1				
O							
M							
E							

-	E	N	O
G	E	N	-

On considère la case comme étant une de l'alignement de EN et GEN , qui contenait 1 unique tiret, vers l'alignement de ENO et GEN , qui en contiendra donc **un de plus**, soit 2.

Comme nous cherchons un alignement minimisant le nombre de tirets, on va alors compléter la case avec la valeur 2, provenant de la situation de droite ci-dessus.

3. On termine alors de compléter le tableau :

	-	E	N	O	R	M	E
-	0	1	2	3	4	5	6
G	1	2	3	4	5	6	7
E	2	1	2	3	4	5	6
N	3	2	1	2	3	4	5
O	4	3	2	1	2	3	4
M	5	4	3	2	3	2	3
E	6	5	4	3	4	3	2

3.2. Application en Python

L'activité est disponible sous la forme d'un [notebook capytale](#)