



Institut de XXX

École Doctorale de XXX

Titre de la thèse

THÈSE

présentée et soutenue publiquement le XXX

pour l'obtention du

Doctorat de l'Université XXX

(spécialité XXX)

par

David MIGNON

Composition du jury

Rapporteurs : Dr. Prénom1 NOM1 Rapporteur externe
Dr. Prénom2 NOM2 Rapporteur externe
Pr. Prénom3 NOM3 Rapporteur interne

Examinateurs : Dr. Prénom4 NOM4 Examinateur
Dr. Prénom5 NOM5 Directeur de thèse
Dr. Prénom6 NOM6 Directeur de thèse

Laboratoire de XXX

Remerciements

XXX

à XXX.

Table des matières

Liste des figures	ix
Liste des tables	xiii
Abreviations	xvii
Introduction	1
1 Methodes : La theorie	5
2 Les Méthodes utilisées	7
2.1 Section	7
2.1.1 Subsection	7
Subsubsection	7
Paragraph	7
Subparagraph	7
3 Comparaisons d'algorithmes	9
3.1 Les méthodes pratiques	9
3.1.1 les protéines	9
Alignements Blast croisés	10
3.1.2 Description des tests	12
Ensemble «Tout actif»	12
L'ensemble «nombre d'actifs limité»	12
le choix des positions actives	13
positions en interactions	13
choix des positions actives	13
3.1.3 Définition de protocole comparable	14
Protocole heuristique	15

Table des matières

Protocoles Monte-Carlo	15
Seconde version de proteus	16
Protocoles "Replica Exchange"	16
Protocoles Toulbar2	18
3.1.4 Outils d'analyse des données	19
Superfamily/SCOP	19
Taux d'identité de séquences	19
Taux d'identité par position	19
Alignements Pfam	19
Score BLOSUM	20
similarité d'un ensemble à une famille Pfam	20
Répartition de l'énergie selon les centiles	20
3.2 Résultats	22
3.2.1 Paramétrage du protocole Monte-Carlo	22
Température et meilleures énergies	22
Température et taux d'identité de séquences	22
Température et résultats Superfamily	23
Température et entropie	23
Trajectoire et pourcentage d' identité	24
Mutations et pourcentage d' identité	25
3.2.2 Comparaisons Monte-Carlo et heuristique	26
comparaisons des score de similarités	26
rapport entre énergies et similarités	26
Comparaisons des distributions selon l'énergie	34
3.2.3 Comparaisons avec toutes les positions actives	37
meilleure énergie selon les protocoles	37
Distribution des énergies en fonction des températures	39
Trajectoires dans l'espace des températures	40
Résultats Superfamily	42
Exemple de structure obtenue	43
3.2.4 comparaisons avec un espace d'états réduit	44
Séquence native	44
Une position active	44
Cinq positions actives	45
Dix positions actives	46
Vingt positions actives	46

Table des matières

Trente positions actives	48
Vue d'ensemble	48
Les temps de calcul	48
Études des séquences/rotamères au voisinage du GMEC . . .	57
Études des séquences d'acide aminé au voisinage du GMEC .	57
3.2.5 Comparaison des structures 3D	61
3.2.6 Résultats pour des protocoles plus longs	64
3.2.7 Distribution des états visités	66
densité en séquences	66
répartitions des séquences/rotamères	68
Entropie selon l'énergie	69
4 PDZ	83
4.1 L'ensemble des protéines PDZ	83
Alignements Blast croisés	83
4.1.1 Description	84
4.1.2 Requêtes Blast croisées	84
4.1.3 L'alignement choisi	84
4.1.4 Le coeur PDZ sélectionné	84
4.2 L'optimisation des énergies de références	84
4.2.1 La composition naturelle en acide aminé	85
4.2.2 Première méthode	85
4.2.3 Seconde méthode d'itération	86
4.3 Résultats	86
Fréquences des acides aminés	93
Résultats Superfamily	102
Conclusion	123
Bibliographie	131

Liste des figures

3.1	alignement de 1R6J et 2BYG obtenu avec Clustal Omega version 1.2.1	11
3.2	Similarité par position et par séquence pour 1ABO	27
3.3	Similarité par position et par séquence pour 1CKA	28
3.4	Similarité par position et par séquence pour 1BM2	29
3.5	Similarité par position et par séquence pour 1M61	30
3.6	Similarité par position et par séquence pour 1O4C	31
3.7	Similarité par position et par séquence pour 1G9O	32
3.8	Similarité par position et par séquence pour 1R6J	33
3.9	Similarité selon l'énergie	35
3.10	Distribution des 100000 meilleures séquences selon l'énergie.	36
3.11	Les différences entre les meilleures énergies de chaque protocole.	38
3.12	.Les différences entre les meilleures énergies par groupe de protocoles . . .	39
3.13	Distribution des énergies selon la température (1A81 protocole RE8b1). . .	40
3.14	Variation de la température pendant la trajectoire de chaque marcheur (cas exemple de protocoles).	41
3.15	Exemple de structure : meilleures séquence/conformation obtenue par notre programme pour 2BYG, lorsque toutes les positions sont actives.	43
3.16	Tous les tests pour 0 1 5 10 20 et 30 positions actives	55
3.17	Temps d'occupation du processeur selon le nombre de positions actives. .	56
3.18	Alignement des séquences au voisinage d'une kcal/mol du GMEC pour «1CKA 3» (en haut) et «1M61 2» (en bas)	59
3.19	test : 1M61 2, GMEC vs H	61
3.20	test : 1CKA 5, GMEC vs H	62
3.21	test : 1CKA 5, GMEC vs MC	63
3.22	test : 1G9O 5, GMEC vs MC	63
3.23	Histogramme des séquences de «1CKA 3» selon l'énergie moyenne,minimum et maximum des conformations	66

Liste des figures

3.24 Histogramme des séquences de «1CKA 5» selon l'énergie moyenne, minimum et maximum des conformations	67
3.25 La densité des meilleures séquences/rotamères selon l'énergie (représentée par les centiles)	68
3.26 L'entropie selon l'énergie (échelle de gauche) et le nombre de séquences selon l'énergie (échelle logarithmique à droite).Les données multimarcheurs regroupent les températures 0. 592, 0.888 et 1.333.	69
3.27 L'entropie selon l'énergie. Les données multimarcheurs sont présentées selon la température.	69
3.28 L'entropie selon l'énergie (échelle de gauche) et le nombre de séquences selon l'énergie (en bas,échelle logarithmique à droite). Les données multimarcheurs regroupent toutes les trajectoires.	70
3.30 L'entropie selon l'énergie	72
3.31 1CKA sauvage, positions du coeur	73
3.32 1CKA séquences calculées, positions du coeur	73
3.33 alignement Pfam seed, positions du coeur	73
3.34 alignement Pfam full, positions du coeur	74
3.35 2BYG sauvage, positions du coeur	75
3.36 2BYG séquences calculées, positions du coeur	75
3.37 alignement Pfam seed, positions du coeur	75
3.38 alignement Pfam full, positions du coeur	76
3.39 1A81 sauvage, positions du coeur	77
3.40 1A81 séquences calculées, positions du coeur	77
3.41 alignement Pfam seed, positions du coeur	77
3.42 alignement Pfam full, positions du coeur	78
3.43 1CKA	79
3.44 1BM2	80
3.45 1ABO	80
3.46 1R6J	81
4.1 L'alignement 1G9O	87
4.2 L'alignement 1IHJ	88
4.3 L'alignement 1N7E	89
4.4 L'alignement 1R6J	90
4.5 L'alignement 2BYG	91
4.6 L'alignement 3K82	92

4.7 variations des énergies de références pour les groupes de résidus, pendant de l'optimisation	100
4.8 variations des énergies de références pour les groupes de résidus, pendant de l'optimisation(proteus V2)	101
4.9 le coeur PDZ sélectionné	105
4.10 Similarité des séquences Proteus et Rosetta à l'alignement Pfam seed	106
4.11 Similarité des séquences Proteus et Rosetta à l'alignement Pfam seed (suite)	107
4.12 Similarité des séquences Proteus2 et Rosetta à l'alignement Pfam seed	108
4.13 Similarité des séquences Proteus2 et Rosetta à l'alignement Pfam seed (suite)	109
4.14 Similarité des séquences Proteus à l'alignement Pfam seed	110
4.15 Similarité des séquences Proteus à l'alignement Pfam seed(suite)	111
4.16 Sélection de séquences proteus 1G9O	113
4.17 Sélection de séquences proteus 1IHJ	113
4.18 Sélection de séquences proteus 1N7E	114
4.19 Sélection de séquences proteus 1R6J	114
4.20 Sélection de séquences proteus 2BYG	115
4.21 Sélection de séquences proteus 3K82	115
4.22 Sélection de séquences proteus CASK	116
4.23 Sélection de séquences proteus TIAM1	116
4.24 Les séquences de l'alignement PDZ seed de Pfam	117
4.25 Séquences Tiam1 obtenues avec un delta d'énergies de références à 0,4.Les hydrophobes pour des deltas de -0.4,-0.2,-0.1,0,0.1,0.2 et 0.4 sont représentés par un dégradé de gris foncés à gris clair.	118
4.26 Séquences 2BYG obtenues avec un delta d'énergies de références à 0,4.Les hydrophobes pour des deltas de -0.4,-0.2,-0.1,0,0.1,0.2 et 0.4 sont représentés par un dégradé de gris foncés à gris clair.	119
4.27 Structure sauvage Tiam1 colorée, respectivement en rouge, orange et jaune, aux positions hydrophobes pour des deltas de -0.4,0,et 0.4.	120
4.28 Structure sauvage 2BYG colorée, respectivement en rouge, orange et jaune, aux positions hydrophobes pour des deltas de -0.4,0,et 0.4.	121

Liste des tables

3.1	Les protéines	10
3.2	Pourcentage d'identité et e-value des alignements Blast native vs native pour nos protéine SH3.	10
3.3	Pourcentage d'identité et e-value des alignements Blast native vs native pour nos protéine PDZ (no= pas de touche avec une e-value inférieure à 10).	10
3.4	Pourcentage d'identité et e-value des alignements Blast native vs native pour nos protéine SH2.	11
3.5	Les protocoles heuristiques	15
3.6	Les protocoles Monte-Carlo	17
3.7	Les protocoles «Replica Exchange»	18
3.8	Meilleure énergie selon la température exprimée en kcal/mol,(^a le protocole mc0, ^b mc1, ^c mc2, ^d mc3, ^e mc4, ^f mc5)	22
3.9	Pourcentage d'identité de séquences selon la température,(^a le protocole mc0, ^b mc1, ^c mc2, ^d mc3, ^e mc4, ^f mc5)	23
3.10	Résultats Superfamily pour les dix mille séquences de meilleure énergie selon la température(^a le protocole mc0, ^b mc1, ^c mc2, ^d mc3, ^e mc4, ^f mc5) . .	23
3.11	Alphabet réduit	24
3.12	Moyennes sur les positions des exp(entropies) pour les dix mille séquences de meilleure énergie,(^a le protocole mc0, ^b mc1, ^c mc2, ^d mc3)	24
3.13	Pourcentage d'identité en variant la longueur et le nombre de trajectoires. .	25
3.14	Pourcentage d'identité pour deux modes de mutations.	26
3.15	les meilleures énergies pour tous les résidus actifs(arrondies à l'entier inférieur)	38
3.16	Résultats Superfamily pour le protocole RE8b2	42
3.17	La meilleure énergie et l'écart avec les autres protocoles lorsque la séquence des protéines est fixée	45

Liste des tables

3.18 Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 1A81, une position active.	46
3.19 Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 1BM2, une position active.	47
3.20 Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 1CKA, une position active.	48
3.21 Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 1M61, une position active.	48
3.22 Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 1O4C, une position active.	49
3.23 Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 1R6J, une position active.	50
3.24 Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 2BYG, une position active.	50
3.25 Résultats pour cinq positions actives	51
3.26 Énergies pour dix positions actives	52
3.27 Mutations dix positions actives	52
3.28 Résultats avec vingt positions actives	53
3.29 Résultats avec trente positions actives	54
3.30 Sélection de cas pour l'étude de voisinages	58
3.31 Cardinaux des voisinages du GMEC à 1 Kcal/mol,rang les meilleures séquences et conformations pour H et MCb	58
3.32 Les séquences présentes dans le voisinage à 4 Kcal/mol du GMEC pour le cas «1M61 2» simplifié à 3 positions actives	60
3.33 Résultats pour 3 fois (resp 9 fois) plus de cycles heuristiques que pour le protocole H, protocole H+ (resp H++).Les tests sont effectués sur les quatre cas à dix positions actives où l'heuristique ne trouve pas le GMEC	64
3.34 Ecarts d'énergie avec des trajectoires 2 fois plus longues pour le protocole RE8b2	64
3.35 Ecarts d'énergie avec des trajectoires 2 fois plus longues pour le protocole RE8b2	65
3.36 Pourcentage d'identité de séquence par rapport à la native pour les 10000 meilleurs résultats «tout actif» avec RE8b2	82
3.37 Moyenne de l'exponentiel de l'entropie sur les ensembles des positions des protéines A VÉRIFIER SI ENTROPIE SUR UN ALPHABET REDUIT	82

4.1	Les protéines PDZ	84
4.2	E-value des alignements Blast native vs native pour nos séquences PDZ. (no= pas de touche avec une E-value inférieure à 10)	84
4.3	Sélection des homologues.	85
4.4	Les groupes d'acides aminés utilisés pour l'optimisation des énergies de références.	93
4.5	Fréquences des acides aminés d'après dans les protéines.	94
4.6	Les groupes d'acides aminés utilisés pour l'optimisation des énergies de références.	95
4.7	Compositions en acides aminés des séquences expérimentales homologues aux positions enfouies et actives.	96
4.8	Compositions en acides aminés des séquences expérimentales homologues aux positions exposées et actives.	97
4.9	Les groupes d'acides aminés utilisés pour l'optimisation des énergies de références.	98
4.10	Les énergies de références pour les positions enfouies.	99
4.11	Les énergies de références pour les positions exposées.	99
4.12	Résultats Superfamily pour les séquences Proteus avec l'ancien test Monte Carlo	102
4.13	Résultats Superfamily pour les séquences Proteus avec le nouveau test Monte Carlo	102
4.14	Résultats Superfamily pour les séquences Proteus avec le nouveau test Monte Carlo et énergies de références optimisées sur l'ensemble réduit à six protéines	103
4.15	Résultats Superfamily pour les séquences Proteus avec le nouveau (T=0.175) test Monte Carlo	103
4.16	Résultats Superfamily nouveau Proteus et nouvelles energies de references .	103
4.17	Résultats Superfamily pour les séquences Rosetta des protéines PDZ . . .	104
4.18	Alignment PDZ positions du coeur	104
4.19	Moyenne de l'exponentiel de l'entropie sur les ensembles des positions des protéines	112
20	Les tests avec cinq positions actives	126
21	Les tests avec dix positions actives	127
22	Les tests avec vingt positions actives	128
23	Les tests avec trente positions actives	129

Abbreviations

H	algorithme heuristique	GMEC	“Global minimal energie cost”
MC	algorithme Monte-Carlo	Pfam	”Protein family databank”
RE	algorithme “Replica Exchange”		

Introduction

XXX

Contexte

XXX

XXX

Citation entre crochets [Kofke 2002, 2004a].

Citation dans le texte Name3a et al. [2000].

Chapitre 1

Methodes : La theorie

Chapitre 2

Les Méthodes utilisées

2.1 Section

XXX

2.1.1 Subsection

XXX

Subsubsection

XXX

Paragraph XXX

Subparagraph Référence à une équation (Équation 2.1).

$$H\Psi = E\Psi \tag{2.1}$$

Chapitre 3

Comparaisons d'algorithmes

3.1 Les méthodes pratiques

Nous cherchons maintenant à déterminer les performances et les qualités des différents algorithmes de proteus. Pour évaluer les différents algorithmes de proteus, comme pour leur établir un paramétrage, nous effectuons des séries de tests. Grâce à l'algorithme de type toulbar2 il est possible d'obtenir la séquence/conformation qui possède la plus haute énergie de dépliement. Cela constitue une information importante qui va nous servir d'élément de comparaison. Le facteur temps est également un élément déterminant. Il est dans certains cas limitant, nous ne savons pas à l'avance quand toulbar2 termine. Et il apparaît d'emblée illusoire d'espérer voir ce programme converger dans toutes les situations intéressantes dans un temps raisonnable. D'autres métriques qui caractérisent les séquences d'acides aminés de meilleures énergies obtenues seront également utilisées pour les évaluations et pour les paramétrages.

Dans la suite, on appelle «position active», une position pour laquelle, tous les types d'acides et tous les rotamères de chaque type d'acide aminé sont autorisés, au court de la recherche de proteus. On désigne «séquence/conformation» une séquence d'acides aminés munie à chaque position d'un rotamère (le backbone étant de toute façon fixé). Tandis que le terme simple «séquence» sans plus de précision désigne une séquence d'acides aminés.

3.1.1 les protéines

Les tests sont effectués sur neuf protéines choisies pour avoir des longueurs de backbone variées, plusieurs domaines représentés, mais aussi plusieurs structures pour chaque famille présente. Ainsi l'ensemble se décompose en deux protéines SH3 de 56 et 57 résidus, de trois protéines PDZ de longueur comprise entre 82 et 97 résidus et enfin de trois protéines

Chapitre 3. Comparaisons d’algorithmes

SH2 longues de 105 ou 109 résidus. L’ensemble a une moyenne, arrondie à l’unité inférieure, de quatre-vingt-neuf positions, voir les détails en table 3.37.

Code PDB	résidus	nombre de positions	domaine
1ABO	64-119	56	SH3
1CKA	134-190	57	SH3
1R6J	192-273	82	PDZ
1G9O	9-99	91	PDZ
2BYG	186-282	97	PDZ
1BM2	55-152	98	SH2
1O4C	1-105	105	SH2
1M61	4-112	109	SH2
1A81	9-117	109	SH2

Table 3.1 – Les protéines

Protein	1ABO	1CKA
1ABO	100 (6e-42)	26 (1e-07)
1CKA	26 (1e-07)	100 (2e-41)

Table 3.2 – Pourcentage d’identité et e-value des alignements Blast native vs native pour nos protéine SH3.

Protein	1R6J	1G9O	2BYG
1R6J	100(1e-59)	25 (3e-07)	no
1G9O	25 (3e-07)	100(2e-66)	35 (2e-11)
2BYG	no	35 (2e-11)	100(7e-71)

Table 3.3 – Pourcentage d’identité et e-value des alignements Blast native vs native pour nos protéine PDZ (no= pas de touche avec une e-value inférieure à 10).

Alignements Blast croisés

3.1. Les méthodes pratiques

Protein	1BM2	1O4C	1M61	1A81
1BM2	100 (7e-74)	36 (2e-16)	38(6e-10)	35 (1e-13)
1O4C	36 (2e-16)	100(2e-79)	27(3e-10)	33 (2e-12)
1M61	38 (6e-10)	27 (3e-10)	100(6e-81)	57 (2e-47)
1A81	35 (1e-13)	33 (2e-12)	57(2e-47)	100(5e-83)

Table 3.4 – Pourcentage d'identité et e-value des alignements Blast native vs native pour nos protéines SH2.

Figure 3.1 – alignement de 1R6J et 2BYG obtenu avec Clustal Omega version 1.2.1

3.1.2 Description des tests

Les tests sont répartis en deux ensembles :

1. un ensemble de tests où toutes les positions de la séquence sont actives (cela correspond aux situations de design complet de protéines)
2. un ensemble de tests où le nombre de positions actives est gardé sous contrôle de façon à maîtriser la taille de l'espace d'exploration

Ensemble «Tout actif» Pour le premier ensemble de tests, la totalité de la matrice d'énergie est exploitée et pour chaque position l'espace d'exploration correspond à l'espace d'état déclaré dans le fichier ".bb". C'est-à-dire que tous les types de résidu et tous les rotamères sont possibles à chaque position. Comme l'espace des séquences/conformations à explorer est gigantesque, nous ne faisons pas de tentatives de recherche du GMEC par méthode exacte.

Nous effectuons des recherches avec les algorithmes suivants :

- heuristique, noté H par la suite;
- Monte-Carlo, noté MC;
- «Replica Exchange», noté RE);

L'ensemble «nombre d'actifs limité» L'ensemble «Nombre d'actifs limité» est composé de six groupes de tests avec un nombre de positions actives fixe défini de la façon suivante :

1. aucune position active
2. une position active
3. cinq positions
4. dix positions
5. vingt positions
6. trente positions

Lorsqu'une position n'est pas active, l'acide aminé de la position est fixé en utilisant l'acide aminé de la séquence native. La chaîne latérale est, elle, laissée libre. Il n'y a donc jamais dans nos tests de position où l'état est complètement fixé.

Le groupe «aucune position active» n'est constitué que d'un test par algorithme pour chaque protéine. Il y a donc neuf tests par algorithme. Ce sont les tests pendant lesquels la séquence d'acides aminés est fixe et correspond à la séquence native de la protéine.

Pour les tests avec une seule position active, comme des temps de calcul le permettent, nous décidons d'être exhaustifs : Toutes les positions sont testées, il y a alors huit cent quatre tests par algorithme. Pour tous les autres groupes de tests (cinq,dix,vingt et trente positions actives), cinq tests sont effectués par protéine, c'est-à-dire quarante-cinq tests par algorithme.

le choix des positions actives Pour définir complètement les tests, il reste maintenant à décrire le choix des positions actives pour les groupes de numéro trois jusqu'à six. Il y a peu d'intérêt à tester des situations avec des positions actives sans interaction entre-elles. En effet, s'il existe une position active P dont chaque résidu est sans interaction avec tous les résidus possibles des autres positions actives, déterminer le meilleur état pour P est proche du test du groupe 2 avec P comme position active. Toutefois, cela n'est pas exactement la même question, parce que les positions actives différentes de P peuvent influencer la position de la chaîne latérale de positions inactives qui à leur tour peuvent influencer l'état de P. Ainsi, le choix des positions actives ne se fait non pas par tirage aléatoire, car le risque d'obtenir des positions avec peu d'interactions est trop grand. Il se fait sous contrainte d'interaction.

positions en interactions Pour cela, nous utilisons la notion de voisinage de proteus. Elle se définit de la façon suivante : Deux positions P et Q sont en interactions s'il existe un rotamère r_P de P et un rotamère r_Q de Q tels que :

$$|E(r_P, r_Q)| > S_{Vois}$$

avec S_{Vois} un seuil donné par l'utilisateur à la configuration de proteus (voir chap. ?? pour les détails).

Alors on appelle «n-uplet en interaction» la donnée de n positions avec $n \in \{5,10,20,30\}$ et d'un seuil S_{Vois} tels que pour toute paire de positions (P,Q) du n-uplet, P et Q sont en interactions.

choix des positions actives Pour définir les positions actives,nous exécutons proteus en mode verbeux, sans effectuer d'optimisation.Pour cela, il existe plusieurs façons de procéder, ici nous utilisons le mode Monte-Carlo avec une trajectoire de zéro pas. Ces exécutions produisent en sortie standard la liste des voisins pour chaque position au seuil donnée en paramètre. Pour chacune des neuf protéines, nous exécutons proteus avec S_{Vois} égal à dix, cinq et un à tour de rôle ; trois listes de voisins sont obtenues. Ensuite,un script dédié recherche dans ces listes, les n-uplets en interaction, en partant de la liste de voisins

au sens le plus fort, c'est-à-dire dix, vers celle au sens le plus faible (0.1). La recherche s'arrête lorsque cinq n-uplets au moins sont trouvés.

Nous obtenons quarante-cinq n-uplets pour le groupe à cinq (respectivement dix, vingt et trente) positions actives pour un seuil S_{Vois} égal à dix (respectivement dix, un et un). Les positions actives de tous les tests sont en annexe ??). Pour chaque n-uplet, un fichier de configuration de proteus est créé dans lequel la balise <Space_Constraints> fixe les positions inactives en utilisant le type d'acide aminé présent dans la séquence native.

3.1.3 Définition de protocole comparable

Nous voulons comparer les algorithmes très différents. Un algorithme peut garantir l'obtention du minimum global en énergie (GMEC) si l'exécution se termine, mais ne garantit pas qu'elle se termine. Un autre permet un contrôle très fin du temps d'exécution sans garantie du GMEC, et d'autres enfin ont des objectifs plus large que la seule obtention du GMEC. Mais le GMEC reste le meilleur point de commun. Nous allons donc y concentrer une part importante des comparaisons.

Nous devons noter également que l'obtention du GMEC est théorique, en pratique nous n'avons pas de preuve que le code de l'algorithme exact que nous utilisons n'a pas de bogue. Cependant, nous mettons de côté cette éventualité et dans toute la suite GMEC désigne aussi bien le minimum global en énergie que le résultat de toulbar2 lorsqu'il se termine. Le Monte-Carlo et le «Replica exchange» possèdent de nombreux paramètres de configuration, ce qui rend l'ensemble des protocoles possibles très grand. Se pose alors la question de l'optimisation du protocole. L'objectif fixé ici, n'est pas la recherche d'un protocole optimal pour chacun des tests, mais d'évaluer, avec les tests, un protocole optimisé par algorithme. Nous allons alors dans un premier temps, rechercher les meilleurs paramétrages pour le Monte-Carlo et le «Replica Exchange» sur l'ensemble de tests «tout actif». Puis, sur la base des résultats obtenus, les protocoles seront fixés pour effectuer les comparaisons sur l'ensemble «tout actif» et celui à «nombre d'actifs limité». Le programme toulbar2 possède aussi de nombreuses options. Deux paramétrages différents seront utilisés.

Pour rendre les protocoles comparables, le temps d'exécution maximum est fixé à vingt-quatre heures pour tous les executions. Toulbar2 donne sa meilleure séquence/conformation en dernier, il n'y a donc pas post-traitement nécessaire. C'est également le cas pour le Monte-Carlo à condition de configurer l'impression de la trajectoire avec la balise *Print_Threshold = 0.* dans le fichier de configuration. Pour le "Replica Exchange" et l'heuristique, un tri des séquences selon l'énergie est nécessaire. Mais il n'y a pas beaucoup de séquences :

1. L' Heuristique fournit une séquence/conformation à chaque cycle.
2. Le "Replica Exchange avec $Print_Threshold = 0$ produit autant de fichiers de séquences/rotamères que de marcheurs. Chacun ne contenant pas plus de quelques dizaines de séquences/rotamères.

Nous pouvons donc négliger la durée du tri dans le temps total d'exécution.

Protocole heuristique Pour l'algorithme heuristique, il n'y a dans notre situation qu'un seul paramètre à renseigner : le nombre de cycles à effectuer. Quelques essais préliminaires sur la plus grosse protéine (Table 3.37) avec toute les positions actives, montre que la version utilisée de proteus peut effectuer jusqu'à environ 110000 cycles sur nos machines de calculs en l'espace de vingt-quatre heures. Ainsi, le protocole H est défini comme le protocole qui utilise le mode heuristique de proteus et qui effectue cent dix mille cycles. Sont également définis les variantes H-, H+ et H++ comme des protocoles plus courts ou plus longs à facteur entier près (Table 3.5). Par ailleurs, certaines comparaisons de l'heuristique avec le Monte-Carlo ont été faites avec une version précédente du programme proteus. Ce protocole sera noté h. Il diffère aussi de H par le fait que l'option d'optimisation du compilateur Intel utilisé est -O2 contre -O3 pour H.

Nom	nombre de cycles
H	110000
H-	1100
H+	330000
H++	990000
h	100000

Table 3.5 – Les protocoles heuristiques

Protocoles Monte-Carlo On distingue deux ensembles de protocoles Monte-Carlo. Dans le premier, les noms sont de la forme "mc*". Il rassemble les protocoles utilisés pour le paramétrage du Monte-Carlo. Le second est constitué des protocoles utilisés lors des comparaisons.

Les éléments à paramétrier pour l'algorithme Monte-Carlo sont les suivants :

1. la température
2. le nombre de pas (avec le nombre de trajectoires et la longueur de trajectoire)
3. Le seuil de voisinage
4. Les probabilités de changements de la séquence/conformation

Chapitre 3. Comparaisons d'algorithmes

Ce qui représente un ensemble de protocoles trop grand pour une approche exhaustive. Pour l'essentiel, nous allons faire varier les paramètres un par un, en prenant comme point de départ un protocole qui rend le comportement de marcheur Monte-Carlo «proche» de l'heuristique.

La température est le paramètre principal du Monte-Carlo, c'est elle qui contrôle le taux d'acceptation du critère de Metropolis. Alors, la première étape de cette optimisation va consister à faire varier la température , entre 0.001 et 0.5 , en conservant les autres paramètres fixés (protocoles de mc0 à mc5). Le nombre de pas total effectué est le produit de deux paramètres, le nombre de trajectoires et la longueur de trajectoire. Les protocoles mc1b et mc2b testent l'effet d'une augmentation du nombre de pas. Tandis que mc2c et mc2d testent l'effet de la variation du nombre de trajectoires par rapport à la longueur. Le protocole mc2e s'intéresse aux probabilités de changement de la trajectoire. Il y a cinq balises dans proteus qui contrôle ces changements :

<**Prot**> donne la probabilité de modifications de rotamère à une position.

<**Prot_Prot**> donne la probabilité de modifications de rotamère à deux positions.

<**Mut**> donne la probabilité de modifications de type de résidu à une position.

<**Mut_Prot**> donne la probabilité de modifications de rotamères à deux positions.

<**Mut_Mut**> donne la probabilité de modifications de type de résidu à deux positions.

La table 3.6 donne les probabilités utilisées par ces cinq paramètres dans l'ordre de la liste précédente.

Enfin, mc4b se distingue des autres par un seuil de voisinage plus grand ((Table 3.6)).

Seconde version de proteus Pour la partie comparaison avec les autres algorithmes, quatre protocoles sont utilisés. Les protocoles MCa et MCb s'inspirent fortement de mc2d et mc2e , en étant adapté à la contrainte du temps de calcul de la comparaison et en utilisant la nouvelle version de proteus (les lettres capitales dans le nom des protocoles signifient l'utilisation de la dernière version de proteus). MCa- est une variante de MCa avec une trajectoire six fois plus courte. Enfin, MC0 s'inspire de mc0 dans le sens où la température est suffisamment froide pour que nous puissions considérer qu'il n'y a pas de baisse de l'énergie au cours d'une trajectoire.

Protocoles "Replica Exchange" L'algorithme «Replica Exchange» (RE) est une extension du Monte-Carlo. Les paramètres d'un protocole RE sont ceux d'un protocole Monte-Carlo plus trois autres :

3.1. Les méthodes pratiques

Nom	Temp	Long. de trajectoire(mega)	Nb de trajectoires	Voisin	Proba
mc0	0.001	3	1000	10	0 ; 1 ; 0.1 ; 0 ;0
mc1	0.1	3	1000	10	0 ; 1 ; 0.1 ; 0 ;0
mc2	0.2	3	1000	10	0 ; 1 ; 0.1 ; 0 ;0
mc3	0.3	3	1000	10	0 ; 1 ; 0.1 ; 0 ;0
mc4	0.5	3	1000	10	0 ; 1 ; 0.1 ; 0 ;0
mc5	0.7	3	1000	10	0 ; 1 ; 0.1 ; 0 ;0
mc1b	0.1	6	1000	10	1 ; 1 ; 1 ; 1 ;0
mc2b	0.2	6	1000	10	0 ; 1 ; 0.1 ; 0 ;0
mc2c	0.2	3	10000	10	0 ; 1 ; 0.1 ; 0 ;0
mc2d	0.2	3000	1	10	0 ; 1 ; 0.1 ; 0 ;0
mc2e	0.2	3	1000	10	1 ; 0 ; 0.1 ; 0 ;0
mc4b	0.5	10	100	10	0 ; 1 ; 0 ; 1 ;0
MC0	0.01	1000	1	10	1 ; 0 ; 0.1 ; 0 ;0
MCA	0.2	6000	1	10	1 ; 0 ; 0.1 ; 0 ;0
MCA-	0.2	1000	1	10	1 ; 0 ; 0.1 ; 0 ;0
MCb	0.2	6000	1	10	0 ; 1 ; 0.1 ; 0 ;0

Table 3.6 – Les protocoles Monte-Carlo

- le nombre de marcheurs
- la température pour chaque marcheur
- la période de «swap», c'est-à-dire la période (en nombre de pas) à laquelle le test de Hasting sur l'échange de température est effectué.

Pour avoir des exécutions en parallèle avec au plus un marcheur par cœur du processeur, nous limiter nos tests à quatre ou huit marcheurs. La distribution des températures est un élément déterminant dans le comportement des marcheurs, car c'est elle qui pilote en grande partie le taux d'acceptation des échanges de températures. Nous suivons l'idée proposée par Kofke de lui faire suivre une progression géométrique ($\frac{T_i}{T_{i+1}} = C$, avec C une constante) [Kofke 2002, 2004a,b]. Ceci garantie alors que le taux d'acceptation d'échange entre T_i et T_{i+1} soit égale pour tout nos i. De plus, nous souhaitons centrer approximativement, nos distributions sur la température ambiante (environ 0.6 kcal/mol). Dans toute la suite, les températures et les énergies sont exprimées en kcal/mol.

Voici les températures pour le RE quatre marcheurs :

- 10, 1, 0.1 et 0.01
- 2, 1, 0.5 et 0.25
- 1, 0.5, 0.25 et 0.125

,et celles pour le RE huit marcheurs :

- 3 , 2 , 1.333 , 0.888 , 0.592 , 0.395 , 0.263 et 0.175

Chapitre 3. Comparaisons d’algorithmes

— 10 , 3.16 , 1 , 0.316 , 0.1 , 0.0316 , 0.01 et 0.00316

Ici les protocoles ne se font qu’avec une seule trajectoire par marcheur. Et la contrainte du temps de calcul se comprend comme vingt-quatre heures de calculs cumulées sur tous les marcheurs. Ainsi les longueurs de trajectoire sont définies pour le RE à quatre marcheurs comme le quart d’une trajectoire MC, pour le RE à huit marcheurs comme le huitième.

La table 3.7 donne les probabilités utilisées par les cinq balises qui contrôlent les modifications de la séquence/conformation à chaque pas, dans l’ordre de la liste de la section 3.1.3.

Nom	marcheurs	Temp	Traj (mega)	seuil voisin	Proba	swap period (mega)
RE4a	4	10<->0.01	1500	10	1 ; 0 ; 0.1 ; 0 ; 0	7.5
RE4b	4	1<->0.125	1500	10	1 ; 0 ; 0.1 ; 0 ; 0	7.5
RE4c	4	2<->0.25	1500	10	1 ; 0 ; 0.1 ; 0 ; 0	7.5
RE8a1	8	10<->0.00316	750	0	1 ; 0 ; 0.1 ; 0 ; 0	2.5
RE8a2	8	10<->0.00316	750	10	1 ; 0 ; 0.1 ; 0 ; 0	2.5
RE8b1	8	3<->0.175	750	10	0 ; 1 ; 0.1 ; 0 ; 0	7.5
RE8b2	8	3<->0.175	750	10	1 ; 0 ; 0.1 ; 0 ; 0	7.5
RE8b3	8	3<->0.175	750	10	1 ; 0 ; 0.1 ; 0 ; 0	1

Table 3.7 – Les protocoles «Replica Exchange»

Protocoles Toulbar2 Après avoir converti nos matrices au format «wcsp» grâce à un script dédié,nous pouvons utiliser toulbar2. Le protocole de recherche du GMEC est le suivant : L’exécutable toulbar2 de version 0.9.7.0 est lancé avec les options « -l=3 -m -d : -s», ce qui correspond au paramétrage conseillé dans la documentation CDP [Traoré et al. 2013 ; Allouche et al. 2014]. Si l’exécution se termine en moins de vingt-quatre heures, le protocole est achevé. Sinon le programme est arrêté et une seconde version (la 0.9.6.0) est lancée avec les options «-l=1 -dee=1 -m -d : -s». Au bout de vingt-quatre heures si le programme n’est pas terminé, il est arrêté. La dernière séquence/conformation imprimée en sortie est collectée. Le choix de la seconde version et du paramétrage fait suite à une discussion avec monsieur Seydou Traoré.

Toulbar2 offre également la possibilité de fournir la liste des séquences/conformations dont l’énergie est comprise entre celle qui correspond au GMEC, E_{GMEC} et une autre E_{upper_bound} donnée en paramètre. Pour utiliser cette fonctionnalité nous utilisons le paramétrage : «-d : -a -s -ub= E_{upper_bound} ».Cependant, il s’avère que cette utilisation peut utiliser une quantité de mémoire vive importante.Alors, pour éviter tout plantage de nos machines, la mémoire que toulbar2 peut allouer est limité à 30 Go.

3.1.4 Outils d'analyse des données

Superfamily/SCOP Superfamily [Gough et al. 2001] est un ensemble composé :

- D'une base de données de modèles de Markov cachés, où chaque modèle représente une structure 3D d'un domaine de la classification SCOP.
- D'une série de scripts qui annotent à partir des informations de la base, les séquences données en entrée. Ici, nous utilisons uniquement l'association au modèle 3D le plus vraisemblable.

Nous travaillons avec la base de données à la version 1.75, et en conjonction, nous utilisons SAM (version 3.5) [Hughey and Krogh 1996] et HMMER (version 3.0) [Eddy 1998] recommandés par l'équipe de Superfamily. Le paramétrage utilisé est celui par défaut.

Taux d'identité de séquences Soient S et N deux séquences d'acides aminés de même longueur l.

Le Taux d'identité $Id(S,N)$ de S par rapport N est égal au pourcentage de position où l'acide aminé est identique dans S et N. C'est-à-dire

$$Id(S,N) = \frac{\sum_{1 \leq i \leq l} \mathbb{1}(s_i, n_i)}{l} \times 100$$

avec s_i et n_i l'acide animé en i de S et de N respectivement, et $\mathbb{1}(x,y)$ la fonction qui vaut 1 lorsque $x=y$ et 0 sinon.

Taux d'identité par position Le taux d'identité d'un alignement A_S à la position i par rapport à une séquence N de même longueur se définit comme :

$$Id(A_S, i) = \frac{\sum_{1 \leq j \leq m} \mathbb{1}(s_i^j, n_i)}{m} \times 100, \text{ avec } m \text{ le nombre de séquences de } A_S.$$

Alignements Pfam Ce taux d'identité donne une mesure de la ressemblance entre un alignement et une séquence. Cela nous permet de comparer nos séquences calculées à la séquence native. Mais cela n'est pas notre seul objectif. Et nous voulons les évaluer par rapport à l'ensemble des séquences du domaine protéique de la native. La base de données Pfam (Protein families database) [Finn et al. 2014] regroupe les domaines protéiques connus en famille. Chaque famille étant représentée par des alignements multiples de séquences et des profiles de modèles de Markov cachés [Finn et al. 2014]. Dans la suite, nous n'utiliserons l'alignement dit « seed » qui se base sur un petit ensemble de membres représentatifs de la famille et l'alignement « full », plus large, qui est généré par modèle de Markov caché à partir de l'alignement «seed». Les alignements correspondent pour nous aux familles PF00017 (domaine SH2), PF00018 (domaine SH3) et PF00595 (domaine PDZ).

Chapitre 3. Comparaisons d’algorithmes

Score BLOSUM Pour tenir compte des ressemblances et des différences entre les acides aminés lors d'une substitution, nous avons besoin d'une matrice de coût. Nous utilisons la matrice BLOSUM62 (BLOcks SUbstitution Matrix) [Henikoff and Henikoff 1992] qui est construite à partir de blocs d'alignement très conservés (ici plus de 62% d'identités). Les fréquences des mutations y sont calculées. Le score BLOSUM d'une substitution est alors le logarithme de la fréquence de la mutation correspondante. À cela est ajouté un score de pénalités pour l'insertion d'un gap (c'est-à-dire un saut dans l'alignement).

On définit alors simplement un score de similarité de deux séquences de même longueur comme la somme des scores BLOSUM62 sur toutes les positions. De même le score de similarité d'un alignement par rapport à une séquence sera défini comme la moyenne des scores de similarité sur ensemble des séquences de l'alignement. Et enfin un score de similarité de deux ensembles de séquences alignés entre eux comme la moyenne des scores de similarité du premier ensemble par rapport aux séquences du second.

similarité d'un ensemble à une famille Pfam Afin de calculer un score de similarité d'un ensemble de nos séquences par rapport à une famille Pfam, il faut commencer par aligner nos séquences avec l'alignement de la famille. Pour cela nous utilisons le programme d'alignement BLAST [Altschul et al. 1990]. Il implémente une heuristique qui recherche puis étend les meilleurs alignements locaux. Nous procédons comme suit :

1. La commande blastpgp est utilisée avec comme database (paramètre -d) l'alignement Pfam et comme séquence en entrée (paramètre -i) la séquence native.
2. Dans la sortie blast, la séquence qui produit l'alignement le plus significatif avec la native est collectée, notons-la S_0 .
3. L'alignement blast est alors utilisé pour positionner la native par rapport à S_0 et les gaps nécessaires pour aligner la native à S_0 sont ajoutés.
4. Le positionnement et les gaps sont alors appliqués tels quels à la liste de nos séquences.

Répartition de l'énergie selon les centiles Pour étudier différentes distributions d'ensemble de séquences/conformations selon l'énergie, nous déterminons les centiles de la façon suivante :

1. L'ensemble de séquences/conformations est trié selon l'énergie.
2. L'intervalle entre la meilleure énergie et la moins bonne est divisé en cent intervalles consécutifs contenant le même nombre de séquences/conformations (un centième du cardinal de l'ensemble).

3.1. Les méthodes pratiques

3. Les quatre-vingt-dix-neuf valeurs d'énergie obtenues par ce découpage sont les centiles.

3.2 Résultats

3.2.1 Paramétrage du protocole Monte-Carlo

La valeur des paramètres du protocole Monte-Carlo est décidée sur les résultats des tests sur un ensemble de huit protéines (l’ensemble présenté en ?? sans 2BYG, ceci à cause d’un problème technique) avec toutes les positions actives.

Température et meilleures énergies Nous utilisons les protocoles de mc0 à mc5, voir table 3.8 pour évaluer d’effet du paramètre température dans la recherche de séquences/conformations de meilleures énergies. La table ?? présente les résultats obtenus arrondis à la kcal/mol inférieure. L’énergie proteus est l’énergie de dépliement c’est-à-dire l’énergie qu’il faut fournir à la protéine pour la déplier. Donc, dans toute la suite, les meilleures sont les énergies les plus grandes. Les tests aux températures les plus froides (0.001 et 0.1) donnent les meilleurs résultats pour la majorité des protéines. Cependant la dégradation des performances est lente avec l’augmentation des températures. Et les résultats pour les températures intermédiaires (0.2 et 0.3) sont souvent très proches des meilleurs résultats.

test	0.001 ^a	0.1 ^b	0.2 ^c	0.3 ^d	0.5 ^e	0.7 ^f
1ABO	-270	-270	-270	-271	-281	-289
1CKA	-251	-247	-252	-252	-261	-267
1BM2	-482	-486	-483	-486	-516	-541
1M61	-480	-481	-483	-485	-506	-523
1O4C	-532	-527	-533	-536	-563	-590
1G9O	-423	-425	-426	-432	-450	-462
1R6J	-411	-411	-412	-417	-435	-449

Table 3.8 – Meilleure énergie selon la température exprimée en kcal/mol, (^a le protocole mc0, ^b mc1, ^c mc2, ^d mc3, ^e mc4, ^f mc5)

Température et taux d’identité de séquences Nous poursuivons la comparaison des protocoles mc0-mc5 en regardant le taux d’identité entre les séquences d’acides aminés et la séquence native. Pour cela, nous reprenons les séquences/conformations obtenues et triées selon l’énergie décroissante. Nous sélectionnons dans cette liste, les dix mille premières séquences pour chaque test. Nous obtenons des taux d’identités globalement compris entre 20 et 40% , avec le plus souvent des valeurs proches de 30%. Les résultats aux températures 0.2 et 0.3 sont aussi bons que ceux à la température 0.1 et légèrement

3.2. Résultats

meilleurs que pour 0.001. Ici aussi, il y a une dégradation aux températures les plus hautes, faible à 0.5, plus nette à 0.7. voir la table 3.9.

test	0.001 ^a	0.1 ^b	0.2 ^c	0.3 ^d	0.5 ^e	0.7 ^f
1ABO	33	33	33	32	32	30
1CKA	26	27	27	27	26	26
1BM2	26	27	27	28	25	23
1M61	40	41	41	41	41	39
1O4C	21	21	21	21	20	19
1G9O	35	35	36	37	36	33
1R6J	33	33	32	32	31	29

Table 3.9 – Pourcentage d'identité de séquences selon la température,(^a le protocole mc0,^b mc1,^c mc2,^d mc3,^e mc4,^f mc5)

Température et résultats Superfamily Nous évaluons maintenant, la similarité que peuvent avoir nos séquences putatives avec la structure 3D du domaine de la protéine. Nous lancer Superfamily sur chaque ensemble de dix mille séquences (voir 3.2.1). Le tableau 3.10 présente le nombre de séquences attribuées au domaine de la séquence native par cet outil. Les résultats sont bons, sauf pour les températures les plus chaudes, la grande majorité des séquences sont attribuées au domaine natif respectif (les domaines sur en Table 3.37).Ici, les deux températures intermédiaires font quasiment jeu égal avec les deux températures les plus froides.

Protéine	0.001 ^a	0.1 ^b	0.2 ^c	0.3 ^d	0.5 ^e	0.7 ^f
1ABO	7382	8374	6764	5033	2576	1255
1CKA	8045	8497	9139	9534	8060	2490
1BM2	8073	8002	6861	7869	4458	2821
1M61	9489	9662	9825	9777	9822	8744
1O4C	7124	7702	6909	7849	7623	4847
1G9O	10000	10000	10000	10000	10000	9942
1R6J	9878	9871	9796	8794	5387	3787

Table 3.10 – Résultats Superfamily pour les dix mille séquences de meilleure énergie selon la température(^a le protocole mc0,^b mc1,^c mc2,^d mc3,^e mc4,^f mc5)

Température et entropie Il apparaît assez clairement, par le principe du test de Metropolis-Hasting, que le Monte-Carlo à basse température explore une partie de l'espace plus petite qu'à haute température. Il est alors légitime de mesurer cet effet sur les

Chapitre 3. Comparaisons d’algorithmes

ensembles de dix mille séquences obtenues. Nous utilisons un alphabet A (voir table 3.11) réduit à six classes d’acides aminés, comme proposé dans [Launay et al. 2007] qui permet de se focaliser sur les différences physico-chimiques des acides aminés.

L’entropie par position H_i est alors définie de la façon suivante. Pour i une position dans la séquence, notons $f_i(a)$ la fréquence en i, de la lettre a de l’alphabet A . Alors $H_i = - \sum_{a \in A} f_i(a) * \log(f_i(a))$

Puis, nous calculons la moyenne sur les positions des $\exp(H_i)$ pour nos tests. Les résultats sont sur le tableau 3.12.

acide aminé	alphabet	acide aminé	alphabet
L	1	S	4
V	1	T	4
I	1	P	4
M	1	E	5
C	1	D	5
F	2	N	5
Y	2	Q	5
W	2	K	6
G	3	R	6
A	4	H	6

Table 3.11 – Alphabet réduit

Nous observons une diminution systématique de l’entropie avec cette de la température. Cela représente une moindre diversité dans les séquences obtenues pour les températures des plus froides.

Protéine	0.001 ^a	0.1 ^b	0.2 ^c	0.3 ^d
1ABO	1.68	1.80	1.84	2.14
1CKA	1.85	2.06	2.09	2.13
1BM2	1.88	1.94	1.96	2.11
1M61	1.53	1.60	1.62	1.79
1O4C	2.18	2.21	2.23	2.3
1G9O	1.64	1.68	1.84	2.07
1R6J	1.75	1.79	1.94	2.20

Table 3.12 – Moyennes sur les positions des $\exp(\text{entropies})$ pour les dix mille séquences de meilleure énergie,(^a le protocole mc0,^b mc1,^c mc2,^d mc3)

Trajectoire et pourcentage d’identité Le nombre de pas effectués dans les protocoles Monte-Carlo est le produit du nombre de trajectoires par la longueur de trajectoire. Nous

comparons le pourcentage d'identité de séquences par rapport à la séquence native pour des protocoles ne variant que par le nombre de trajectoires ou la longueur de la trajectoire. Deux ensembles sont traités, mc1 et mc1b (variante de mc1 avec des trajectoires deux fois plus grandes) d'une part et mc2, mc2b , mc2c et mc2d d'autre part, mc2b ayant des trajectoires deux fois plus grandes de mc2, mc2c dix fois plus de trajectoires que mc2 et le même nombre de pas, mais une seule trajectoire pour mc2d par rapport mc2. Les résultats sont visibles à la table 3.13.L'effet du doublement de la longueur de la trajectoire existe, mais est très faible. De même, l'augmentation du nombre de trajectoires, pourtant drastique, n'apporte quasiment rien. Élément intéressant, à nombre de pas identique, il n'y pas de différence notable entre le protocole mille trajectoires et celui à une seule.

Protéine	mc1	mc1b	mc2	mc2b	mc2c	mc2d
1ABO	33	33	33	33	33	33
1CKA	24	25	25	26	25	25
1BM2	26	27	27	27	27	27
1M61	40	40	41	42	41	41
1O4C	21	21	21	21	21	21
1G9O	35	35	36	36	36	36
1R6J	33	33	32	32	33	33

Table 3.13 – Pourcentage d'identité en variant la longueur et le nombre de trajectoires.

Mutations et pourcentage d' identité Jusqu'à présent, nous avons utilisé le même mode de modification de la séquence/conformation entre chaque pas Monte-Carlo pour tous les protocoles. Il s'agit du mode qui utilise les balises <Prot_Prot> avec une valeur à 1 et <Mut> avec une valeur à 0.1. Cela veut dire qu'à chaque pas deux rotamères sont modifiés sans changement du type de résidu et qu'une troisième position change d'acide aminé avec une probabilité de 0.1. Nous allons comparer ce mode de modification (avec les protocoles mc1 et mc2) avec un mode où seulement le rotamère est changé à une position sans changement de type et une seconde position change d'acide aminé la même probabilité que précédemment, 0.1 (avec les protocoles mc1b et mc2e). Les résultats sont visibles à la table ((Table 3.14)). Nous voyons que le en ce qui concerne le premier couple de protocoles, il n'y a un déclin pour tous les tests. Pour le second, il y a également une dégradation des performances globales, mais elle n'est pas systématique. Il y a même une amélioration pour la protéine 1R6J.

Protéine	mc1	mc1b	mc2	mc2e
1ABO	33	30	33	32
1CKA	27	24	27	26
1BM2	27	22	27	27
1M61	41	35	41	41
1O4C	21	18	21	20
1G9O	35	31	36	29
1R6J	33	27	32	33

Table 3.14 – Pourcentage d’identité pour deux modes de mutations.

3.2.2 Comparaisons Monte-Carlo et heuristique

comparaisons des score de similarités Nous examinons maintenant plus en détail les résultats de trois protocoles : h, mc2 et mc3.Tout d’abord, nous calculons le score de similarité par position et par séquence de nos dix milles meilleures séquences d’acides aminés par rapport aux alignements Pfam «seed» et «full» . Pour avoir un point de comparaisons, les scores de la séquence native contre Pfam «seed» et «full» sont aussi représentés. Les résultats sont présentés sous forme de graphiques, une page par protéine. Pour chaque protocole, deux graphiques à gauche représentent les similarités par position par rapport à l’alignement Pfam «seed» et respectivement Pfam «full». Un troisième graphique représente les similarités par séquence. Pour plusieurs protéines les scores de similarités par séquence des séquences putatives sont nettement inférieurs que ceux de la native. Cependant, les écarts sont relativement bien repartis selon les positions voir graphiques à gauche, ce qui donne en réalité des scores à chaque position assez comparables entre la native et les putatives en particulier pour 1G9O 1R6J 1M61,et 1CKA. Ces écarts sont plus importants pour 1ABO 1BM2 et 1O4C. On peut noter que pour 1G9O la séquence native n’est pas très similaire à l’alignement «seed» et qu’il y a des séquences putatives meilleures que la native sur ce plan.Ces résultats ne révèlent pas de différence notable entre les trois protocoles.

rappor entre énergies et similarités Pour faire le lien entre les comparaisons basées sur les meilleures énergies et les comparaisons basées sur les scores de similarités, nous représentons les énergies des dix mille meilleures séquences en fonction de leur similarité à l’alignement Pfam « seed». Une séquence peut apparaître plusieurs fois dans l’ensemble des séquences/conformations obtenues.Alors toutes les énergies trouvées de la séquence sont représentées voir les graphiques 3.9. La corrélation entre les deux critères semble très faible.Pour 1CKA malgré des énergies pour l’heuristique moins bonnes, la similarité est

3.2. Résultats



Figure 3.2 – Similarité par position et par séquence pour 1ABO

Chapitre 3. Comparaisons d'algorithmes

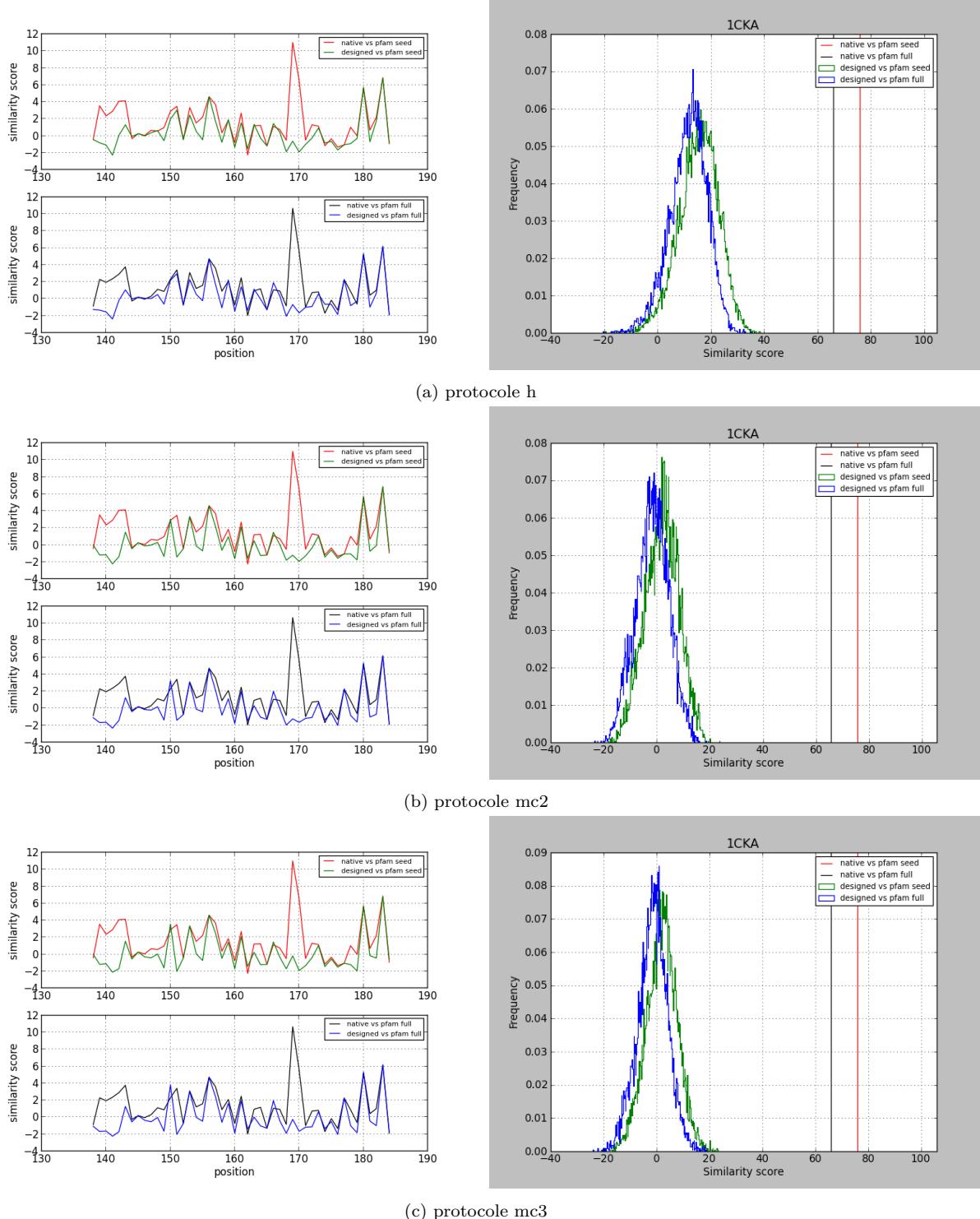


Figure 3.3 – Similarité par position et par séquence pour 1CKA

3.2. Résultats

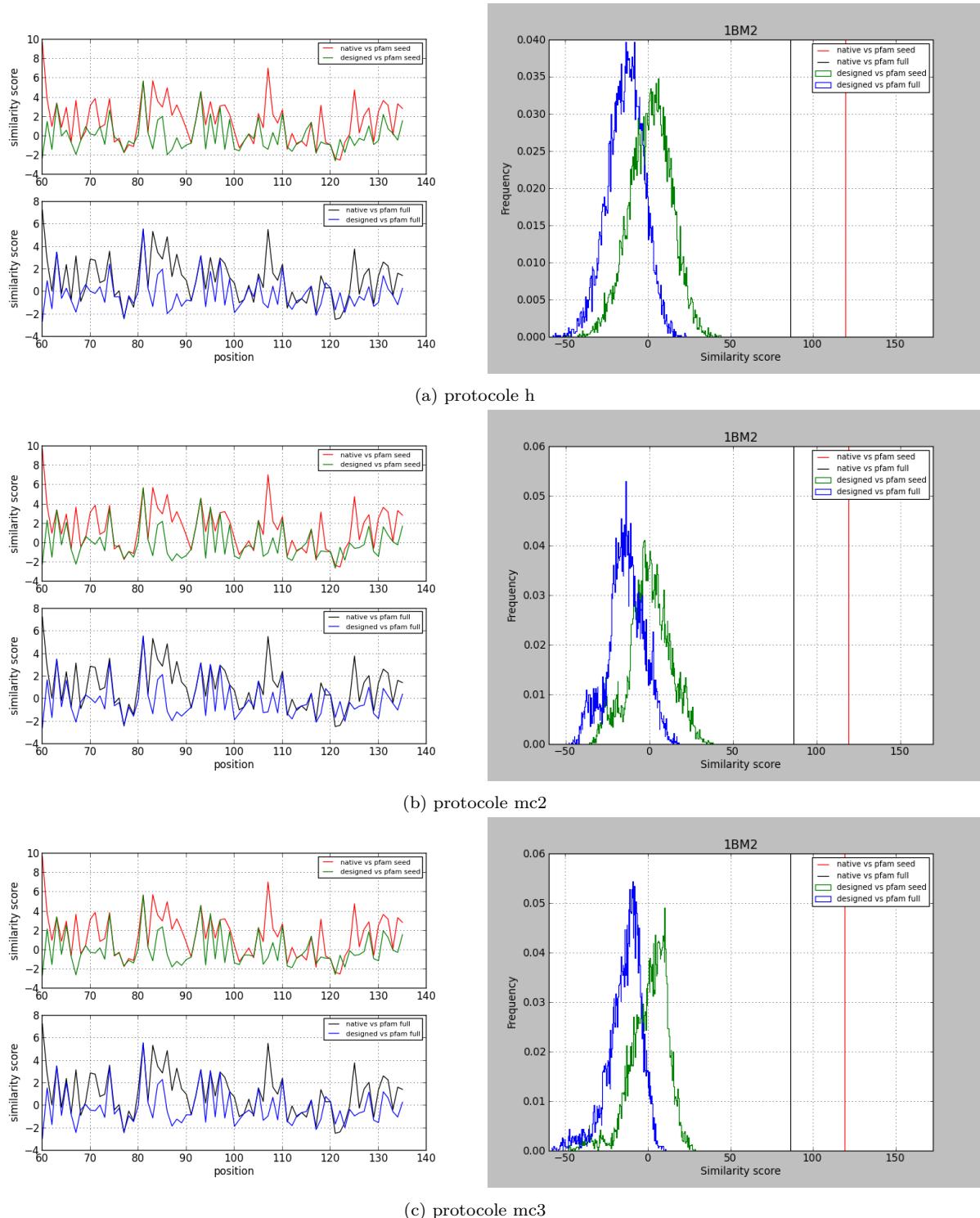


Figure 3.4 – Similarité par position et par séquence pour 1BM2

Chapitre 3. Comparaisons d'algorithmes



Figure 3.5 – Similarité par position et par séquence pour 1M61

3.2. Résultats

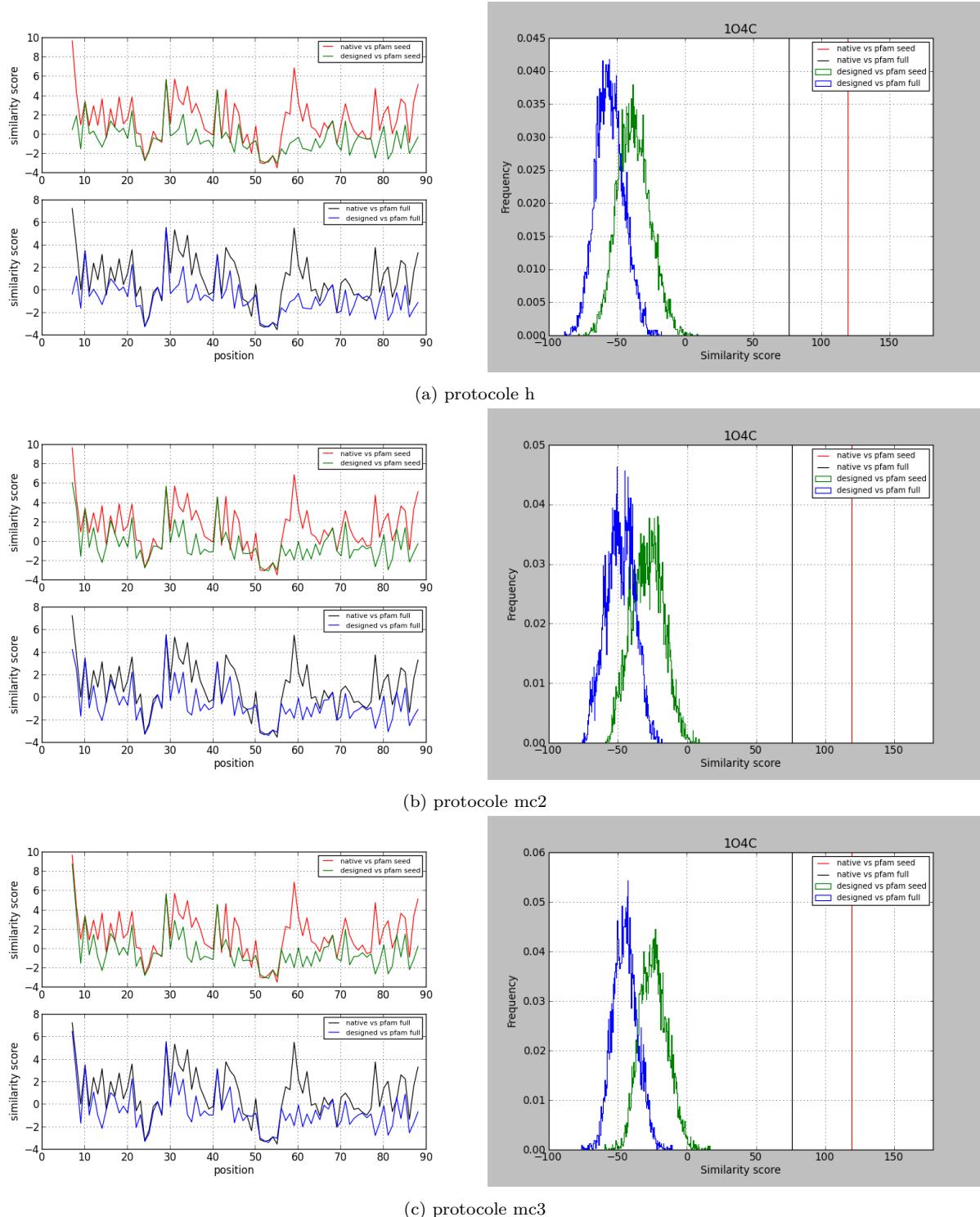


Figure 3.6 – Similarité par position et par séquence pour 1O4C

Chapitre 3. Comparaisons d'algorithmes



Figure 3.7 – Similarité par position et par séquence pour 1G9O

3.2. Résultats

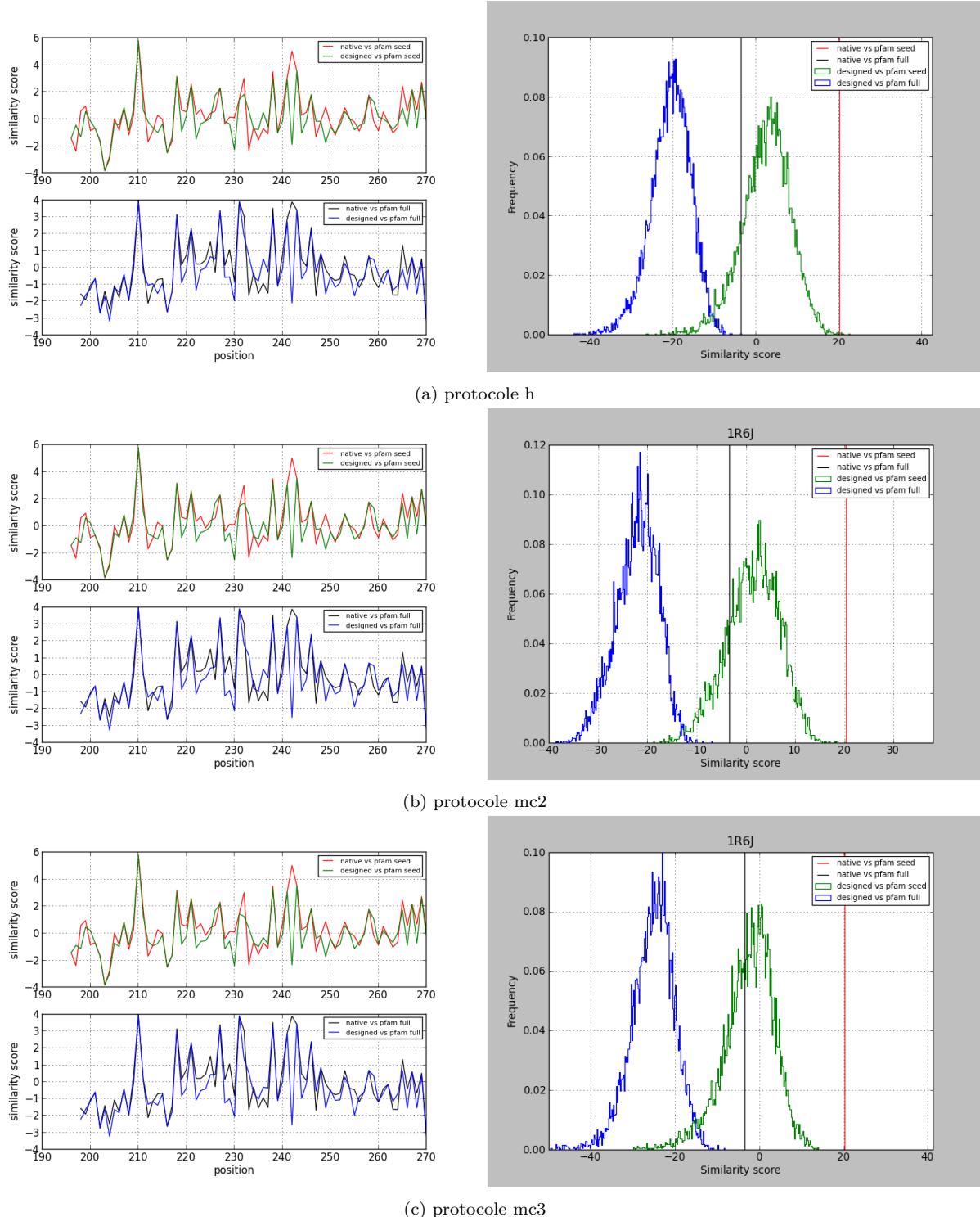


Figure 3.8 – Similarité par position et par séquence pour 1R6J

Chapitre 3. Comparaisons d'algorithmes

meilleure.Bien que les énergies obtenues avec le protocole mc2 soient meilleures que celles avec le protocole mc3, il n'y a pas de différence significative sur les scores de similarités obtenus.

Comparaisons des distributions selon l'énergie Ici nous nous intéressons aux ensembles de cent mille séquences/conformations de meilleures énergies.Nous calculons les centiles d'énergie pour chaque protéine et pour chacun des trois protocoles h , mc2, mc3.

Les figures ?? représentent la répartition des énergies selon les centiles, ceci pour les trois protocoles h, mc2, mc3. Pour le premier centile (c'est-à-dire l'énergie au-dessus de laquelle il y a les mille meilleures séquences/conformations) le protocole mc2 domine sauf pour la protéine 1R6J où h est meilleur jusqu'au vingtième centile .Pour 1ABO, alors que mc2 et mc3 font quasiment jeu égal pour la meilleure énergie, le premier centile de mc2 est nettement plus haut que celui de mc3.Mais en général, l'allure des courbes des deux protocoles Monte-Carlo est très proche.Et les écarts entre les meilleures énergies de mc2 et mc3 sont globalement conservés le long des centiles.Ce n'est pas le cas entre h et les protocoles Monte-Carlo, où l'on voit un déclin plus rapide le long des centiles.Ce qui montre une densité plus faible des séquences/conformations de bonne énergie pour l'heuristique.

3.2. Résultats



Figure 3.9 – Similarité selon l'énergie



3.2.3 Comparaisons avec toutes les positions actives

meilleure énergie selon les protocoles Passons maintenant, aux résultats obtenus avec la seconde version de proteus ?? . Cette version intègre notamment l'algorithme « Replica Exchange ». Nous pouvons donc faire des comparaisons entre les trois algorithmes du programme. Tous les protocoles utilisés sont décrits dans les tableaux 3.6 ou 3.7. Commençons par la recherche de la séquence/conformation de meilleure énergie pour toutes les positions actives. Les tests sont décrits au paragraphe 3.1.2. Les résultats sont présentés sous forme de tableau en 3.15 qui contient la meilleure énergie arrondie à la kcal/mol inférieure et aussi sous forme de graphique en 3.11 où sont représentées les différences par rapport à la meilleure énergie pour tous les cas.

Il n'y pas de protocole qui domine les autres sur toutes les protéines. Le meilleur résultat est obtenu avec le protocole huit marcheurs RE8b2 pour 2BYG , 1BM2, 1O4C et 1A81, le protocole RE8b1 pour 1CKA et 1ABO, le protocole quatre marcheurs RE4b pour 1G9O , les protocoles mono marcheurs MCb pour 1M61 et H pour 1R6J. Ces résultats sont également représentés sous forme de trois graphiques qui regroupent les protocoles utilisant les protocoles non parallèles, les protocoles quatre marcheurs et les protocoles huit marcheurs. Un quatrième graphique regroupe le meilleur protocole de chaque algorithme. Là encore, seules les différences par rapport au meilleur protocole sont représentées. Le protocole H fait jeu égal avec le meilleur protocole Monte-Carlo. Le second Monte-Carlo , qui utilise en mode de mutation moins agressif 3.1.3, est nettement plus mauvais avec presque toujours des écarts de plus de cinq Kcal/mol avec les deux autres protocoles non parallèles. Pour le groupe de protocoles avec quatre marcheurs, le RE4b qui se différencie des deux autres par une plage de températures la plus resserrée est meilleur pour cinq des sept protéines. Mais pour les deux protéines restantes la différence se limite à deux Kcal/mol. RE4a, le protocole avec la plage de température la large est moins bon que les autres. En ce qui conserve les protocoles huit marcheurs , deux d'entre eux se démarquent RE8b1 et RE8b2 (plage de température resserrée, grande période de swap et mode de modification agressif pour le premier , plus conservateur pour le second). RE8b1 obtient des résultats assez irréguliers selon les protéines du meilleur pour 1CKA et 1ABO jusqu'à s'écarte de près de huit Kcal/mol de la plus haute énergie. RE8b2, soit donne les meilleurs résultats (dans cinquante pour cent des cas), soit s'écarte d'au plus quatre Kcal/mol des meilleurs résultats.

Protéine	H	MCa	MCb	RE4a	RE4b	RE4c	RE8a1	RE8a2	RE8b1	RE8b2	RE8b3
1A81	-521	-538	-522	-525	-520	-518	-520	-520	-514	-512	-512
1ABO	-272	-274	-268	-273	-269	-272	-273	-273	-268	-271	-271
1BM2	-484	-500	-486	-488	-481	-486	-489	-489	-478	-476	-480
1CKA	-252	-258	-249	-259	-251	-249	-251	-251	-247	-248	-252
1G9O	-428	-435	-428	-429	-421	-428	-430	-430	-428	-425	-426
1M61	-480	-493	-479	-483	-480	-480	-481	-481	-480	-480	-480
1O4C	-535	-545	-531	-536	-529	-532	-536	-536	-527	-524	-525
1R6J	-407	-419	-414	-415	-409	-414	-411	-411	-409	-408	-409
2BYG	-457	-469	-454	-461	-456	-462	-460	-460	-456	-454	-454

Table 3.15 – les meilleures énergies pour tous les résidus actifs(arrondies à l'entier inférieur)

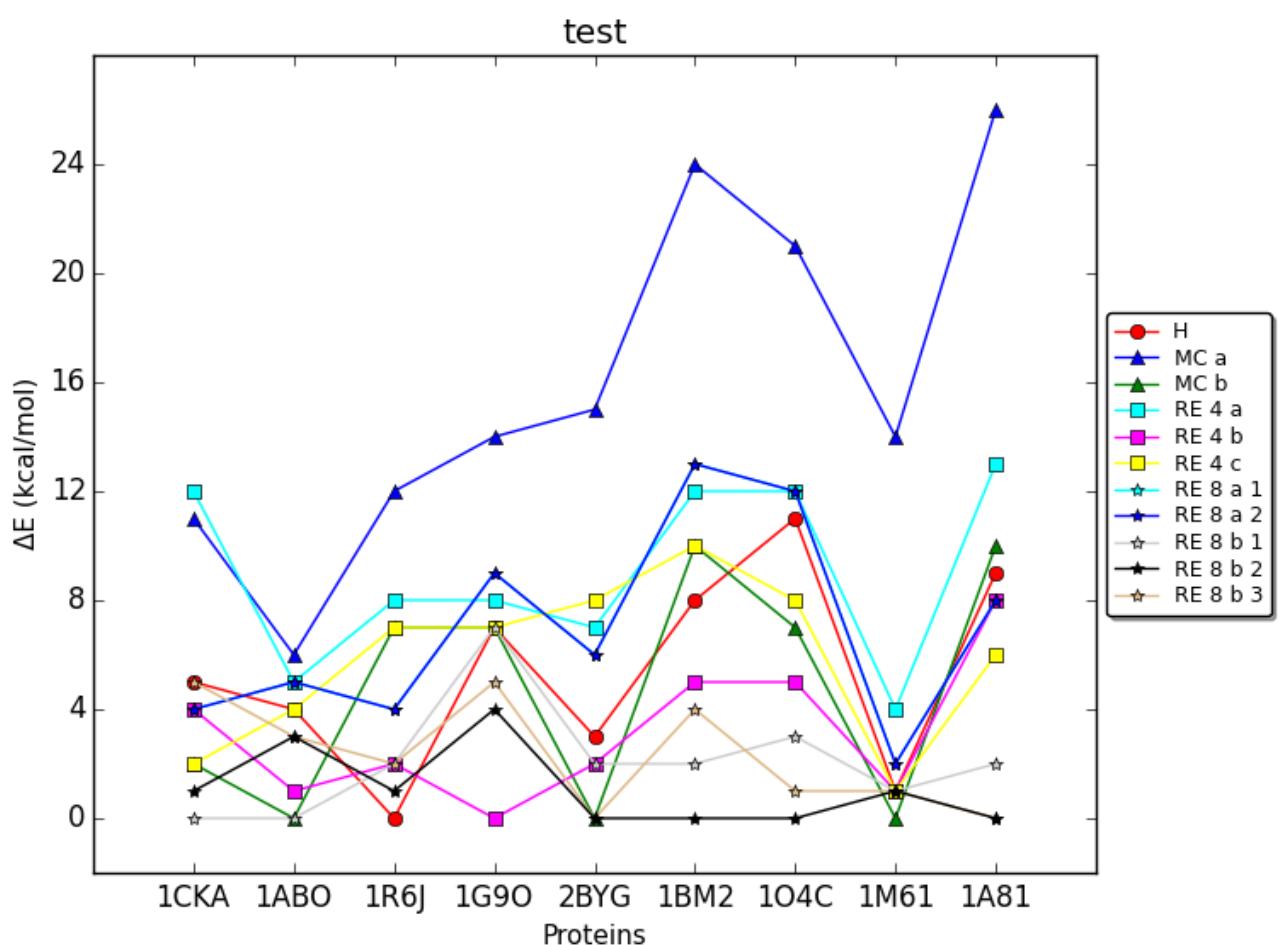


Figure 3.11 – Les différences entre les meilleures énergies de chaque protocole.

3.2. Résultats



Figure 3.12 – Les différences entre les meilleures énergies par groupe de protocoles

Distribution des énergies en fonction des températures Regardons plus en détail le comportement du programme pour l'algorithme "Replica Exchange". Notre implémentation de cet algorithme consiste à modifier la température de certains marcheurs à certains moments voir ???. Pour examiner la trajectoire à une température donnée t (c'est à dire le graphe dans l'espace les séquences/conformations selon les pas du marcheur lorsqu'ils sont à la température t), nous découpons les trajectoires des marcheurs selon la température. Puis nous collons les segments de trajectoires de même température en respectant l'ordre des pas. Comme les changements de températures se font de façon synchrone, c'est-à-dire un échange entre deux marcheurs, nous obtenons autant de trajectoires selon la température qu'il y a de marcheurs et ces nouvelles trajectoires sont de mêmes longueurs que les trajectoires obtenues par proteus. La figure 3.13 représente la distribution en énergie des trajectoires selon la température sur le test utilisant le protocole RE8b1 sur la protéine 1A81. Nous observons une courbe en cloche pour chaque température, retrouvant ainsi l'allure d'une distribution de Boltzman. L'espace de recouvrement entre deux courbes



Figure 3.13 – Distribution des énergies selon la température (1A81 protocole RE8b1).

consécutives, représente la partie de la distribution dans laquelle les échanges de température vont être concentrés, parce que cette zone recouvre les situations où la température peut augmenter sans dégradation de l'énergie. En effet, le critère de Metropolis-Hastings peut accepter un réchauffement de marcheur (respectivement un refroidissement) si son énergie diminue (respectivement, augmente), mais uniquement avec une probabilité qui décroît exponentiellement en fonction de la différence d'énergie. À l'inverse si les recouvrements des distributions consécutives sont trop importants le marcheur peut difficilement s'éloigner de la plage d'énergie d'une température. Le graphique nous confirme que le choix d'une plage de température entre 3.0 et 0.175 pour les protocoles huit marcheurs rend possibles les échanges de températures et permet également l'exploration d'une vaste zone d'énergie.

Trajectoires dans l'espace des températures Un critère de performance souvent utilisé est la proportion de changements de températures effectivement acceptés. Pour examiner ces changements, nous représentons la trajectoire dans l'espace des températures pour quatre tests sur la protéine 1A81. Il s'agit des tests effectués avec deux protocoles à quatre marcheurs, le RE4a et le RE4b et deux protocoles à huit marcheurs, le RE8a2 et le RE8b1, voir figure 3.14. Les deux graphiques quatre marcheurs représentent seulement la moitié des trajectoires de 1,5 million de pas, tandis que les graphiques huit marcheurs représentent la totalité de trajectoires de 750 millions de pas. Comme prévu, le protocole

3.2. Résultats

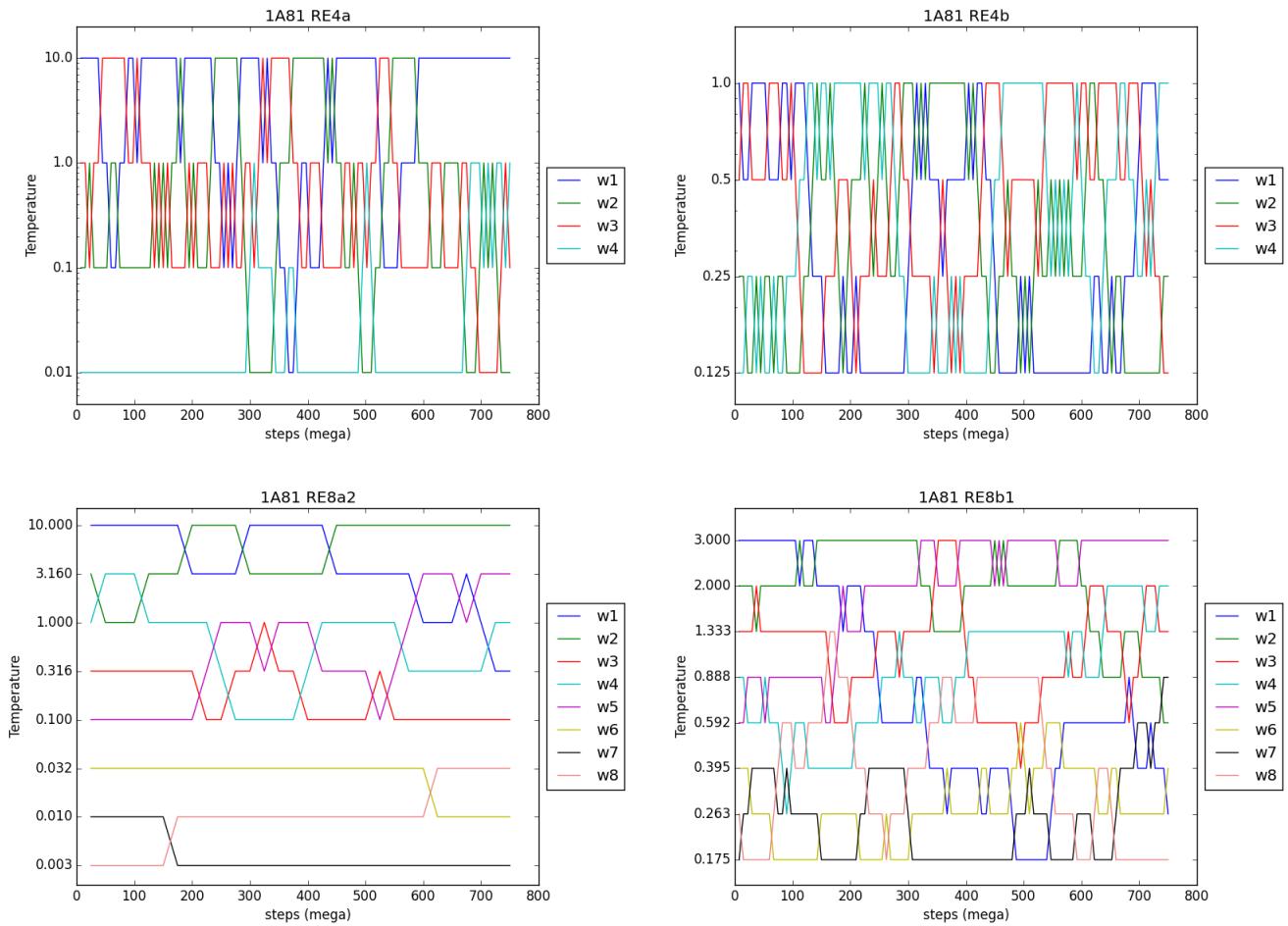


Figure 3.14 – Variation de la température pendant la trajectoire de chaque marcheur (cas exemple de protocoles).

RE4a , qui possède des températures plus écartées , brasse assez mal les températures. En particulier, le marcheur w4 ne quitte presque pas la température la plus froide, et ce malgré une période de swap assez faible et un nombre d'échanges effectifs assez important. On voit que pour RE4b, protocole avec les températures plus proches , la répartition des échanges est nettement plus uniforme. Le fait de double le nombre de températures pour le même intervalle que RE4a ne suffit pas à résoudre le problème et les trois marcheurs les plus froids en début de trajectoire pour le RE8a2 restent froids. Les bons résultats obtenus pour RE4b sont confirmés pour RE8b1 qui utilise également des températures proches.

Chapitre 3. Comparaisons d’algorithmes

Résultats Superfamily Le protocole RE8b2 obtient globalement les meilleurs résultats en terme d’énergie. Alors, regardons la similarité des séquences obtenues grâce à lui avec la structure 3D du domaine de chacun des neuf domaines. Les dix mille séquences/conformations de meilleures énergies sont sélectionnées, puis les séquences d’acides aminés uniques dans ces ensembles sont extraites. Nous obtenons des ensembles d’en moyenne six cent quarante-trois séquences d’acides aminés. Superfamily est lancé sur ces séquences. Les résultats sont dans le tableau 4.17 ; les colonnes « Superfamily Evalue » et « Family Evalue » contiennent la moyenne des evalues sur l’ensemble. Ils sont très bons avec cent pour cent des séquences attribuées à la structure 3D de la superfamille et de la famille de la séquence native, pour huit des neuf domaines. Seules les séquences de 1A81 ne sont similaires aux familles SCOP. On peut également noter que bien qu’il existe des écarts de trois et quatre kcal/mol entre les meilleures séquences de RE8b2 et d’autres protocoles pour 1ABO et 1G9O, cela n’affecte en rien la similarité en sens de Superfamily.

Protein	seq number	Match/seq size	Superfamily Evalue	Superfamily success	Family Evalue	Family success
1A81	236	no				
1ABO	203	51/58	4.4e-4	100%	2.8e-3	100%
1BM2	209	78/98	4.2e-5	100%	2.6e-3	100%
1CKA	416	40/57	1.1e-5	100%	3.4e-3	100%
1G9O	338	79/91	7.0e-7	100%	2.5e-3	100%
1M61	405	97/109	7.2e-7	100%	2.6e-4	100%
1O4C	274	95/104	2.1e-4	100%	4.5e-3	100%
1R6J	270	74/82	9.8e-6	100%	4.6e-3	100%
2BYG	426	59/97	1.4e-5	100%	7.1e-3	100%

Table 3.16 – Résultats Superfamily pour le protocole RE8b2

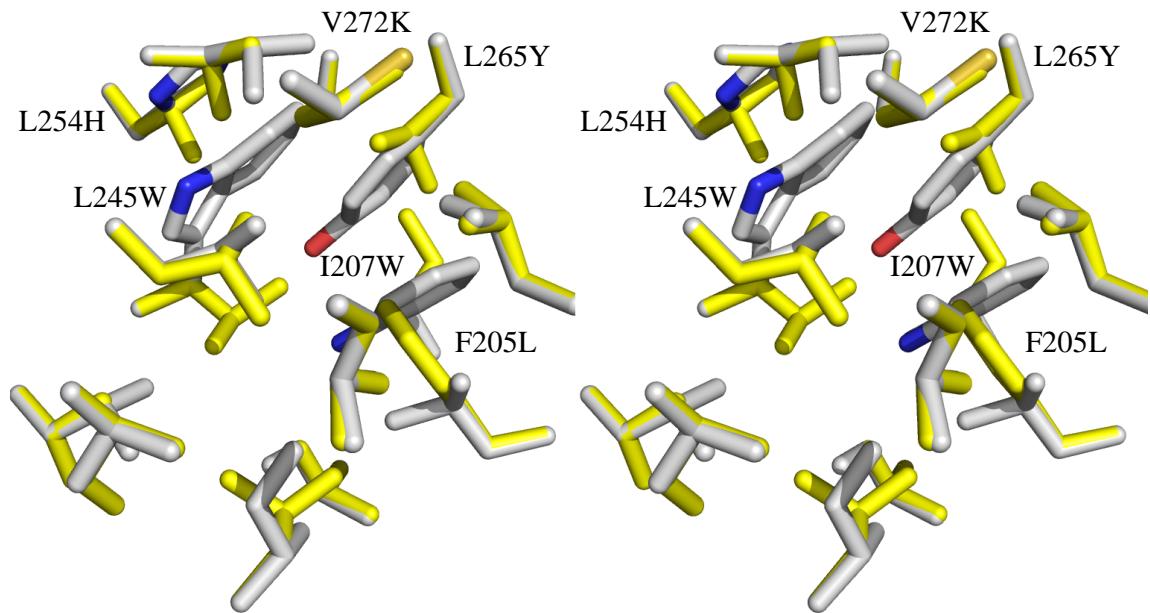


Figure 3.15 – Exemple de structure : meilleures séquence/conformation obtenue par notre programme pour 2BYG, lorsque toutes les positions sont actives.

Exemple de structure obtenue

3.2.4 comparaisons avec un espace d’états réduit

Le programme proteus permet de recherche des séquences/conformations avec des contraintes. En particulier, il est possible de fixer le type de résidu à une position dans la chaîne, en laissant alors comme degré de liberté le choix du rotamère. Nous utilisons cette fonctionnalité afin de réduire l'espace d'exploration et ainsi nous permettre des comparaisons avec les résultats de Toulbar2, un programme de recherche exacte, voir 3.1. Les tests sont faits sur nos neuf protéines, voir 3.1.2

Séquence native Les tests les plus simples consistent à fixer toutes les positions de la chaîne polypeptidique avec le résidu de la séquence native. C'est réduire la recherche CPD à une recherche de conformation pour la séquence native. Comme l'espace de recherche est particulièrement petit, il apparaît rapidement que les protocoles comparables sur vingt-quatre heures de calculs sont disproportionnés. Nous utilisons alors des versions plus courtes des protocoles, c'est-à-dire H- pour l'heuristique, MCb- et MC0 pour le Monte-Carlo. De la même façon, les protocoles parallèles ne sont pas utilisés. Les résultats sont présentés dans le tableau 3.17. La colonne «GMEC» indique si toulbar2 est parvenu à trouver le minimum global. Les autres colonnes contiennent l'énergie obtenue si c'est la meilleure des quatre protocoles utilisés, ou la différence entre énergies obtenues et la meilleure, de façon à ce que la meilleure énergie apparaisse une seule fois par ligne. Ce type de tableau est conservé dans toute la suite. Toulbar2 trouve rapidement le GMEC dans tous les cas (les temps de calcul seront examinés plus loin ??), tout comme H-. Le protocole très froid MC0 donne également de bons résultats sans toutefois atteindre le GMEC pour trois des protéines (1A81, 1BM2 et 1G9O), les écarts étant très faibles. Lorsque la capacité du Monte-Carlo à baisser l'énergie du marcheur est rétablie avec le protocole MCb-, les résultats sont globalement légèrement améliorés. Mais les écarts ne se situent pas forcément sur les mêmes protéines.

Une position active Maintenant, nous augmentons légèrement la taille de l'espace des séquences/conformations en autorisant une seule position à changer de type de résidu. Nous faisons ce type de test pour toutes les positions cela représente un ensemble de huit cent quatre cas à tester. Les protocoles utilisés sont toulbar2, H- et MCb-. Les résultats sont largement satisfaisants pour tous les protocoles. Toulbar2 trouve le GMEC dans tous les cas et H- aussi sauf dans un seul cas où l'écart est de moins d'un centième de kcal/mol. Le protocole MCb- touche le GMEC dans environ quatre-vingts pour cent des cas. Sinon, il s'approche toujours de très près de lui. Cela dépend beaucoup de la protéine. Les cas sont répartis de la façon suivante :

3.2. Résultats

Protéine	GMEC	toulbar2	H-	MC0	MCb-
1A81	yes	-585.1365	0.	-0.2547	0
1ABO	yes	-320.1798	0.	0	0
1BM2	yes	-553.5532	0.	-0.0564	-0.0121
1CKA	yes	-319.2787	0.	0	0
1G9O	yes	-481.1175	0.	-0.1394	0
1M61	yes	-555.9140	0.	0	0
1O4C	yes	-591.2115	0.	0	-0.1250
1R6J	yes	-454.9340	0.	0	0
2BYG	yes	-507.0165	0.	0	0

Table 3.17 – La meilleure énergie et l'écart avec les autres protocoles lorsque la séquence des protéines est fixée

- Pour 1ABO, 1G9O et 2BYG le GMEC est trouvé dans tous les cas.
- Pour 1A81, dans treize cas sur cent neuf le GMEC est seulement frôlé à moins de cinq centièmes de kcal/mol,voir 3.18.
- Pour 1BM2, c'est cinquante-deux sur quatre-vingt-dix-huit, avec des écarts du même ordre,voir 3.19.
- Pour 1CKA, un seul cas sur cinquante-sept est éloigné du GMEC, d'à peu près un centième,voir 3.20.
- Pour 1R6J, c'est sept cas sur quatre-vingt-deux.Les écarts sont inférieurs à deux centièmes.
- De même pour 1M61, un cas sur cent neuf,voir 3.21.
- Pour 1O4C, seulement quatre tests sur cent cinq atteignent le GMEC.Ici, les écarts sont légèrement plus grands que pour les autres protéines, avec des valeurs le plus souvent entre un et trois dixièmes,voir 3.22.

Donc, la proportion de GMEC trouvé est plus forte pour les protéines des familles PDZ et SH3 que pour celles de la famille SH2 (1BM2,1O4C, 1M61 et 1A81).

Cinq positions actives Passons maintenant aux tests où cinq positions sont actives. La taille de l'espace d'états augmente de façon significative.Il y a cinq tests par protéines numérotés de un à cinq dans le tableau 3.25. Le choix des positions est fait aléatoirement sur un certain voisinage énergétique, voir 3.1.2, et la description complète des tests est en 20.Les protocoles utilisés systématiquement sont toulbar2,H et MCb. De plus, pour les tests où les résultats du Monte-Carlo ne sont pas complètement satisfaisants, le protocole RE8b2 est lancé.Le protocole H et toulbar2 parviennent au GMEC dans tous les cas.Le MCb trouve également le GMEC dans trente-cinq cas sur quarante-cinq.Dans huit cas, le

Chapitre 3. Comparaisons d’algorithmes

Position	GMEC	toulbar2	H-	MCb-
14	yes	-584.4693	0.	-0.0405
39	yes	-584.7378	0.	-0.0111
55	yes	-584.0477	0.	-0.0012
60	yes	-583.7763	0.	-0.0140
66	yes	-592.3835	0.	-0.0347
70	yes	-583.8950	0.	-0.0348
71	yes	-588.5916	0.	-0.0247
76	yes	-583.3815	0.	-0.0138
79	yes	-582.8485	0.	-0.0406
86	yes	-584.1412	0.	-0.0224
101	yes	-583.8406	0.	-0.0248
105	yes	-583.0197	0.	-0.0248
107	yes	-582.2241	0.	-0.0248

Table 3.18 – Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 1A81, une position active.

marcheur passe à moins de deux dixièmes du GMEC. Il reste un cas où l’écart est net à presque une kcal/mol et un franchement mauvais à plus de cinq. Pour ces deux derniers cas, le protocole multi marcheur atteint le GMEC.

Dix positions actives Il n’y a également quarante-cinq tests de recherche avec dix positions actives. Ici, le choix des positions comme dans toute la suite se fait comme décrit en 3.1.2. Le détail des tests est en 21. Les mêmes protocoles que précédemment sont utilisés (toulbar2, H, MCb et éventuellement RE8b2). Toulbar2 aboutit au GMEC pour quarante-quatre tests. Sur ce sous-ensemble, H trouve le GMEC pour quarante tests et MCb dans vingt cas. Les écarts pour l’heuristique sont très faibles sauf pour un cas, le «1M61 2» que nous étudions plus en détail dans la suite. MCb trouve le GMEC dans vingt-sept cas sur quarante-quatre. Six écarts sont autour de 1 ou plus. Pour ces tests, Le RE8b2 fait mieux. Il trouve le GMEC dans deux pas , mais n’améliore la performance du Monte-Carlo que légèrement pour «1ABO 1». Pour le test où toulbar2 échoue , le «2BYG 2» , H donne la meilleure énergie et MCb en est proche. La dernière solution proposée par toulbar2 en est loin, voir 3.26.

Regardons les tests avec dix positions actives sous l’angle des séquences d’acides aminés. Nous comparons la séquence de meilleure énergie de chaque protocole. Le tableau 3.27 présente le nombre de positions où l’acide aminé de la séquence du GMEC est différent de la séquence de H, respectivement de MCb. Il n’y a qu’un seul cas où la séquence de H est différente de celle du GMEC. Il y en a quatorze pour le Monte-Carlo avec un nombre de positions différentes allant jusqu’à sept.

Vingt positions actives Pour les tests avec vingt positions actives, les mêmes quatre protocoles sont utilisés, mais pour vérifier qu’il n’y a pas de perte entre le protocole mono marcheur et le multi marcheur, nous utilisons cette fois systématiquement le RE8b2,

3.2. Résultats

Position	GMEC	toulbar2	H-	MCb-
2	yes	-553.3134	0.	-0.0040
3	yes	-553.5532	0.	-0.0121
5	yes	-553.0932	0.	-0.0179
6	yes	-553.5532	0.	-0.0121
8	yes	-556.1917	0.	-0.0148
10	yes	-551.4990	0.	-0.0149
11	yes	-551.8859	0.	-0.0149
12	yes	-550.8152	0.	-0.0148
13	yes	-553.4829	0.	-0.0451
14	yes	-553.5532	0.	-0.0121
15	yes	-553.5532	0.	-0.0121
17	yes	-553.5532	0.	-0.0121
18	yes	-553.0880	0.	-0.0121
19	yes	-553.5532	0.	-0.0270
20	yes	-553.0003	0.	-0.0121
21	yes	-553.5532	0.	-0.0121
22	yes	-553.1769	0.	-0.0121
29	yes	-553.5532	0.	-0.0121
34	yes	-553.5532	0.	-0.0270
36	yes	-555.3358	0.	-0.0317
37	yes	-553.5532	0.	-0.0121
41	yes	-553.5076	0.	-0.0121
46	yes	-552.9056	0.	-0.0149
49	yes	-553.5532	0.	-0.0121
51	yes	-553.5532	0.	-0.0179
55	yes	-551.8384	0.	-0.0121
56	yes	-553.5532	0.	-0.0121
57	yes	-561.0695	0.	-0.0121
58	yes	-553.5532	0.	-0.0121
62	yes	-553.5532	0.	-0.0121
65	yes	-553.5532	0.	-0.0121
66	yes	-551.2026	0.	-0.0179
68	yes	-552.6182	0.	-0.0148
70	yes	-553.5532	0.	-0.0121
72	yes	-552.2724	0.	-0.0121
73	yes	-553.5532	0.	-0.0121
75	yes	-553.5532	0.	-0.0179
77	yes	-553.0234	0.	-0.0466
80	yes	-553.5532	0.	-0.0121
81	yes	-553.5532	0.	-0.0121
82	yes	-548.0641	0.	-0.0121
83	yes	-553.5532	0.	-0.0121
85	yes	-550.1884	0.	-0.0122
86	yes	-552.7375	0.	-0.0148
87	yes	-550.6139	0.	-0.0121
90	yes	-552.8601	0.	-0.0009
91	yes	-553.5532	0.	-0.0121
92	yes	-553.5532	0.	-0.0121
93	yes	-553.2772	0.	-0.0148
94	yes	-553.3207	0.	-0.0251
96	yes	-553.5532	0.	-0.0121

Table 3.19 – Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 1BM2, une position active.

voir 3.28.Toulbar2 aboutit dans vingt-huit cas.Sur ces vingt-huit cas, l'heuristique trouve le GMEC dans vingt-trois cas, sinon l'écart est toujours très faible puisqu'il ne dépasse pas quatre dixièmes de kcal/mol. Les protocoles MCb et RE8b2 trouvent également le GMEC dans huit cas. Dans les situations où nous n'avons pas le GMEC, H est le meilleur sauf dans un cas,«1O4C 1», où la dernière solution proposée par toulbar2 domine.Dans l'ensemble, les écarts du RE8b2 sont presque toujours meilleurs que ceux de MCb et ne dépasse légèrement un que dans deux cas.Dans trois cas où toulbar2 est moins bon,l'heuristique et

Chapitre 3. Comparaisons d’algorithmes

Position	GMEC	toulbar2	H-	MCb-
17	yes	-316.1693	H-	-0.0109

Table 3.20 – Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 1CKA, une position active.

Position	GMEC	toulbar2	H-	MCb-
58	yes	-561.9469	0.	-0.0138

Table 3.21 – Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 1M61, une position active.

le «Replica Exchange» donnent le même résultat au dix millième près, et dans deux de ces cas le Monte-Carlo donne aussi le résultat.

Trente positions actives Ici, toulbar2 ne parvient au GMEC que dans un seul cas, qui d’ailleurs est également obtenu par l’heuristique et le Monte-Carlo à moins de trois centièmes, voir 3.29. Par ailleurs, dans treize cas, deux protocoles parmi H, MCb et RE8b2 obtiennent exactement le même résultat. Dans presque tous les cas, l’heuristique domine. Les écarts avec le multi marcheur se dégradent légèrement, mais restent bons, ne dépassant que de peu les deux kcal/mol. Lorsque le toulbar2 ne termine pas, les dernières solutions obtenues sont les meilleures dans deux cas, mais sont généralement assez fortement écartées de l’heuristique.

Vue d’ensemble Le graphique 3.16 figure une vision d’ensemble des tests réalisés sur un espace d’états réduit pour les protocoles H ou H-, MCb ou MCb- et RE8b2. Les tests sont regroupés par leur nombre de positions actives. À chaque groupe correspond une bande grise dans le graphique. Comme dans les tableaux précédents, le résultat d’un protocole est présent sous forme de différence avec le meilleur résultat obtenu sur tous les protocoles, toulbar2 compris. Cette différence est en ordonnée. La couleur d’un point représente le protocole et la forme représente le protocole qui donne le meilleur résultat.

Les temps de calcul La définition des protocoles s’est faite sous une contrainte de temps, un test ne peut s’exécuter pendant plus de vingt-quatre heures. Mais nos protocoles sont dimensionnés une fois pour toutes et la contrainte revient à calibrer les protocoles pour que le pire des cas dure moins vingt-quatre heures, voir 3.1.3 pour les détails. Donc les résultats qui viennent d’être présentés sont à évaluer en fonction du temps de calcul effectif. Le graphique 3.17 donne les moyennes sur les groupes de tests des temps d’exécution

3.2. Résultats

Position	GMEC	toulbar2	H-	MCb-	Position	GMEC	toulbar2	H-	MCb-
1	yes	-591.2115	0.	-0.1380	52	yes	-589.7127	0.	-0.2734
2	yes	-591.2115	0.	-0.1250	53	yes	-590.7224	0.	-0.3012
3	yes	-591.2115	0.	-0.1250	54	yes	-590.8735	0.	-0.3615
4	yes	-590.7216	0.	-0.0319	55	yes	-588.6242	0.	-0.2007
5	yes	-590.5458	0.	-0.1071	56	yes	-591.2115	0.	-0.2120
6	yes	-591.2115	0.	-0.1521	57	yes	-591.2115	0.	-0.1250
7	yes	-590.7923	0.	-0.1429	58	yes	-590.6832	0.	-0.0743
8	yes	-591.2115	0.	-0.1250	59	yes	-591.2115	0.	-0.0378
9	yes	-591.2115	0.	-0.1728	60	yes	-591.1842	0.	-0.1082
10	yes	-591.2115	0.	-0.2572	61	yes	-590.6996	0.	-0.1272
11	yes	-589.9443	0.	-0.2489	62	yes	-595.8620	0.	-0.0899
12	yes	-591.1022	0.	-0.1137	63	yes	-591.2115	0.	-0.0974
13	yes	-589.9867	0.	-0.0535	64	yes	-588.8836	0.	-0.1014
14	yes	-591.2115	0.	-0.1250	65	yes	-591.2115	0.	-0.1571
15	yes	-589.4899	0.	-0.0436	66	yes	-590.1420	0.	-0.1533
16	yes	-591.2115	0.	-0.1521	67	yes	-587.5415	0.	-0.0433
17	yes	-590.4460	0.	-0.0557	68	yes	-590.1771	0.	-0.1541
18	yes	-589.0053	0.	-0.1366	69	yes	-591.2115	0.	-0.1250
19	yes	-590.7580	0.	-0.0348	70	yes	-590.4684	0.	-0.1066
20	yes	-591.2115	0.	-0.1250	71	yes	-591.2115	0.	-0.1250
21	yes	-591.2115	0.	-0.1600	72	yes	-591.2115	0.	-0.1311
22	yes	-591.2115	0.	-0.1250	73	yes	-591.2115	0.	-0.1250
23	yes	-590.5249	0.	-0.1530	74	yes	-588.7096	0.	-0.1169
24	yes	-590.7262	0.	-0.0630	75	yes	-590.2437	0.	-0.0505
25	yes	-591.7318	0.0056	-0.1250	76	yes	-591.2115	0.	-0.1521
26	yes	-591.2115	0.	-0.1250	78	yes	-587.6940	0.	-0.0821
27	yes	-590.8058	0.	-0.1194	79	yes	-589.9770	0.	-0.1380
28	yes	-591.2115	0.	-0.1250	80	yes	-591.1165	0.	-0.0661
29	yes	-591.2115	0.	-0.1571	81	yes	-590.2528	0.	-0.1229
30	yes	-590.5207	0.	-0.0221	82	yes	-589.8459	0.	-0.0724
31	yes	-590.5507	0.	-0.0530	83	yes	-590.2079	0.	-0.0513
32	yes	-591.2115	0.	-0.1571	84	yes	-591.2095	0.	-0.0433
33	yes	-591.2115	0.	-0.1234	85	yes	-590.8011	0.	-0.1154
34	yes	-590.7486	0.	-0.1258	87	yes	-590.7787	0.	-0.0744
35	yes	-591.2115	0.	-0.0378	88	yes	-590.2860	0.	-0.0857
36	yes	-589.1510	0.	-0.0974	89	yes	-591.2115	0.	-0.1250
37	yes	-591.0133	0.	-0.0941	90	yes	-590.2493	0.	-0.1084
38	yes	-589.2126	0.	-0.2743	91	yes	-589.5602	0.	-0.0694
39	yes	-589.0387	0.	-0.1890	92	yes	-589.3260	0.	-0.1838
40	yes	-590.8793	0.	-0.0883	93	yes	-590.4697	0.	-0.0188
41	yes	-589.4209	0.	-0.0409	94	yes	-587.4192	0.	-0.3392
42	yes	-591.2115	0.	-0.1250	95	yes	-590.0201	0.	-0.2937
43	yes	-587.9420	0.	-0.1315	96	yes	-590.6312	0.	-0.2723
44	yes	-589.8470	0.	-0.0595	97	yes	-595.0049	0.	-0.2864
45	yes	-591.2115	0.	-0.1712	98	yes	-590.0135	0.	-0.2013
46	yes	-588.8346	0.	-0.2668	99	yes	-589.7855	0.	-0.2932
47	yes	-589.9117	0.	-0.2773	100	yes	-591.2115	0.	-0.2120
48	yes	-588.6520	0.	-0.2625	101	yes	-591.2115	0.	-0.2120
49	yes	-591.2115	0.	-0.2120	102	yes	-591.2115	0.	-0.2572
50	yes	-590.6561	0.	-0.0807	103	yes	-595.4168	0.	-0.1277
51	yes	-591.1249	0.	-0.2986	104	yes	-589.9208	0.	-0.3581

Table 3.22 – Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 1O4C, une position active.

pour les quatre types de protocoles. Ici, «Heuristic» désigne aussi bien H que H-, de même «Monte-Carlo» désigne MCb ou MCb- selon de groupes de tests. De plus, les tests «tout actif» sont présents sur le graphique à la moyenne du nombre de positions des neuf protéines. Les temps présentés sont les temps d'occupation du processeur et non pas le cumul sur les coeurs du processeur. On note la très bonne performance de toulbar2 pour les tests à cinq positions actives et moins, mais les tests à dix et vingt positions actives révèlent le caractère exponentiel de ce type d'algorithme. Tous les algorithmes font jeu

Chapitre 3. Comparaisons d’algorithmes

Position	GMEC	toulbar2	H-	MCb-
4	yes	-453.4484	0.	-0.0155
20	yes	-452.6464	0.	-0.0114
32	yes	-454.9340	0.	-0.0092
68	yes	-454.4856	0.	-0.0060
73	yes	-454.7809	0.	-0.0155
77	yes	-454.1344	0.	-0.0155
79	yes	-453.4729	0.	-0.0155

Table 3.23 – Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 1R6J, une position active.

Position	GMEC	toulbar2	H-	MCb-
1	yes	-505.2910	0.	-0.0132
3	yes	-506.7960	0.	-0.0254
4	yes	-505.5800	0.	-0.0023
5	yes	-506.8732	0.	-0.0948
49	yes	-505.5183	0.	-0.0135
59	yes	-507.0165	0.	-0.0100
85	yes	-506.6217	0.	-0.0101
88	yes	-505.2286	0.	-0.0097
95	yes	-506.3195	0.	-0.0131

Table 3.24 – Liste des écarts entre protocoles et meilleure énergie pour 2BYG, une position active.

égal lorsque dix positions sont actives. L’heuristique demande un nombre de calculs élémentaires qui augmente linéairement en fonction du nombre d’actifs, cela apparaît ici clairement. Le Monte-Carlo et le «Replica Exchange» demandent un nombre constant de calculs élémentaires, mais d’autres facteurs comme l’utilisation de la mémoire et les accès au disque. Ce qui explique que les temps de soient linéaires, mais avec une pente plus douce que l’heuristique, beaucoup plus douce pour le «Replica Exchange». On observe une dégradation des performances en temps cumulés sur les huit marcheurs de l’algorithme parallèle, parce qu’à nombre de pas identiques le programme n’est pas huit fois plus rapide. Cela peut s’expliquer notamment par les phases d’attentes imposées aux marcheurs lors des tests de changements de température et les accès concurrents en lecture et en écriture des informations communes.

3.2. Résultats

test	GMEC	toubar2	H	MCb	RE8b2
1A81 1	yes	-579.3989	0.	0.	
1A81 2	yes	-575.2254	0.	0.	
1A81 3	yes	-582.7452	0.	0.	
1A81 4	yes	-569.9383	0.	-5.3443	0.
1A81 5	yes	-591.8143	0.	0.	
1ABO 1	yes	-315.4497	0.	0.	
1ABO 2	yes	-316.6637	0.	0.	
1ABO 3	yes	-307.4824	0.	0.	
1ABO 4	yes	-313.7710	0.	0.	
1ABO 5	yes	-313.5695	0.	0.	
1BM2 1	yes	-548.2341	0.	0.	
1BM2 2	yes	-554.8135	0.	0.	
1BM2 3	yes	-557.8629	0.	0.	
1BM2 4	yes	-544.9791	0.	0.	
1BM2 5	yes	-550.2956	0.	-0.0121	
1CKA 1	yes	-315.0859	0.	0.	
1CKA 2	yes	-309.7692	0.	0.	
1CKA 3	yes	-317.3820	0.	0.	
1CKA 4	yes	-314.8550	0.	0.	
1CKA 5	yes	-312.0405	-0.0001	-0.0001	
1G9O 1	yes	-469.9540	0.	0.	
1G9O 2	yes	-476.4094	0.	0.	
1G9O 3	yes	-479.7190	0.	0.	
1G9O 4	yes	-478.9513	0.	0.	
1G9O 5	yes	-480.7260	0.	0.	
1M61 1	yes	-557.6647	0.	0.	
1M61 2	yes	-546.9587	0.	0.	
1M61 3	yes	-553.0731	0.	0.	
1M61 4	yes	-555.0885	0.	0.	
1M61 5	yes	-554.6356	0.	0.	
1O4C 1	yes	-584.4267	0.	-0.0655	
1O4C 2	yes	-584.8989	0.	-0.1437	
1O4C 3	yes	-588.4971	0.	-0.1164	
1O4C 4	yes	-587.7129	0.	-0.1400	
1O4C 5	yes	-587.6514	0.	-0.1168	
1R6J 1	yes	-444.5018	0.	0.	
1R6J 2	yes	-449.3043	0.	-0.9421	0.
1R6J 3	yes	-453.1139	0.	0.	
1R6J 4	yes	-453.1139	0.	0.	
1R6J 5	yes	-454.9340	0.	0.	
2BYG 1	yes	-500.7946	0.	-0.0150	
2BYG 2	yes	-506.2319	0.	0.	
2BYG 3	yes	-506.8744	0.	-0.0131	
2BYG 4	yes	-504.5135	0.	0.	
2BYG 5	yes	-506.0052	0.	0.	

Table 3.25 – Résultats pour cinq positions actives

Chapitre 3. Comparaisons d’algorithmes

test	GMEC	toulbar2	H	MCb	RE8b2	test	H mut nb	MCb mut nb
1A81 1	yes	-583.9354	0.	0.		1A81 1	0	0
1A81 2	yes	-581.7802	0.	0.		1A81 2	0	0
1A81 3	yes	-587.4392	-0.0001	-0.1595		1A81 3	0	0
1A81 4	yes	-589.1322	0.	-0.0317		1A81 4	0	2
1A81 5	yes	-578.2558	0.	-0.0563		1A81 5	0	2
1ABO 1	yes	-309.1670	-0.0675	-0.9054	-0.8042	1ABO 1	0	3
1ABO 2	yes	-308.8387	0.	0.		1ABO 2	0	0
1ABO 3	yes	-303.8520	0.	0.		1ABO 3	0	0
1ABO 4	yes	-310.0087	0.	-0.0128		1ABO 4	0	2
1ABO 5	yes	-301.6727	0.	0.		1ABO 5	0	0
1BM2 1	yes	-549.8638	0.	-0.0950.		1BM2 1	0	2
1BM2 2	yes	-541.5944	0.	0.		1BM2 2	0	0
1BM2 3	yes	-543.7434	0.	0.		1BM2 3	0	0
1BM2 4	yes	-549.0453	0.	0.		1BM2 4	0	0
1BM2 5	yes	-544.1447	0.	-0.1082		1BM2 5	0	3
1CKA 1	yes	-305.8477	0.	0.		1CKA 1	0	0
1CKA 2	yes	-309.9886	0.	0.		1CKA 2	0	0
1CKA 3	yes	-304.6618	0.	0.		1CKA 3	0	0
1CKA 4	yes	-302.4894	0.	0.		1CKA 4	0	0
1CKA 5	yes	-299.2329	-0.2859	-3.2525	0.	1CKA 5	0	2
1G9O 1	yes	-466.6764	0.	0.		1G9O 1	0	0
1G9O 2	yes	-478.8797	0.	0.		1G9O 2	0	0
1G9O 3	yes	-477.2503	-0.1366	0.		1G9O 3	0	0
1G9O 4	yes	-470.6458	0.	0.		1G9O 4	0	0
1G9O 5	yes	-464.8659	0.	-3.9599	0.	1G9O 5	0	3
1M61 1	yes	-550.0699	0.	-0.0776		1M61 1	0	2
1M61 2	yes	-538.6026	-3.5105	-4.5062	0.3215	1M61 2	3	7
1M61 3	yes	-552.2673	0.	0.		1M61 3	0	0
1M61 4	yes	-550.0553	0.	0.		1M61 4	0	0
1M61 5	yes	-553.6559	0.	-0.0432		1M61 5	0	0
1O4C 1	yes	-587.4665	0.	-0.1121		1O4C 1	0	0
1O4C 2	yes	-585.8545	0.	-0.1046		1O4C 2	0	0
1O4C 3	yes	-580.3505	0.	-0.1519		1O4C 3	0	0
1O4C 4	yes	-587.1548	0.	-0.1545		1O4C 4	0	0
1O4C 5	yes	-590.2650	0.	-0.1753		1O4C 5	0	1
1R6J 1	yes	-448.8351	0.	-2.4022	-0.3986	1R6J 1	0	3
1R6J 2	yes	-448.4631	0.	-1.0398	-0.3049	1R6J 2	0	2
1R6J 3	yes	-450.3950	0.	-0.0106		1R6J 3	0	0
1R6J 4	yes	-451.7211	0.	0.		1R6J 4	0	0
1R6J 5	yes	-450.9943	0.	-0.0162		1R6J 5	0	0
2BYG 1	no	-5.7485	-505.6397	-0.0337		2BYG 1	no	no
2BYG 2	yes	-504.7389	0.	0.		2BYG 2	0	0
2BYG 3	yes	-504.3048	0.	-0.0833		2BYG 3	0	0
2BYG 4	yes	-504.3466	0.	-0.2149		2BYG 4	0	3
2BYG 5	yes	-491.6095	0.	0.		2BYG 5	0	0

Table 3.26 – Énergies pour dix positions actives

Table 3.27 – Mutations dix positions actives

3.2. Résultats

test	GMEC	toulbar2	H	MCb	RE8b2	mut nb(toulbar2 vs H)
1A81 1	yes*	-566.9106	0.	-0.3275	-0.3851	0
1A81 2	yes*	-564.6618	-0.1705	-2.4355	-1.0069	3
1A81 3	yes	-572.7774	0.	-0.4640	-0.6186	0
1A81 4	yes	-572.9780	-0.3878	-0.5748	-0.6991	4
1A81 5	yes	-572.7410	-0.0068	-0.5088	-0.1541	4
1ABO 1	yes	-299.6592	-0.1205	-1.1159	-0.2153	2
1ABO 2	no**	-13.8563	-298.3854	0.	0.	8
1ABO 3	no**	-1.2190	-298.9674	0.	0.	9
1ABO 4	no**	-1.9940	-297.8545	-0.0076	0.	5
1ABO 5	no**	-3.5418	-297.8009	-0.9483	-0.9483	9
1BM2 1	yes	-526.0936	0.	-0.0619	-0.1584	0
1BM2 2	no**	-7.5304	-525.3588	-0.0725	-0.0143	8
1BM2 3	yes	-534.3861	-0.0229	-0.4762	-0.2897	0
1BM2 4	yes**	-526.7868	-0.0432	-2.1315	-0.1221	2
1BM2 5	yes	-535.3334	-0.2396	-0.3746	-0.3746	3
1CKA 1	yes*	-295.8571	0.	0.	0.	0
1CKA 2	yes	-295.3571	0.	0.	0.	0
1CKA 3	yes	-293.8687	0.	0.	0.	0
1CKA 4	no**	-0.1962	-293.8687	0.	0.	0
1CKA 5	no**	-293.4203	0.	0.	0.	0
1G9O 1	no**	-2.0574	-451.4604	-1.2525	-1.2525	5
1G9O 2	no**	-3.2106	-453.2474	-0.2177	-0.1915	1
1G9O 3	no**	-1.9008	-453.7856	-0.4417	-0.1019	1
1G9O 4	yes**	-456.7331	0.	-0.3855	-0.1455	0
1G9O 5	yes**	-456.7051	-0.2930	-0.3425	-0.8044	0
1M61 1	yes	-528.0700	0.	0.	0.	0
1M61 2	yes	-528.7653	0.	0.	0.	0
1M61 3	yes	-530.0684	0.	0.	0.	0
1M61 4	yes	-534.5248	0.	0.	0.	0
1M61 5	yes	-548.0096	0.	-0.2521	-0.1345	0
1O4C 1	no**	-574.0047	-0.3465	-0.0690	-0.0587	6
1O4C 2	no**	-6.4214	-574.8584	-0.1963	-0.3175	4
1O4C 3	yes	-573.6314	0.	-0.3461	-0.0997	0
1O4C 4	yes	-575.8667	0.	-0.3640	-0.1382	0
1O4C 5	yes**	-573.3479	0.	-0.1131	-0.2206	0
1R6J 1	yes	-440.7417	0.	-0.2604	-0.2002	0
1R6J 2	yes	-437.2537	0.	-0.0071	-0.0183	0
1R6J 3	yes	-439.4335	0.	-0.0537	-0.0732	0
1R6J 4	yes	-439.5988	0.	-0.0639	-0.0601	0
1R6J 5	yes	-438.0222	0.	-0.0735	-0.0244	0
2BYG 1	yes	-496.2991	0.	-3.1878	-0.0257	0
2BYG 2	yes	-494.8723	0.	-0.0524	-0.0831	0
2BYG 3	yes*	-494.4390	0.	-1.3564	-0.0826	0
2BYG 4	yes	-495.9213	0.	-0.1968	-0.6022	0
2BYG 5	no**	-1.8604	-497.5123	-0.0933	-0.0386	2

Table 3.28 – Résultats avec vingt positions actives

test	GMEC	toulbar2	H	MCb	RE8b2
1A81 1	no	-1.2074	-562.9572	-0.6353	
1A81 2	no	-2.5520	-570.2620	-0.0578	
1A81 3	no	-43.5263	-562.9572	-2.4996	-1.2025
1A81 4	no	-5.1300	-559.6145	-0.0305	
1A81 5	no	-3.2417	-553.1077	-1.9586	-0.5791
1ABO 1	no	-44.5504	-296.5680	0.	
1ABO 2	no	-12.7303	-294.8500	0.	
1ABO 3	no	-9.3870	-295.2689	-0.2630	
1ABO 4	no	-10.7691	-296.5680	0.	
1ABO 5	no	-4.3907	-296.5680	0.	
1BM2 1	no	-22.5876	-556.1168	-1.7290	-1.6013
1BM2 2	no	-22.1386	-556.7539	-1.9856	-1.5876
1BM2 3	no	-22.5410	-556.1168	-1.9990	-1.1541
1BM2 4	no	-15.2639	-556.8507	-2.2127	-2.3854
1BM2 5	no	-15.9890	-556.3240	-2.8354	-1.1937
1CKA 1	no	-6.2700	-293.4203	0.	
1CKA 2	no	-2.0995	-293.4203	0.	
1CKA 3	no	-47.0217	-291.9243	0.	
1CKA 4	no	-44.0830	-293.4203	0.	
1CKA 5	no	-8.8608	-293.2709	0.	
1G9O 1	no	-2.0816	-449.0890	-1.5942	0.
1G9O 2	no	-0.3270	-452.6676	-0.3126	
1G9O 3	no	-17.7150	-450.0341	-1.5667	-1.5667
1G9O 4	no	-2.9758	-453.9682	-1.4284	-1.6202
1G9O 5	no	-445.8910	-1.6890	-7.6985	-2.3857
1M61 1	no	-14.4935	-0.0097	-523.9321	0.
1M61 2	no	-5.0899	-531.3717	-1.8749	-0.0083
1M61 3	no	-3.5795	-527.2659	-0.0154	
1M61 4	no	-16.1511	-530.2666	0.	
1M61 5	no	-23.0927	-522.5696	0.	
1O4C 1	no	-14.9064	-571.4882	-0.3435	
1O4C 2	no	-58.1558	-570.1458	-0.0795	
1O4C 3	no	-9.9221	-569.9777	-0.1789	
1O4C 4	no	-5.7790	-568.9839	-0.0423	
1O4C 5	no	-9.9221	-569.9777	-0.1789	
1R6J 1	yes	-435.4258	0.0	-0.0246	
1R6J 2	no	-14.9800	-435.0087	-0.0957	
1R6J 3	no	-439.8187	-439.8187	-0.0440	
1R6J 4	no	-435.0087	-0.0	-0.0957	
1R6J 5	no	-435.0970	-0.7036	-1.8823	-0.0781
2BYG 1	no	-17.9752	-492.6879	-0.1592	
2BYG 2	no	-0.3832	-492.3568	-0.1502	
2BYG 3	no	-0.1442	-492.6879	-0.1593	
2BYG 4	no	-492.6821	-0.0958	-0.0050	
2BYG 5	no	-0.5003	-492.1595	-0.6876	

Table 3.29 – Résultats avec trente positions actives

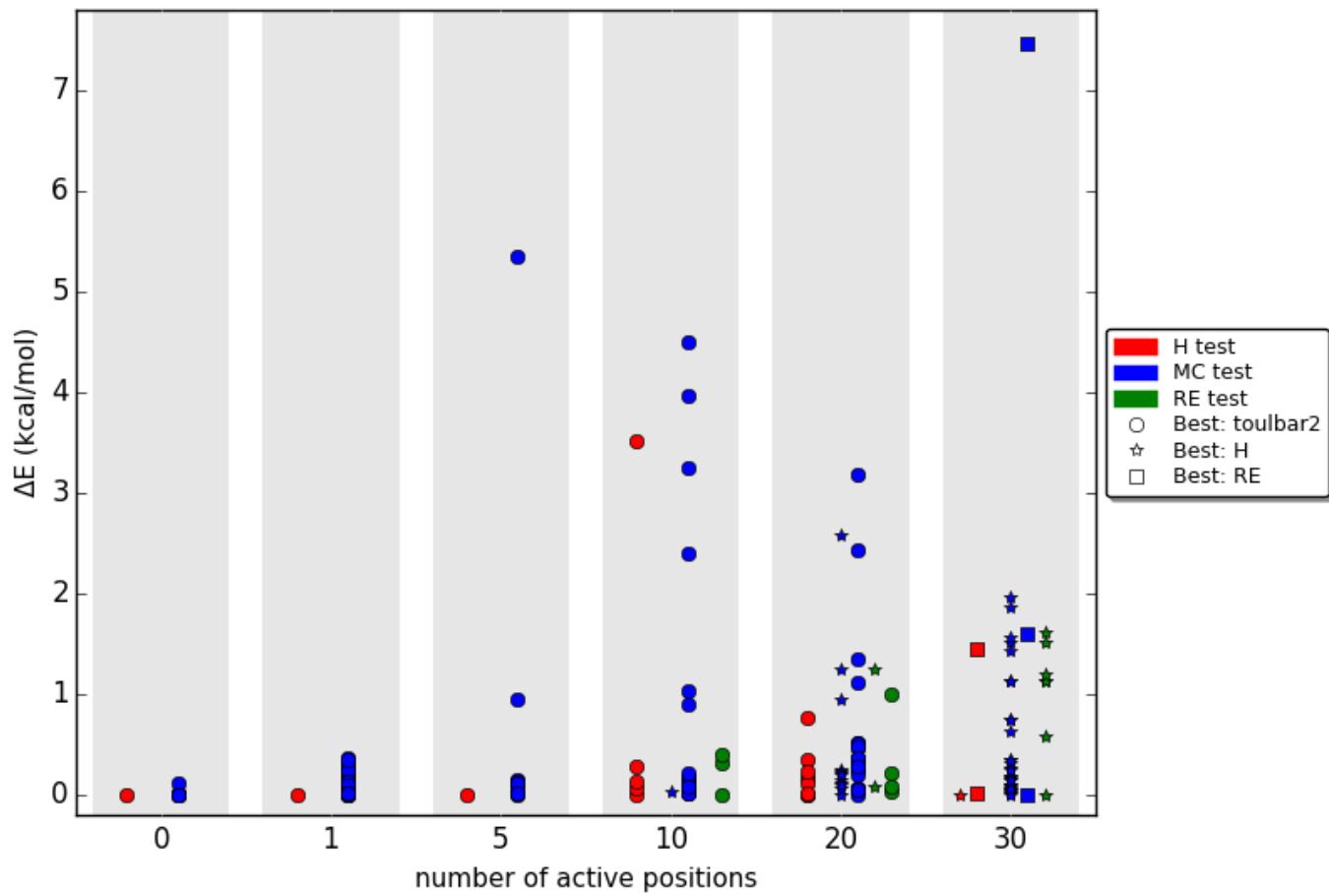


Figure 3.16 – Tous les tests pour 0 1 5 10 20 et 30 positions actives



Figure 3.17 – Temps d’occupation du processeur selon le nombre de positions actives.

3.2. Résultats

Études des séquences/rotamères au voisinage du GMEC Maintenant, regardons sur quelques tests pour lesquels le GMEC est trouvé, à quoi peuvent correspondre les écarts d'énergies observés plus haut. Pour cela reprenons les tests «1CKA 5», «1G9O 3», «1G9O 5» et «1M61 2» du groupe de tests à dix positions actives. Ces tests donnent des écarts les plus importants. Pour avoir un point de comparaison nous y ajoutons deux tests sur 1CKA et 1M61 et un test sur 1G9O où les résultats sont bons. Les résultats sont rappelés en ???. Comme le GMEC est connu, nous utilisons toulbar2 pour obtenir l'ensemble complet des séquences/conformations dont l'énergie est comprise entre le GMEC et un seuil. Les détails sont en 3.1.3. Cependant, il n'a pas été possible d'obtenir un seuil tel que l'ensemble inclus le résultat de H ou de MCb lorsque l'écart d'énergie est plus grand que trois . Les trente-deux GOs de mémoire disponible sur la machine utilisée n'ont pas suffi. Alors nous utilisons le seuil égal au GMEC plus un pour examiner le voisinage de la fonction d'énergie autour de la meilleure séquence/conformation. Le nombre de séquences/conformations dans l'intervalle varie pour 1CKA de 4649 à 67669, c'est peu.

Si nous approximons le nombre de rotamères par type de résidu par le nombre moyen sur l'ensemble des types, nous pouvons estimer le nombre de séquences/conformations qui diffèrent de la séquence/conformations du GMEC par une seule position. Le calcul est le suivant :

$$10(\text{positions actives}) \times 200(\text{rotamères possibles}) \times 47(\text{positions non-actives de 1CKA}) \times 10(\text{nombre moyen de rotamères par résidu}) = 940000$$

Il y a au plus de l'ordre de 7% de ces 940000 qui sont à moins de 1 du GMEC. Cela signifie que le voisinage de la fonction d'énergie n'est pas du tout convexe.

De même pour 1G9O le nombre d'éléments dans intervalle GMEC , GMEC-1 varie entre 22639 et 435992.

$$10(\text{positions actives}) \times 200(\text{rotamères possibles}) \times 81(\text{positions non-actives de 1CKA}) \times 10(\text{nombre moyen de rotamères par résidu}) = 1620000$$

Il y a au maximum de l'ordre de 26% de ces 1620000 dans le voisinage.

Pour 1M61 :

$$10(\text{positions actives}) \times 200(\text{rotamères possibles}) \times 99(\text{positions non-actives de 1CKA}) \times 10(\text{nombre moyen de rotamères par résidu}) = 1980000$$

Le nombre d'éléments dans l'intervalle est beaucoup plus important que 1980000. Ce qui montre qu'il y a des séquences qui diffèrent les unes des autres à plusieurs positions.

Études des séquences d'acide aminé au voisinage du GMEC Après post-traitement par proteus, nous obtenons l'ensemble des séquences d'acides animés que contient chaque voisinage. Si on le compare avec les cas témoins, le nombre de séquences est particulièrement

Chapitre 3. Comparaisons d'algorithmes

faible dans les mauvais cas Monte-Carlo, voir la table ?? . Celà peut expliquer les difficultés du mono marcheur MCb à entrer dans l'ensemble. En effet, il est probablement incapable de passer d'une séquence S_a à une séquence S_b différente en plus de deux positions s'il n'existe pas une suite de séquences menant de S_a à S_b avec au plus une mutation par pas et sans trop dégrader l'énergie. Dans l'alignement de la figure 3.18 , les vingt-et-une séquences du voisinage de «1M61 2» sont représentées dans l'ordre des séquences/conformations triées selon l'énergie. Nous voyons que si un marcheur MCb se trouve à la séquence numéro 3 il ne peut passer en 1 que très probablement en passant par 13 ce qui suppose qu'une dégradation importante de l'énergie soit acceptée.

	Protein	GMEC	H	MCb
1CKA 3	-304.6618	0.	0.	
1CKA 4	-302.4894	0.	0.	
1CKA 5	-299.2329	-0.2859	-3.2525	
1G9O 3	-477.2503	-0.1366	0.	
1G9O 4	-470.6458	0.	0.	
1G9O 5	-464.8659	0.	-3.9599	
1M61 1	-550.0699	0.	-0.0776	
1M61 2	-538.6026	-3.5105	-4.5062	
1M61 5	-553.6559	0.	-0.0432	

Table 3.30 – Sélection de cas pour l'étude de voisinages

Protein	seq/Confo nb GMEC-1	H rank	MCb rank	seq nb GMEC-1	H mut nb	MCb mut nb
1CKA 3	67669	1	1	227	0	0
1CKA 4	4649	1	1	498	0	0
1CKA 5	13888	78	?	77	0	2
1G9O 3	435992	23	1	63	0	0
1G9O 4	354559	1	1	381	0	0
1G9O 5	22639	1	?	11	0	3
1M61 1	8658395	?	?	21	3	7
1M61 2	11199153	1	1	88	0	0
1M61 5	16417604	1	1	83	0	0

Table 3.31 – Cardinaux des voisinages du GMEC à 1 Kcal/mol, rang les meilleures séquences et conformations pour H et MCb

Avec le cas «1M61 2» pour le protocole H, nous examinons le voisinage du GMEC, mais cette fois-ci avec uniquement trois positions actives. Ce sont les positions pour lesquels H

3.2. Résultats

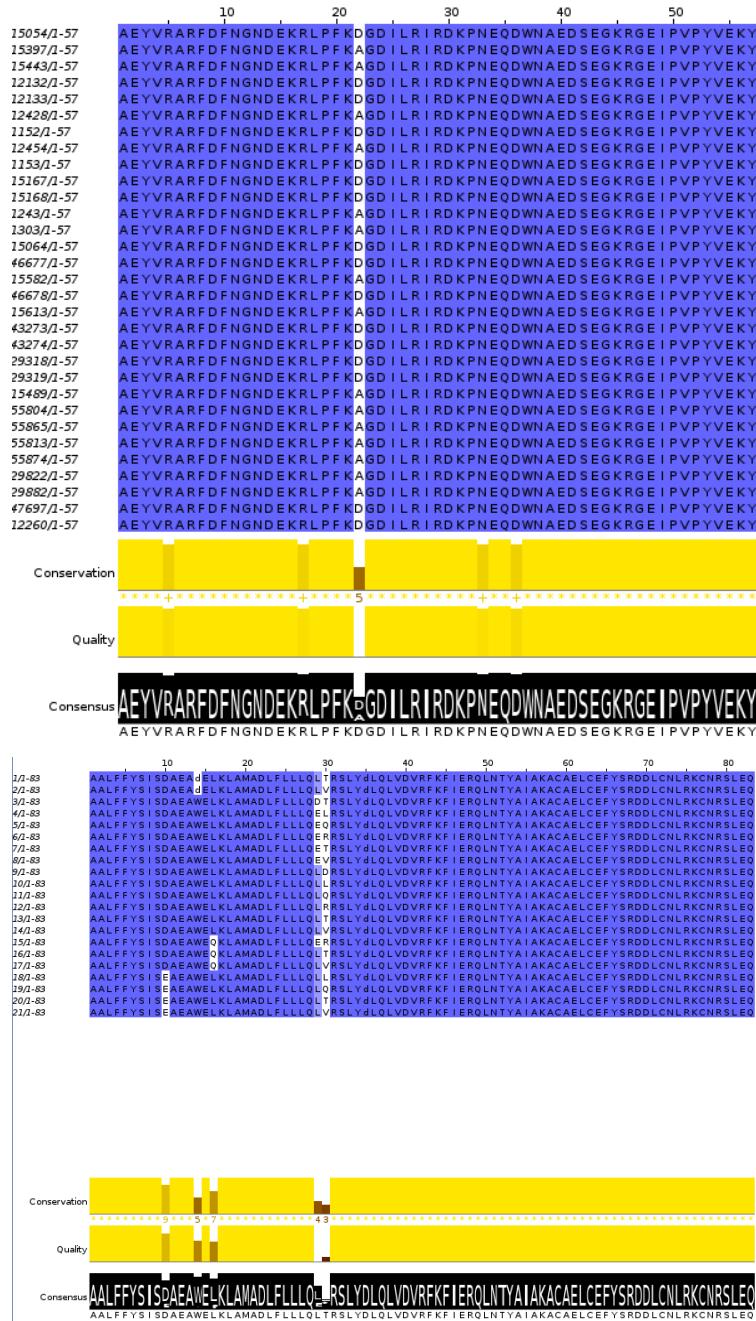


Figure 3.18 – Alignement des séquences au voisinage d'une kcal/mol du GMEC pour «1CKA 3» (en haut) et «1M61 2» (en bas)

Chapitre 3. Comparaisons d’algorithmes

donne des acides aminés différents de toulbar2, c'est-à-dire les positions numéro 37, 39 et 47, le reste de la séquence/conformation étant fixé et identique à celle du GMEC. Le mode «suboptimal» de toulbar2 est utilisé avec un seuil de quatre. Le tableau 3.32 liste les différentes séquences existantes dans le voisinage et le rang de la meilleure conformation de chaque séquence. Le rang de la séquence de H est ici de vingt-trois, cela implique une forte dépendance des chaînes latérales aux trois positions actives pour les vingt-deux meilleures séquences/conformations. Il existe vingt-et une configuration favorable sur quarante dix milles possibles pour le couple de position (39,47). Ce qui laisse espérer sur les cent mille cycles de H environ cinquante séquences/conformations initiales qui permettraient la leucine en position 37. Donc les interactions de ces trois positions n'expliquent probablement pas à elles seules la moindre performance de H. Alors, nous étendons les positions actives à l'ensemble 37,39,40,41,47. La même analyse donne un rang pour la meilleure conformation de la séquence de H à 7961. Cela suggère une implication de l'ensemble {40, 41}, bien que moins marquée, dans la détermination de la position 37.

rank	sequence
1	AALFFYSISDAEAWELKLAMADLFLLQLTRSLYdLQLVDVRFKFIERQLNTYAIKACAAELCEFYSRDDLCLNLRKCNRSLEQ
3	AALFFYSISDAEAWELKLAMADLFLLQETRSLYdLQLVDVRFKFIERQLNTYAIKACAAELCEFYSRDDLCLNLRKCNRSLEQ
6	AALFFYSISDAEAWELKLAMADLFLLQDTRSLYdLQLVDVRFKFIERQLNTYAIKACAAELCEFYSRDDLCLNLRKCNRSLEQ
7	AALFFYSISDAEAWELKLAMADLFLLQQTRSLYdLQLVDVRFKFIERQLNTYAIKACAAELCEFYSRDDLCLNLRKCNRSLEQ
9	AALFFYSISDAEAWELKLAMADLFLLQNTRSLYdLQLVDVRFKFIERQLNTYAIKACAAELCEFYSRDDLCLNLRKCNRSLEQ
11	AALFFYSISDAEAWELKLAMADLFLLQMTRSLYdLQLVDVRFKFIERQLNTYAIKACAAELCEFYSRDDLCLNLRKCNRSLEQ
19	AALFFYSISDAEAWELKLAMADLFLLQRTRSLYdLQLVDVRFKFIERQLNTYAIKACAAELCEFYSRDDLCLNLRKCNRSLEQ
20	AALFFYSISDAEAWELKLAMADLFLLQdTRSLYdLQLVDVRFKFIERQLNTYAIKACAAELCEFYSRDDLCLNLRKCNRSLEQ
22	AALFFYSISDAEAWELKLAMADLFLLQKTRSLYdLQLVDVRFKFIERQLNTYAIKACAAELCEFYSRDDLCLNLRKCNRSLEQ
23	AALFFYSISDAEAWELKLAMADLFLLIQLQETRSLYNLQLVDVRFKFIERQLNTYAIKACAAELCEFYSRDDLCLNLRKCNRSLEQ
24	AALFFYSISDAEAWELKLAMADLFLLDQEETRSLYRLQLVDVRFKFIERQLNTYAIKACAAELCEFYSRDDLCLNLRKCNRSLEQ
25	AALFFYSISDAEAWELKLAMADLFLLIQLTRSLYDLQLVDVRFKFIERQLNTYAIKACAAELCEFYSRDDLCLNLRKCNRSLEQ

Table 3.32 – Les séquences présentes dans le voisinage à 4 Kcal/mol du GMEC pour le cas «1M61 2» simplifié à 3 positions actives

3.2.5 Comparaison des structures 3D

La représentation des structures tri-dimensionnelles superposées de H et de toulbar2 pour le cas de test «1M61 2» à 10 positions actives confirme l'interaction des positions 37,39 et 47, voir la figure 3.20. Où l'on peut constater l'influence réciproque des chaînes latérales des leucines aux positions 37 et 39.



Figure 3.19 – test : 1M61 2, GMEC vs H

La figure 3.22 représente le deuxième plus mauvais résultats de H avec un écart de près 0,3.Les différences de structures sont uniquement les positionnements de trois chaînes latérales à la surface de la protéine.

Les figures 3.21 et 3.22 montrent la superposition des structures GMEC et MCb pour «1CKA 5» et «1G9O 5». Dans les deux cas le Monte-Carlo est à plus de 3 du GMEC et les différences sont situées à la surface de la structure. La structure GMEC de 1G9O possède une liaison entre une lysine et un tryptophane aux positions 71 et 73 respectivement. Tandis que MCb possède un tryptophane en 71 et une asparthate en 73 visiblement toutes les deux en interaction avec le solvant. Les difficultés de déplacements du marcheur MCb, qui effectue au plus une mutation par pas, décrites au paragraphe 3.2.4 se retrouvent ici. En effet, le Monte-Carlo, dans une séquence avec des résidus hydrophiles en 71 et 73, doit accepter une perte d'énergie pour tester un basculement de la position 71 vers un résidu hydrophobe. Et si la dégradation est toujours importante, la mutation n'est probablement jamais acceptée. De façon assez similaire, la structure GMEC de 1CKA possède une

Chapitre 3. Comparaisons d’algorithmes

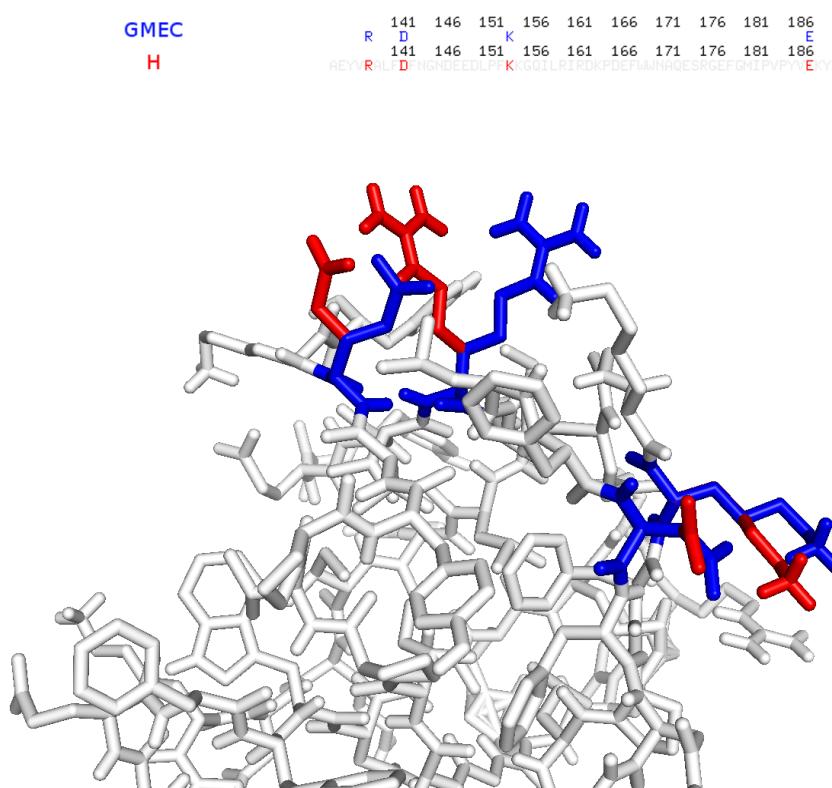


Figure 3.20 – test : 1CKA 5, GMEC vs H

liaison entre les chaînes latérales de deux résidus à la surface dont un à la position 179 est hydrophobe.

3.2. Résultats



Figure 3.21 – test : 1CKA 5, GMEC vs MC

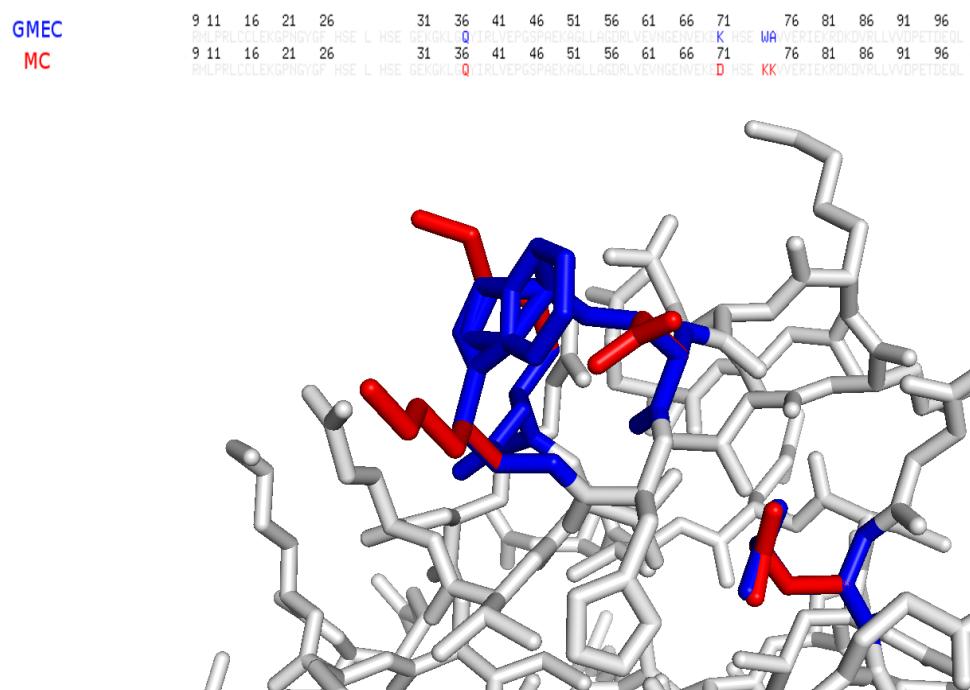


Figure 3.22 – test : 1G9O 5, GMEC vs MC

3.2.6 Résultats pour des protocoles plus longs

Nous mesurons maintenant,l’effet de l’augmentation du nombre de cycle heuristique sur les tests où le protocole H (110 000 cycles) n’est pas parvenu aux résultats parfaits.Pour cela nous utilisons les protocoles H+ et H++, qui effectuent respectivement 330 000 et 990 000 cycles(voir 3.5), sur les quatre tests à dix positions actives où l’écart avec le GMEC est non nul.H+ fait mieux que H pour trois des quatre cas testés, trouvant le GMEC pour l’un d’entre-eux, voir 3.33.H++ atteint le GMEC pour trois cas et l’approche à moins de deux centièmes de kcal/mol pour dernier cas.Les protocoles H+ et H++ sortent du cadre définit pour comparer les algorithmes. Pour autant, les calculs effectués sur un processeur Xeon E5-2630 ont tous duré moins de sept heures.

Proteins	GMEC	H	H+	H++
1ABO 1	-309.1670	-0.0675	-0.0675	0.
1CKA 5	-299.2329	-0.2859	-0.0640	0.
1G9O 3	-477.2503	-0.1366	0.	0.
1M61 2	-538.6026	-3.5105	-2.1673	-0.0188

Table 3.33 – Résultats pour 3 fois (resp 9 fois) plus de cycles heuristiques que pour le protocole H, protocole H+ (resp H++).Les tests sont effectués sur les quatre cas à dix positions actives où l’heuristique ne trouve pas le GMEC

Test (positions actives)	RE8b2	RE8b2+
1A81 2 (20)	-1.0069	-1.0069
1G9O 1 (20)	-1.2525	-1.2525
1A81 3 (30)	-1.2025	-0.7606
1BM2 4 (30)	-2.3854	-1.1104
1G9O 5 (30)	-2.3857	-1.8477

Table 3.34 – Ecarts d’énergie avec des trajectoires 2 fois plus longues pour le protocole RE8b2

Test (tout actif)	best ener	H	H+	H++
1A81	-512	-521	-520	
1BM2	-480	-484	-481	
1CKA	-247	-252	-251	
1G9O	-421	-428	-427	
1O4C	-524	-535	-529	

Table 3.35 – Ecarts d'énergie avec des trajectoires 2 fois plus longues pour le protocole RE8b2

3.2.7 Distribution des états visités

densité en séquences Pour examiner l’ensemble des états visités au court d’une simulation, nous sélectionnons deux tests à dix positions actives : le «1CKA 3 » et le «1CKA 5» et leurs trajectoires obtenues avec le protocole RE8b2.Parmi l’ensemble des températures utilisés par les marcheurs de ce protocoles nous nous focalisons sur les résultats à la température ambiante de 0,592. Pour chacune des séquences obtenues nous calculons la meilleure énergie sur l’ensemble de ses conformations visitées, la moins bonne et l’énergie moyenne. Pour «1CKA 3» les plages d’énergies explorées de façon significative sont d’environ de 20 kcal/mol pour les trois valeurs considérées. Dans le cas de «1CKA 5», l’énergie moyenne visite une plage énergétique d’environ 15,

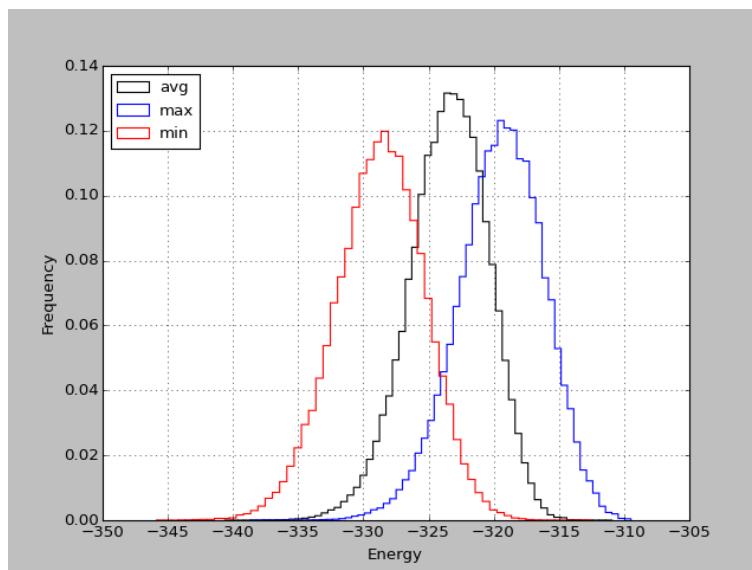


Figure 3.23 – Histogramme des séquences de «1CKA 3» selon l’énergie moyenne,minimum et maximum des conformations

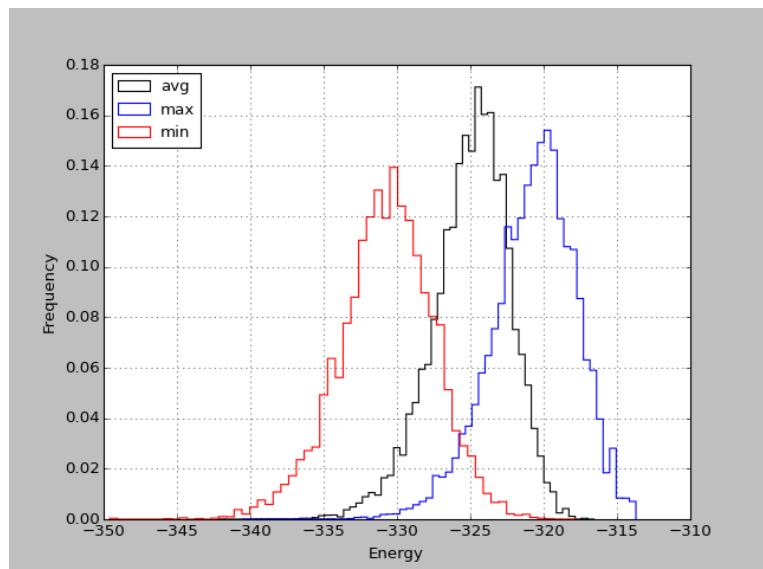


Figure 3.24 – Histogramme des séquences de «1CKA 5» selon l'énergie moyenne, minimum et maximum des conformations

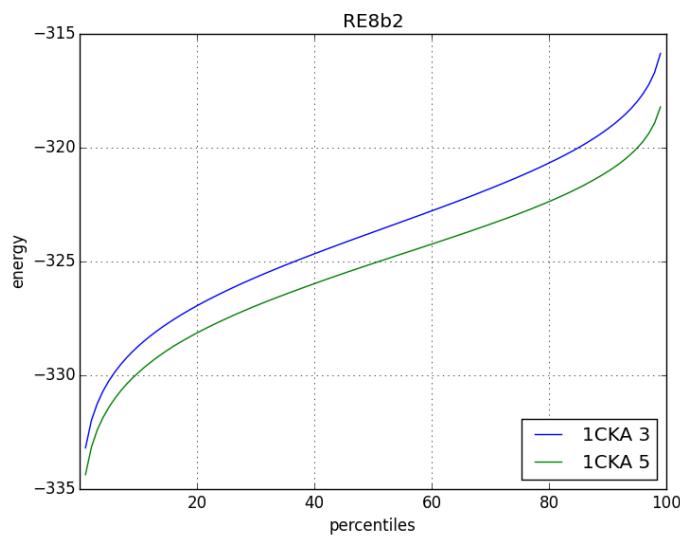


Figure 3.25 – La densité des meilleures séquences/rotamères selon l’énergie (représentée par les centiles)

répartitions des séquences/rotamères



Figure 3.26 – L’entropie selon l’énergie (échelle de gauche) et le nombre de séquences selon l’énergie (échelle logarithmique à droite). Les données multimarcheurs regroupent les températures 0. 592, 0.888 et 1.333.

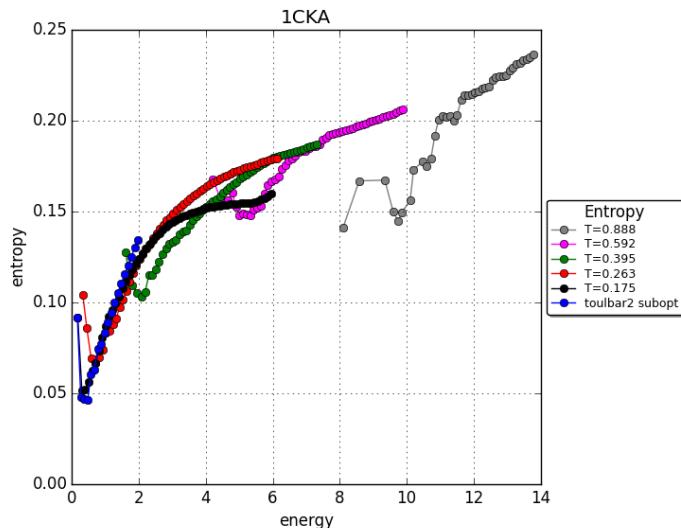


Figure 3.27 – L’entropie selon l’énergie. Les données multimarcheurs sont présentées selon la température.

Entropie selon l’énergie



Figure 3.28 – L’entropie selon l’énergie (échelle de gauche) et le nombre de séquences selon l’énergie (en bas, échelle logarithmique à droite). Les données multimarcheurs regroupent toutes les trajectoires.



Figure 3.29 – « toulbar2 suboptimal », GMEC+0.5 kcal,
 « toulbar2 suboptimal », GMEC +2 kcal,
 « Replica Exchange 3 températures », meilleur energie +0.5 kcal,
 « Replica Exchange 3 températures », meilleur energie +2 kcal



Figure 3.30 – L’entropie selon l’énergie

3.2. Résultats

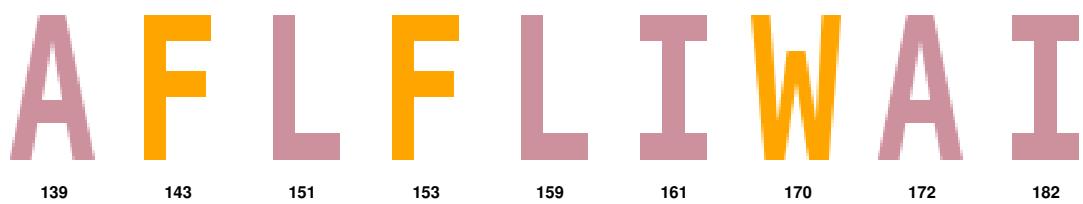


Figure 3.31 – 1CKA sauvage, positions du cœur

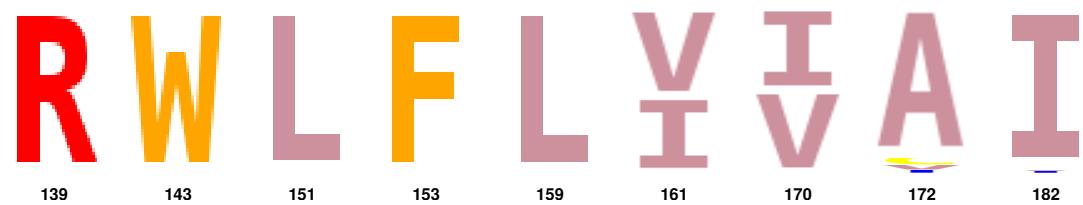


Figure 3.32 – 1CKA séquences calculées, positions du cœur

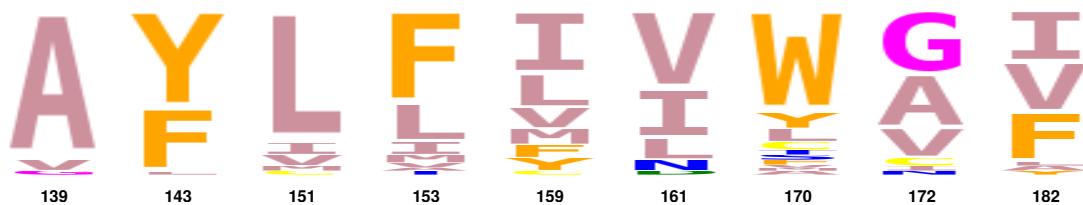


Figure 3.33 – alignement Pfam seed, positions du cœur



Figure 3.34 – alignement Pfam full, positions du coeur



Figure 3.35 – 2BYG sauvage, positions du cœur



Figure 3.36 – 2BYG séquences calculées, positions du cœur



Figure 3.37 – alignement Pfam seed, positions du cœur

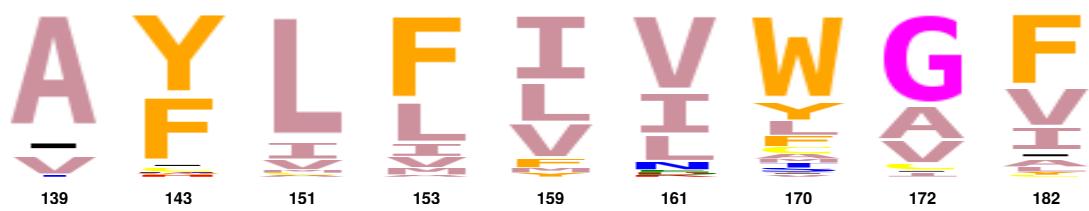


Figure 3.38 – alignement Pfam full, positions du coeur

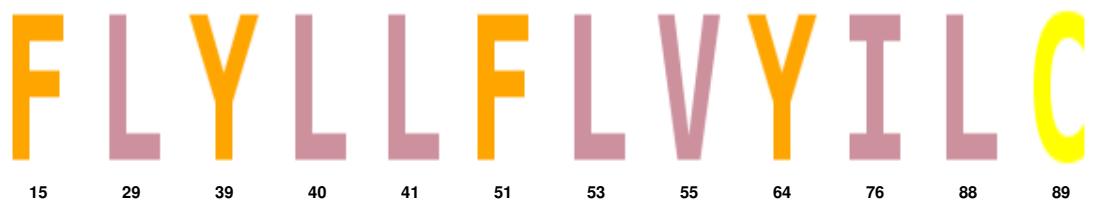


Figure 3.39 – 1A81 sauvage, positions du coeur

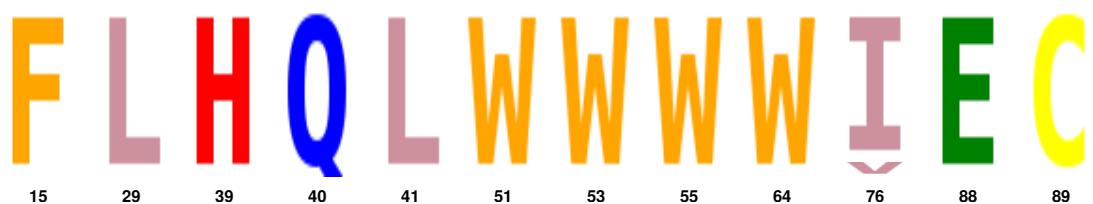


Figure 3.40 – 1A81 séquences calculées, positions du coeur

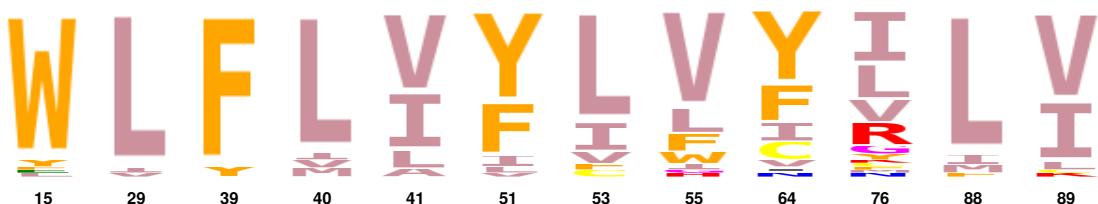


Figure 3.41 – alignement Pfam seed, positions du coeur



Figure 3.42 – alignement Pfam full, positions du coeur

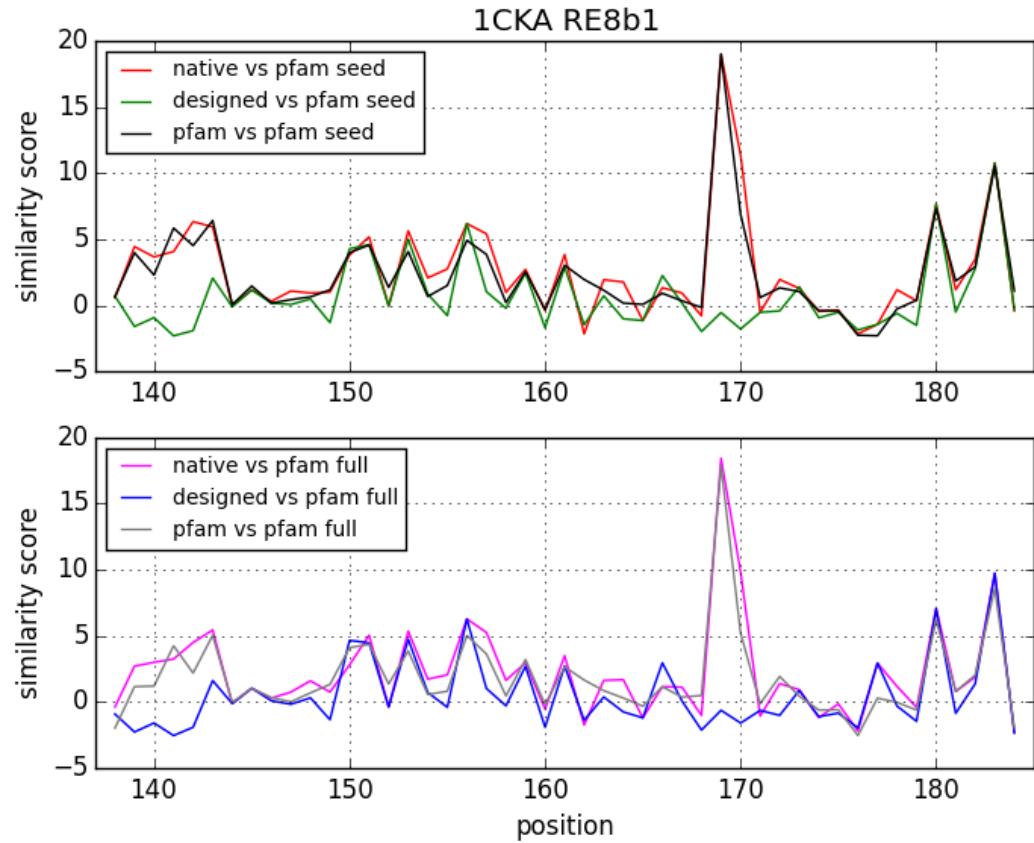


Figure 3.43 – 1CKA

Chapitre 3. Comparaisons d'algorithmes



Figure 3.44 – 1BM2



Figure 3.45 – 1ABO



Figure 3.46 – 1R6J

Chapitre 3. Comparaisons d’algorithmes

Code PDB	positions du coeur	toutes positions
1ABO	74	32
1CKA	53	33
1R6J	71	34
1G9O	64	36
2BYG	23	28
1BM2	48	27
1O4C	20	21
1M61	76	42
1A81	37	27

Table 3.36 – Pourcentage d’identité de séquence par rapport à la native pour les 10000 meilleurs résultats «tout actif» avec RE8b2

Protein	Top 10000 structures	Top 10000 séquences	Pfam seed	Pfam full
1ABO	1.36	1.58	2.79	3.01
1CKA	1.20	1.41	2.84	3.03
1R6J	1.33	1.48	3.11	3.66
1G9O	1.21	1.53	3.29	3.81
2BYG	1.57	1.63	3.31	3.67
1BM2	1.08	1.26	2.90	3.50
1O4C	1.36	1.68	2.94	3.47
1M61	1.31	1.41	2.91	3.51
1A81	1.13	1.29	2.91	3.51

Table 3.37 – Moyenne de l’exponentiel de l’entropie sur les ensembles des positions des protéines A VÉRIFIER SI ENTROPIE SUR UN ALPHABET REDUIT

Chapitre 4

PDZ

Nous cherchons maintenant à évaluer les performances de notre modèle CPD sur un ensemble de protéines de la famille PDZ. Nous utilisons les résultats précédents, en particulier ceux de la section ??, pour définir les valeurs des paramètres de l'optimisation du Monte-Carlo. Ici, nous allons confronter nos résultats à ceux du fameux outils de Rosetta obtenue dans des conditions identiques. Comme dans les situations précédentes le backbone de nos protéines est fixé tout le long de l'étude. La fonctions d'énergie est calculée en utilisant le model MM/GBSA (voir ?? et la chapitre 1 pour les détails). Mais ici, nous reprenons l'optimisation des énergies de références pour d'adapter à l'ensemble des protéines PDZ.

4.1 L'ensemble des protéines PDZ

Nous sélectionnons huit protéines de la famille PDZ, avec les trois présentes dans l'ensemble étudié au chapitre précédent : 1G9O, 1R6J et 2BYG, auxquelles sont ajoutés 1IHJ, 1N7E, 3K82 et Cask , tiam1 représenté par et ... dans la base de données PDB. Cela constitue un ensemble où le nombre de positions actives , c'est à dire les postions qui vont être muté , est du même ordre pour chaque séquence d'acide aminé des protéines (voir le tableau 4.1).

Pour caractériser les homologies dans cet ensemble, une série de requête blast est effectuée sur chaque paire de séquences en utilisant le programme blastp. Il apparaît que 1R6J et TiAM1 sont atypiques dans l'ensemble avec , aucun homologue avec une E-value inférieure à 1e-7 et plusieurs E-value supérieur à 10. 3K82 est la protéine plus consensuelle , ayant d'une part une homologie avec toutes les autres à au plus 6e-04 , et d'autre part ayant 4 homologues à moins de 2e-10, pour pourcentage d'identité compris entre 30 et 46. Globalement, il n'y a que peu d'homologies, la plus forte n'étant que de 3e-15 entre 3K82 et 2BYG pour un pourcentage d'identité de 37.

Chapitre 4. PDZ

Code PDB	résidus	nombre de positions actives
1G9O	9-99	76
1IHJ	13-105	82
1N7E	668-761	79
1R6J	193-273	72
2BYG	186-282	82
3K82	305-402	80
Cask	487-568	74
Tiam1	838-930	84

Table 4.1 – Les protéines PDZ

Protein	1G9O	1IHJ	1N7E	1R6J	2BYG	3K82	CASK	TIAM1
1G9O	2e-66 (100)	5e-10 (40)	0.002 (25)	3e-07 (25)	2e-11 (35)	1e-12 (30)	5e-05 (25)	9e-07(35)
1IHJ	5e-10 (40)	3e-68 (100)	2e-07 (27)	no	2e-08 (27)	9e-14 (46)	4e-06 (35)	no
1N7E	0.002 (25)	2e-07 (27)	3e-67 (100)	no	3e-14 (36)	2e-10 (37)	9e-12 (30)	5e-05 (35)
1R6J	3e-07 (25)	no	no	1e-59 (100)	no	1e-06 (32)	0.007 (32)	no
2BYG	2e-11 (35)	2e-08 (27)	3e-14 (37)	no	7e-71 (100)	3e-15 (37)	2e-07 (28)	5e-05 (41)
3K82	1e-12 (30)	9e-14 (46)	2e-10 (36)	1e-06 (32)	3e-15 (37)	4e-70 (100)	1e-07 (27)	6e-04(33)
Cask	5e-05 (25)	4e-06 (35)	9e-12 (30)	0.007 (32)	2e-07 (28)	1e-07 (27)	7e-61 (100)	5e-04(33)
Tiam1	9e-07 (35)	no	5e-05 (35)	no	5e-05 (41)	6e-04 (33)	5e-04 (33)	1e-68 (100)

Table 4.2 – E-value des alignements Blast native vs native pour nos séquences PDZ. (no= pas de touche avec une E-value inférieure à 10)

Alignements Blast croisés

4.1.1 Description

4.1.2 Requêtes Blast croisées

4.1.3 L'alignement choisi

4.1.4 Le cœur PDZ sélectionné

4.2 L'optimisation des énergies de références

Dans notre système CPD, l'état replié joue un rôle important parce que les séquences d'intérêts sont celles obtenues en minimisant la différentes d'énergie entre l'état déplié et l'état replié. Donc c'est très important !. Mais l'état déplié, lui est représenté comme une chaîne polypeptidique largement étendue, de telle façon que nous considérons que chaque résidu X interagie uniquement avec le backbone environnement et avec le solvant. Puis,

4.2. L'optimisation des énergies de références

ce modèle est ajuster empiriquement en comparant les populations de chaque type de résidu dans les séquences calculées avec les populations dans les séquences expérimentales.L'optimisation des énergies de références consiste alors à corriger ces énergies de telles façons que la populations pour un type aa donné dans les séquences calculés coïncidence avec la population expérimentale de ce type. Il s'agit alors d'un problème de convergence pour la suite d'itérer de protéus + ajustement.

4.2.1 La composition naturelle en acide aminé

Pour avoir une composition naturelle en acide aminé de nos protéines,nous sélectionnons un ensemble de séquences homologues pour chacunes de nos 8 protéines.Pour cela, sur le site Web d'Uniprot (<http://www.uniprot.org/>), nous effectuons des requêtes sur la base de données “siwwprot + trEmBL” avec la matrice BLOSUM62 sans l'option « filtre » et avec l'option « Gapped ». Nous obtenons un premier ensemble pour chaque cas en se limitant aux homologues de bonnes qualité au regard de E-value et du pourcentage d'identité , tout en conservant en même temps une certaine diversité.Cela oblige pour certaines protéine à accepter des E-values plus haute que 1e-40, notamment 1IHJ et 1G9O , respectivement 1e-32 et 1e-10 ,pour avoir un nombre d'homologue suffisant.Ensuite, les redondances les plus flagrantes sont enlevées manuellement.Finalement,les ensembles se composent de 42 à 126 homologues,avec des pourcentages d'identité supérieurs à 66 % excepté pour 1IHJ où il a fallut descendre jusqu'à 38% d'identité.Voir le tableau pour les détails 4.3.

protéines	seq NB	E value seuil	% identité
1G9O	62	1e-32	95-67
1IHJ	42	1e-10	95-38
1N7E	48	1e-45	95-84
1R6J	85	1e-43	95-85
2BYG	43	1e-41	95-78
3K82	50	1e-46	95-81
Cask	126	?	85-60
Tiam1	50	?	85-60

Table 4.3 – Sélection des homologues.

4.2.2 Première méthode

Le modèle de l'état déplié considère qu'un résidu X n'interagit pas avec ses résidus voisins, donc l'énergie de l'état déplié de la chaîne polypeptidique peut s'écrire comme la somme sur les résidus des énergies de références. Ces énergies sont dans un premier temps déterminées par une simple modélisation en peptide étendu. Nous souhaitons améliorer les énergies de références par une correction empirique. Cette correction a pour objectif de permettre à Proteus de produire des populations d'acides aminés comparables à celles observées dans la composition naturelle définie au paragraphe précédent. Notons C_x cette correction à l'énergie initiale E_X^{ini} pour le résidu X.

4.2.3 Seconde méthode d'itération

4.3 Résultats

4.3. Résultats

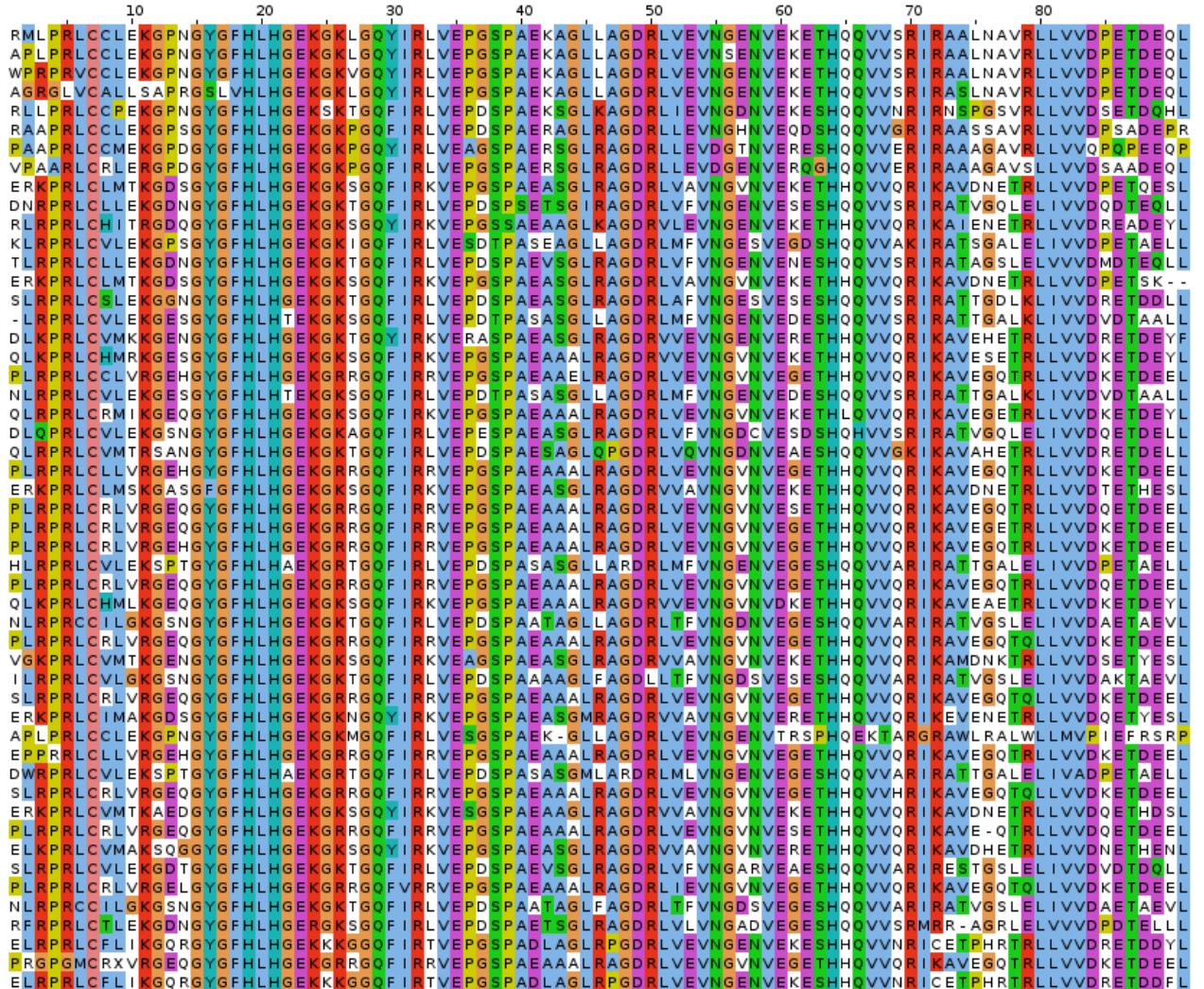


Figure 4.1 – L’alignement 1G9O

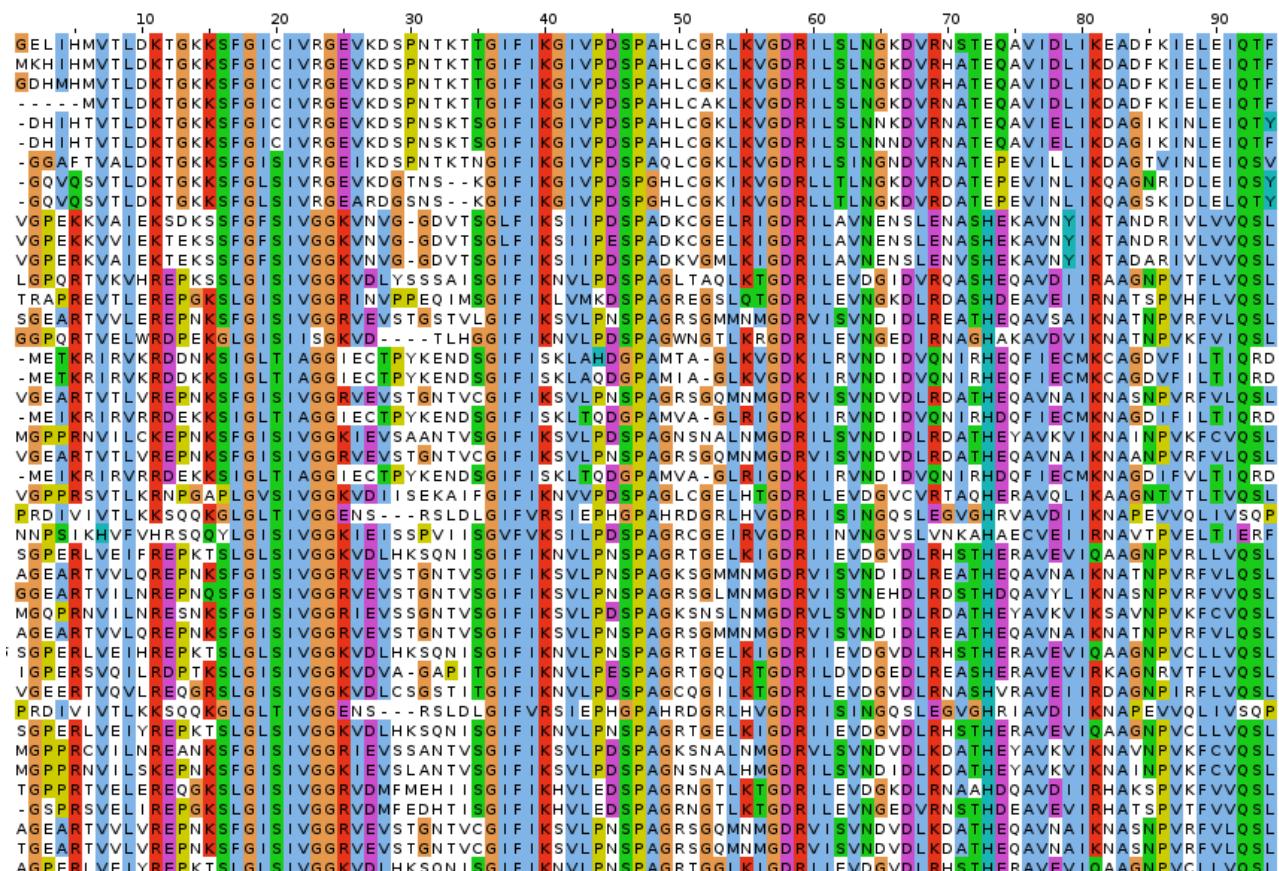


Figure 4.2 – L’alignement 1IHJ

4.3. Résultats

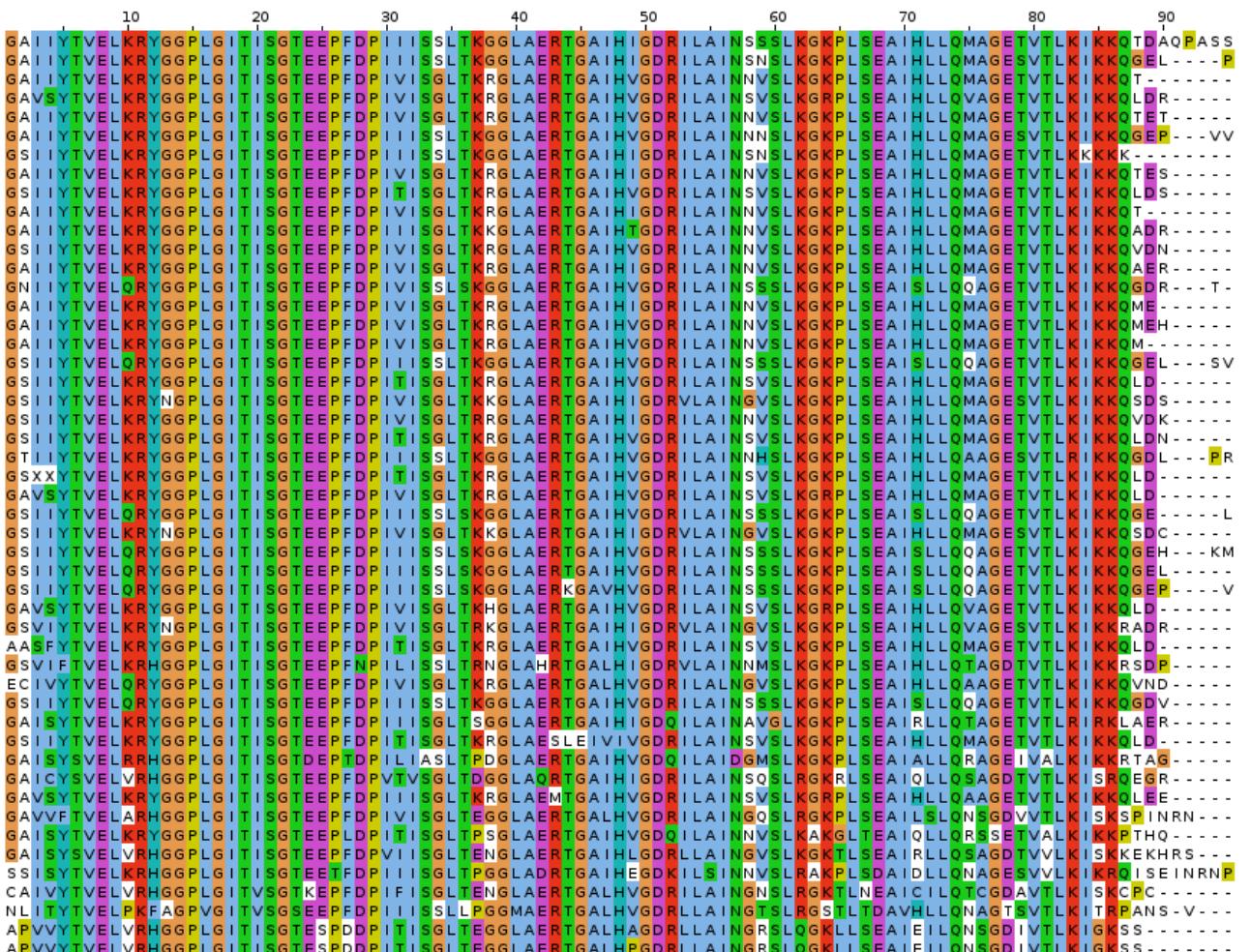


Figure 4.3 – L'alignement 1N7E

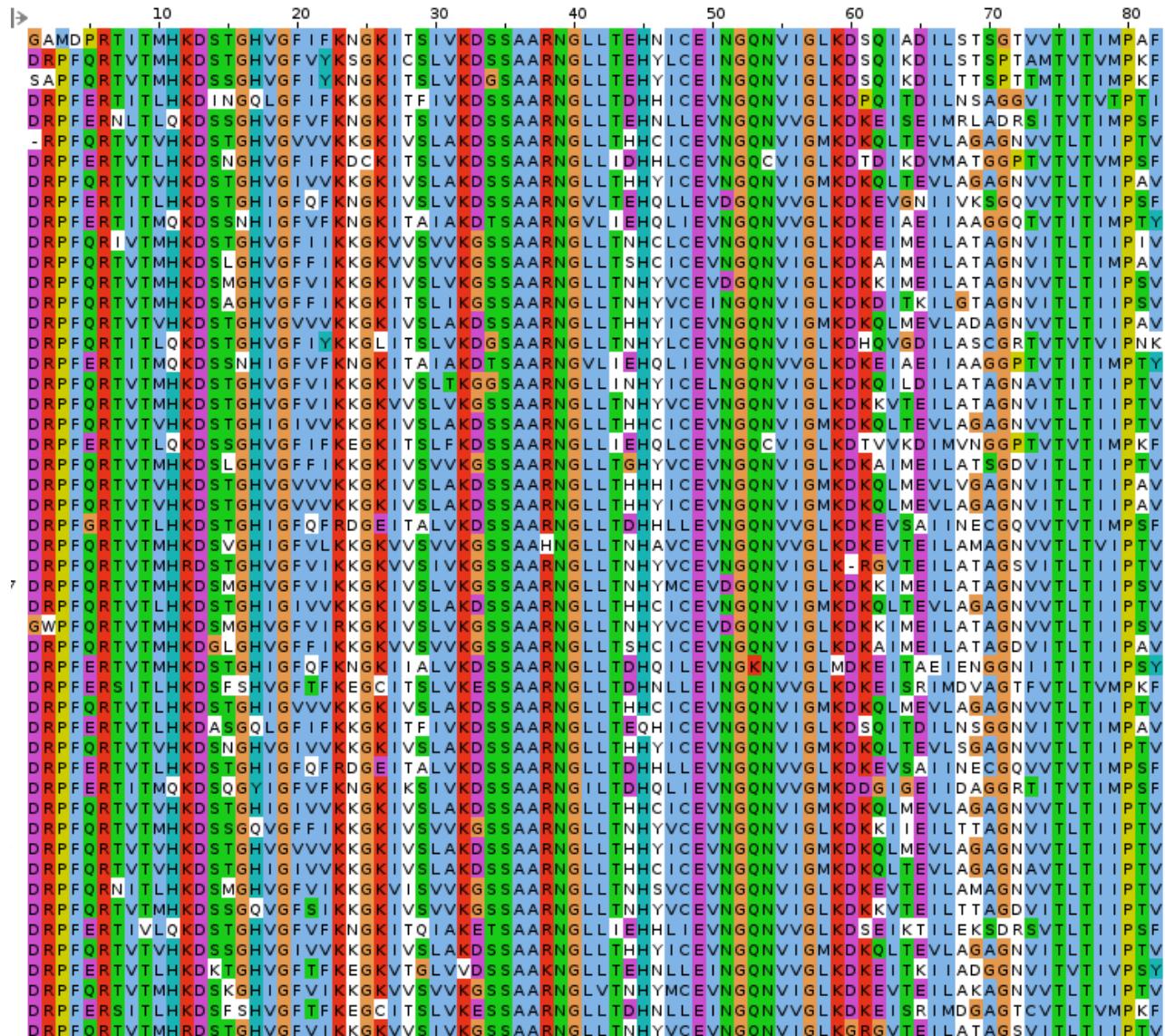


Figure 4.4 – L’alignement 1R6J

4.3. Résultats

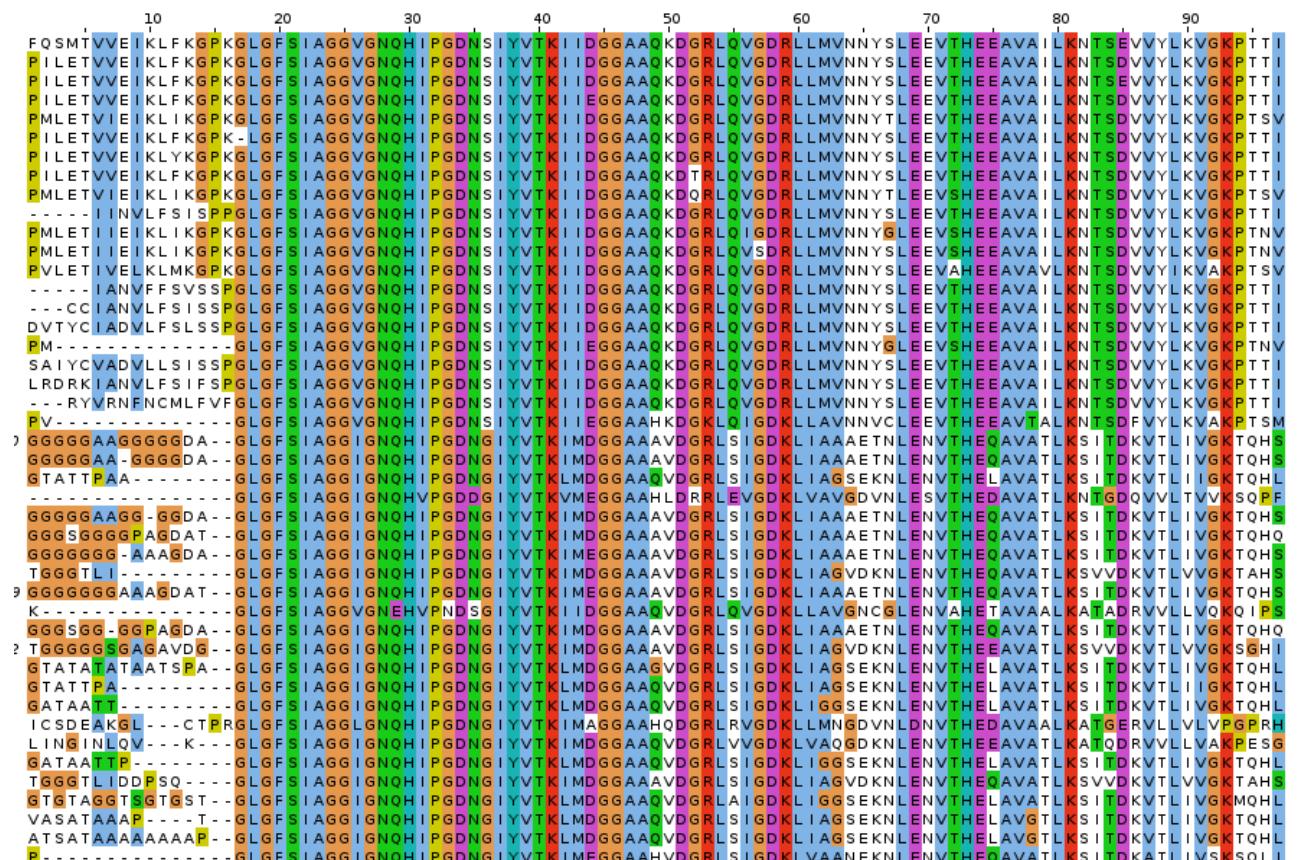


Figure 4.5 – L’alignement 2BYG

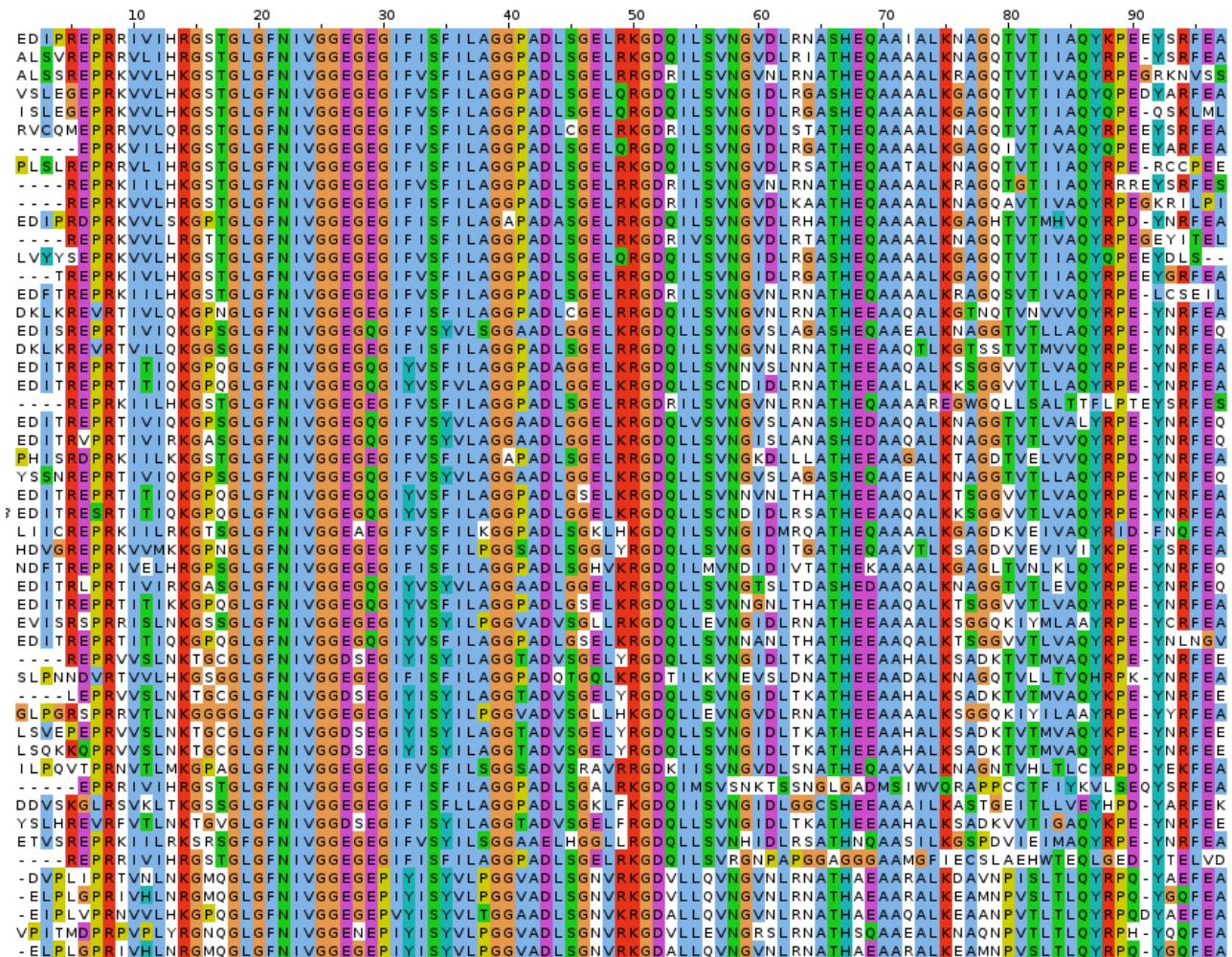


Figure 4.6 – L’alignement 3K82

4.3. Résultats

Groupe	acides aminés	propriétés
1	Ala,Cys,Thr	petit
2	Ser	
3	Glu,Asp	chargé négativement
4	Gln,Asn	polaire
5	Ile,Leu,Val	apolaire
6	Met	non polaire
7	Hip,Hid,Hie	chargé positivement
8	Arg	
9	Lys	
10	Phe,Trp	aromatique
11	Tyr	
12	Gly,Pro	non mutable

Table 4.4 – Les groupes d’acides aminés utilisés pour l’optimisation des énergies de références.

Fréquences des acides aminés

acides aminés	fréquence
Ala	0.090
Cys	0.028
Thr	0.060
Ser	0.071
Glu	0.062
Asp	0.044
Gln	0.039
Asn	0.055
Ile	0.046
Leu	0.075
Val	0.069
Met	0.017
His	0.021
Arg	0.047
Lys	0.070
Phe	0.035
Trp	0.011
Tyr	0.035
Gly	0.075
Pro	0.046

Table 4.5 – Fréquences des acides aminés d'après dans les protéines.

4.3. Résultats

acides aminés	résidus enfouis	groupe	résidus exposés	groupe
Ala	0.068		0.048	
Cys	0.016	0.147	0.004	0.135
Thr	0.062		0.081	
Ser	0.067		0.066	
Glu	0.053	0.089	0.078	0.134
Asp	0.035		0.055	
Gln	0.022	0.051	0.052	0.117
Asn	0.028		0.064	
Ile	0.136	0.362	0.071	
Leu	0.120		0.055	0.192
Val	0.105		0.065	
Met	0.027		0.018	
Hip	0.022		0.041	
Hid	0	0.022	0	0.041
Hie	0		0	
Arg	0.037		0.059	
Lys	0.058		0.079	
Phe	0.037	0.037	0.017	0.017
Trp	0.0		0.0	
Tyr	0.008		0.015	
Gly	0.070	0.089	0.088	0.123
Pro	0.019		0.035	

Table 4.6 – Les groupes d'acides aminés utilisés pour l'optimisation des énergies de références.

aa	3K82	2BYG	1R6J	1N7E	1IHJ	1G9O	cask	tiam1
ALA	0.045	0.077	0.085	0.071	0.100	0.067	0.046	0.071
CYS	0.021	0.012	0.027	0.000	0.011	0.018	0.030	0.000
THR	0.119	0.056	0.089	0.070	0.020	0.032	0.044	0.030
SER	0.083	0.073	0.077	0.079	0.082	0.046	0.044	0.048
GLU	0.039	0.048	0.001	0.078	0.010	0.129	0.063	0.059
ASP	0.047	0.076	0.000	0.026	0.028	0.024	0.039	0.030
ASN	0.062	0.054	0.048	0.001	0.004	0.017	0.007	0.029
GLN	0.021	0.050	0.000	0.032	0.027	0.023	0.014	0.001
ILE	0.120	0.102	0.219	0.084	0.193	0.030	0.197	0.116
VAL	0.073	0.108	0.110	0.041	0.149	0.119	0.138	0.131
LEU	0.063	0.099	0.087	0.131	0.118	0.114	0.151	0.255
MET	0.020	0.000	0.027	0.020	0.010	0.008	0.084	0.015
HID	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
HIE	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
HIP	0.025	0.025	0.032	0.026	0.004	0.043	0.012	0.001
ARG	0.063	0.012	0.000	0.047	0.060	0.106	0.006	0.029
LYS	0.042	0.087	0.055	0.077	0.015	0.036	0.071	0.058
TRP	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
PHE	0.063	0.000	0.055	0.000	0.061	0.039	0.039	0.059
TYR	0.000	0.025	0.000	0.000	0.003	0.004	0.000	0.057
GLY	0.062	0.088	0.080	0.157	0.065	0.095	0.000	0.000
PRO	0.021	0.000	0.000	0.052	0.032	0.039	0.006	0.000

Table 4.7 – Compositions en acides aminés des séquences expérimentales homologues aux positions enfouies et actives.

4.3. Résultats

aa	3K82	2BYG	1R6J	1N7E	1IHJ	1G9O	cask	tiam1
ALA	0.056	0.076	0.039	0.055	0.020	0.061	0.019	0.073
CYS	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.012	0.000	0.022
THR	0.122	0.058	0.100	0.104	0.069	0.028	0.080	0.073
SER	0.076	0.029	0.080	0.049	0.072	0.050	0.053	0.151
GLU	0.025	0.063	0.061	0.092	0.081	0.081	0.099	0.113
ASP	0.074	0.035	0.093	0.018	0.082	0.046	0.041	0.084
ASN	0.045	0.075	0.078	0.030	0.096	0.048	0.088	0.060
GLN	0.027	0.012	0.046	0.035	0.031	0.061	0.125	0.051
ILE	0.143	0.057	0.057	0.151	0.026	0.022	0.035	0.048
VAL	0.056	0.104	0.043	0.053	0.068	0.088	0.074	0.037
LEU	0.025	0.074	0.022	0.093	0.034	0.087	0.040	0.056
MET	0.049	0.025	0.021	0.000	0.015	0.007	0.028	0.001
HID	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
HIE	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
HIP	0.050	0.038	0.044	0.016	0.029	0.041	0.081	0.013
ARG	0.024	0.012	0.066	0.040	0.060	0.070	0.119	0.059
LYS	0.074	0.063	0.066	0.072	0.103	0.070	0.084	0.110
TRP	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
PHE	0.022	0.037	0.030	0.018	0.005	0.011	0.006	0.001
TYR	0.000	0.035	0.000	0.037	0.003	0.021	0.001	0.015
GLY	0.100	0.149	0.089	0.093	0.130	0.130	0.015	0.019
PRO	0.025	0.050	0.054	0.037	0.055	0.054	0.002	0.005

Table 4.8 – Compositions en acides aminés des séquences expérimentales homologues aux positions exposées et actives.

Chapitre 4. PDZ

Groupe d'acides aminés	Proteus	Proteus2	Proteus2 (T=0175)
Ala,Cys,Thr			
Ser			
Glu,Asp			
Gln,Asn			
Ile,Leu,Val			
Met			
Hip,Hid,Hie			
Arg			
Lys			
Phe,Trp			
Tyr			
Gly,Pro			

Table 4.9 – Les groupes d'acides aminés utilisés pour l'optimisation des énergies de références.

4.3. Résultats

Groupe d' acides aminés	Proteus	Proteus2	Proteus2 (T=0175)
WF	0.045	0.049	0.044
IVL	0.508	0.526	0.525
ED	0.069	0.074	0.078
K	0.032	0.030	0.041
M	0.019	0.023	0.025
NQ	0.042	0.032	0.034
S	0.046	0.034	0.051
R	0.023	0.030	0.021
PG	0.000	0.000	0.000
ACT	0.165	0.162	0.146
Y	0.027	0.028	0.018
Hhj	0.018	0.008	0.011

Table 4.10 – Les énergies de références pour les positions enfouies.

Groupe d' acides aminés	Proteus	Proteus2	Proteus2 (T=0175)
WF	0.014	0.026	0.023
IVL	0.141	0.152	0.193
ED	0.175	0.171	0.173
K	0.129	0.122	0.098
M	0.017	0.011	0.015
NQ	0.144	0.132	0.105
S	0.092	0.080	0.090
R	0.079	0.096	0.108
PG	0.000	0.000	0.000
ACT	0.139	0.152	0.130
Y	0.007	0.010	0.010
Hhj	0.056	0.043	0.050

Table 4.11 – Les énergies de références pour les positions exposées.

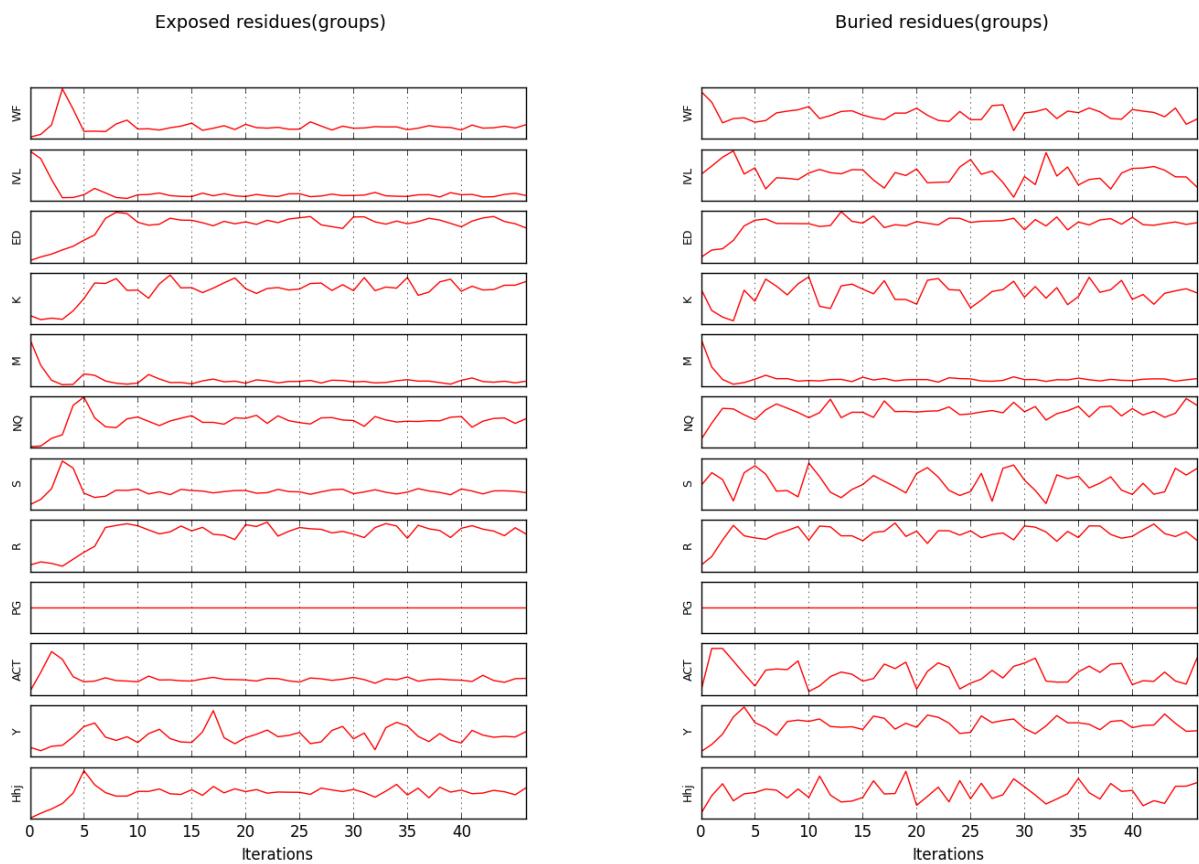


Figure 4.7 – variations des énergies de références pour les groupes de résidus, pendant de l’optimisation

4.3. Résultats

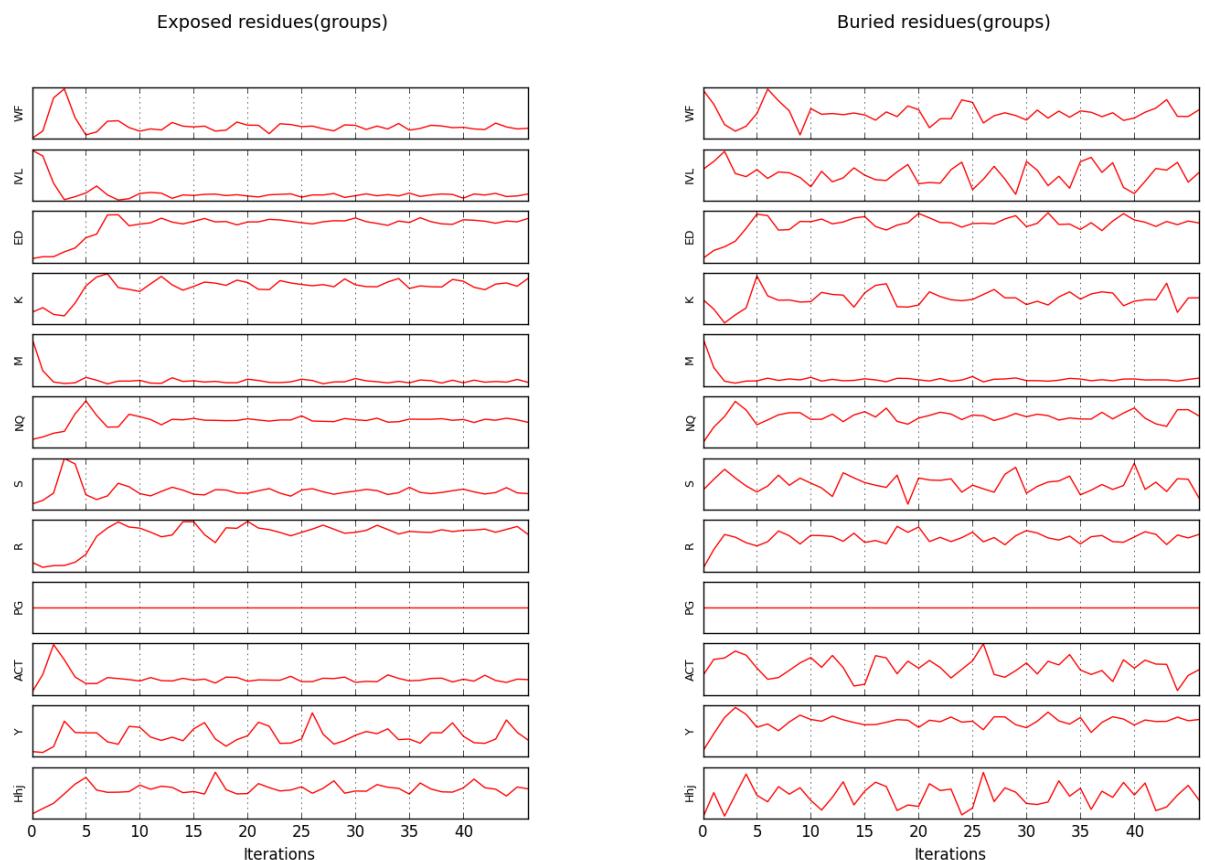


Figure 4.8 – variations des énergies de références pour les groupes de résidus, pendant de l'optimisation (proteus V2)

Chapitre 4. PDZ

Protein	Match/seq size	Superfamily Evalue	Superfamily success	Family Evalue	Family success
1G9O	78/91	3.6e-7	10000	5.0e-3	10000
1IHJ	82/94	4.7e-8	10000	2.4e-3	10000
1N7E	79/95	6.05e-6	10000	1.8e-3	10000
1R6J	61/82	5.6e-2	9775	9.3e-3	9775
2BYG	77/97	4.4e-5	10000	4.2e-3	10000
3K82	81/97	6.3e-11	10000	3.4e-3	10000
CASK	51/83	9.9e-2	9993	1.9e-2	9993
TIAM1	51/94	6.2e-1	4996	9.6e-3	4944

Table 4.12 – Résultats Superfamily pour les séquences Proteus avec l'ancien test Monte Carlo

Protein	Match/seq size	Superfamily Evalue	Superfamily success	Family Evalue	Family success
1G9O	77/91	1.3e-4	9999	3.2e-3	9999
1IHJ	81/94	3.9e-6	9999	2.8e-3	9999
1N7E	79/95	4.8e-6	10000	1.8e-3	10000
1R6J	58/82	2.1e-1	8716	1.3e-2	8716
2BYG	78/97	4.6e-3	9998	4.1e-3	9998
3K82	84/97	4.0e-4	9998	3.8e-3	9998
CASK	50/83	2.5e-1	7571	2.2e-2	7571
TIAM1	51/94	7.2e-1	3367	5.8e-2	3367

Table 4.13 – Résultats Superfamily pour les séquences Proteus avec le nouveau test Monte Carlo

Résultats Superfamily

4.3. Résultats

Protein	Match/seq size	Superfamily Evalue	Superfamily success	Family Evalue	Family success
1G9O	78/91	2.5e-3	10000	3.0e-3	10000
1IHJ	86/94	5.6e-7	10000	2.3e-3	10000
1N7E	81/95	1.1e-6	10000	2.4e-3	10000
1R6J	41/82	1.5	1350	2.6e-2	1350
2BYG	77/97	1.0e-2	10000	2.3e-3	10000
3K82	86/97	4.0e-16	10000	2.7e-3	10000

Table 4.14 – Résultats Superfamily pour les séquences Proteus avec le nouveau test Monte Carlo et énergies de références optimisées sur l'ensemble réduit à six protéines

Protein	Match/seq size	Superfamily Evalue	Superfamily success	Family Evalue	Family success
1G9O	79/91	3.6e-7	10000	5.0e-3	9999
1IHJ	83/94	4.4e-8	9998	2.4e-3	9998
1N7E	78/95	6.05e-6	9999	1.8e-3	9999
1R6J	61/82	5.6e-2	7721	9.3e-3	7716
2BYG	75/97	4.3e-5	9993	4.2e-3	9993
3K82	84/97	6.3e-11	9999	3.4e-3	9999
CASK	44/83	9.9e-2	6981	1.9e-2	6977
TIAM1	45/94	6.2e-1	151	9.2e-2	151

Table 4.15 – Résultats Superfamily pour les séquences Proteus avec le nouveau ($T=0.175$) test Monte Carlo

Protein	Match/seq size	Superfamily Evalue	Superfamily success	Family Evalue	Family success
1G9O	79/91	1.3e-9	10000	3.1e-3	10000
1IHJ	84/94	8.7e-8	10000	2.2e-3	10000
1N7E	77/95	2.1e-3	10000	2.6e-3	10000
1R6J	57/82	3.2e-1	7224	1.7e-2	7224
2BYG	79/97	6.7e-4	10000	4.2e-3	10000
3K82	84/97	3.7e-13	10000	2.9e-3	10000
CASK	40/83	1.6e-1	6299	1.8e-2	6299
TIAM1	51/94	1.9	24	1.2e-2	24

Table 4.16 – Résultats Superfamily nouveau Proteus et nouvelles energies de references

Protein	Match/seq size	Superfamily Evalue	Superfamily success	Family Evalue	Family success
1G9O	79/91	1.3e-13	10000	2.2e-3	10000
1IHJ	85/94	7.4e-14	10000	3.7e-3	10000
1N7E	84/95	2.2e-10	10000	1.2e-3	10000
1R6J	76/82	7.3e-13	10000	1.8e-3	10000
2BYG	86/97	1.3e-9	10000	9.6e-4	10000
3K82	90/97	3.7e-23	10000	5.2e-4	10000
CASK	68/83	3.5e-3	9925	7.2e-3	9925
TIAM1	65/94	2.3e-2	9775	2.8e-2	9769

Table 4.17 – Résultats Superfamily pour les séquences Rosetta des protéines PDZ

Table 4.18 – Alignement PDZ positions du coeur

1G9O	C	Y	F	L	I	A	L	L	V	V	V	I	V	L	V
	15	24	26	28	39	48	53	59	62	67	75	79	86	88	90
1IHJ	V	F	I	I	I	A	L	I	L	V	V	I	I	L	I
	18	28	30	32	50	59	65	71	74	79	87	91	98	100	102
1N7E	V	L	I	I	I	A	I	I	I	L	A	L	V	L	I
	673	682	684	686	698	707	713	719	722	727	735	739	746	748	750
1R6J	I	V	F	F	I	A	L	I	I	V	I	L	V	I	I
	199	209	211	213	218	227	232	238	241	246	254	258	265	267	269
2BYG	I	L	F	I	V	A	L	L	V	L	A	L	V	L	V
	194	203	205	207	224	233	239	245	248	253	261	265	272	274	276
3K82	I	L	F	I	I	A	L	I	V	L	A	L	V	I	A
	314	323	325	327	338	347	353	359	362	367	375	379	386	388	390
CASK	F	M	I	L	V	I	L	I	I	V	L	L	I	F	I
	493	501	503	505	515	524	530	536	539	544	552	556	563	565	567
Tiam1	I	Y	F	L	V	A	L	I	I	A	L	L	L	L	V
	848	858	860	862	875	884	889	895	898	903	911	915	920	922	924

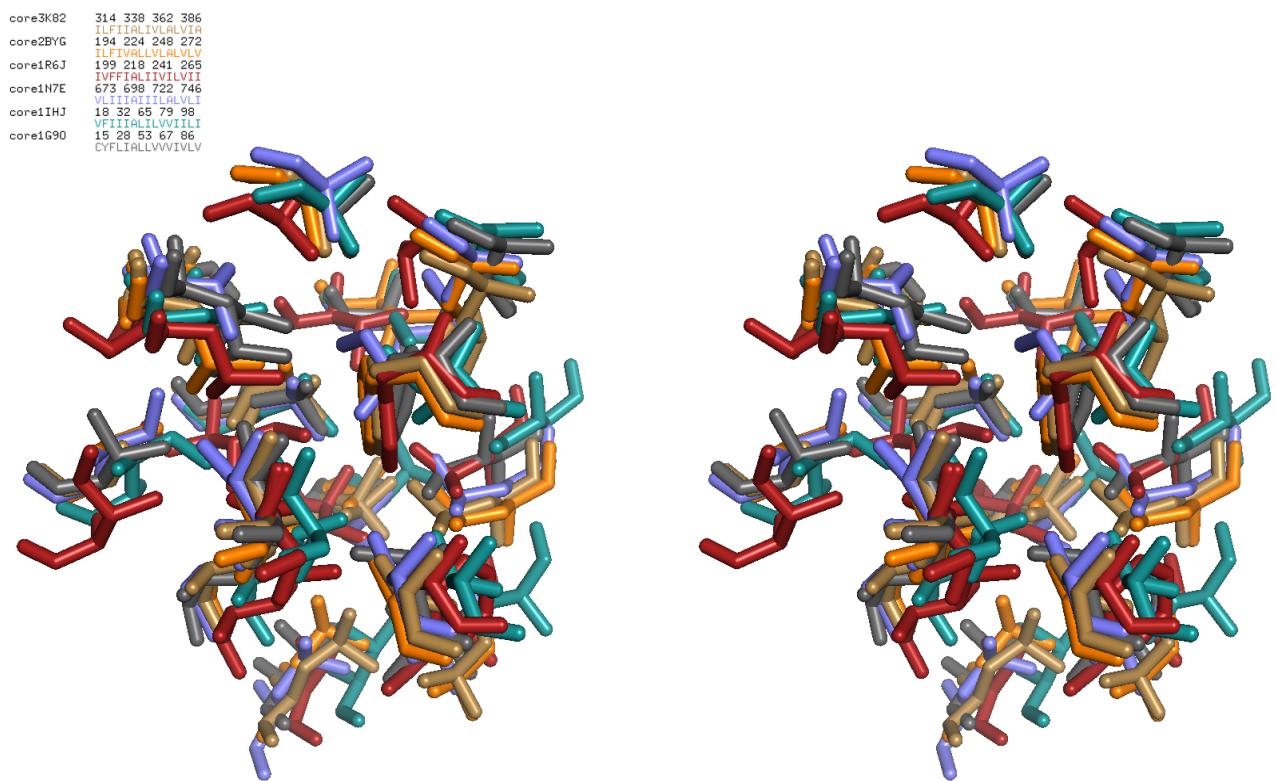


Figure 4.9 – le cœur PDZ sélectionné

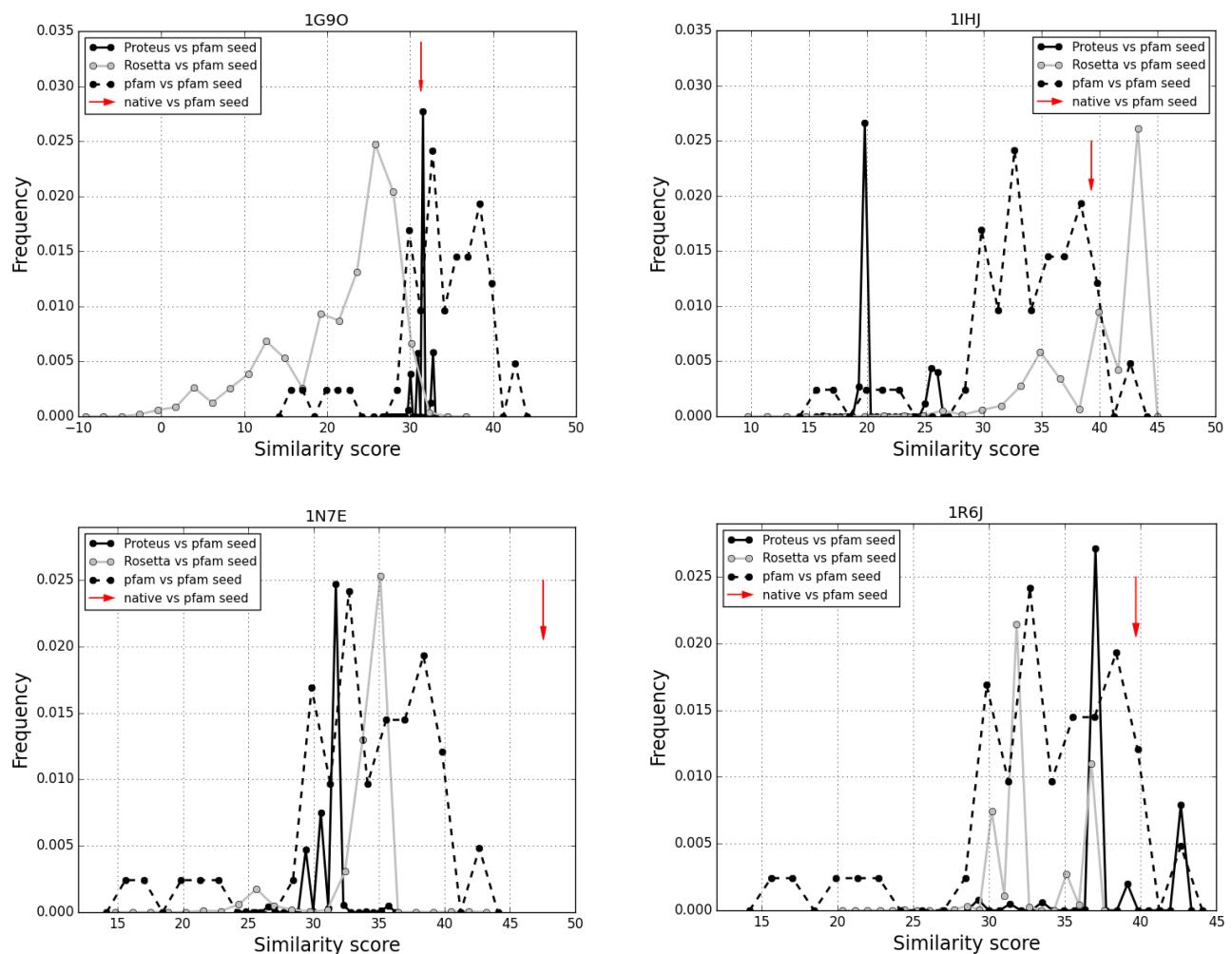


Figure 4.10 – Similarité des séquences Proteus et Rosetta à l’alignement Pfam seed

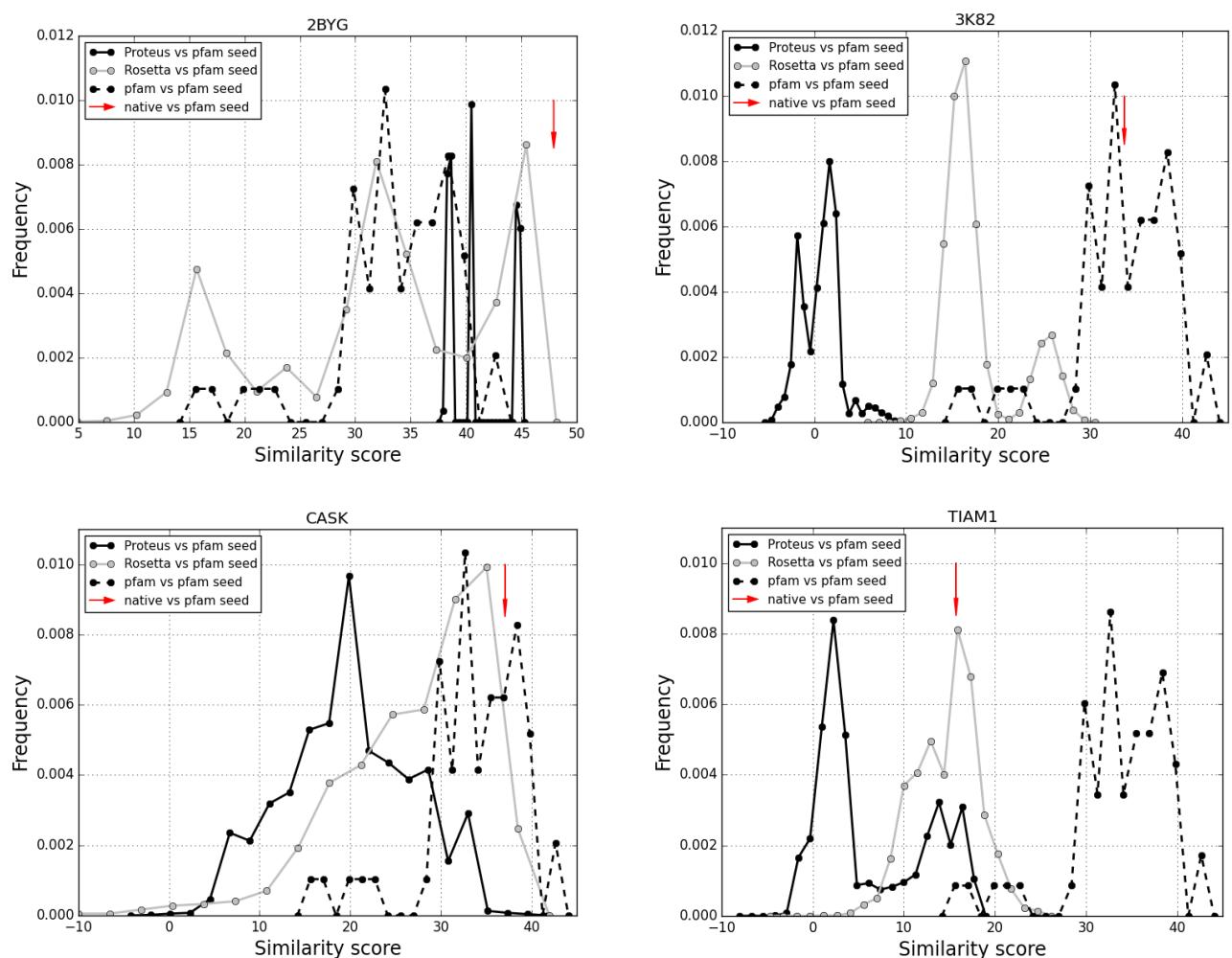


Figure 4.11 – Similarité des séquences Proteus et Rosetta à l’alignement Pfam seed (suite)

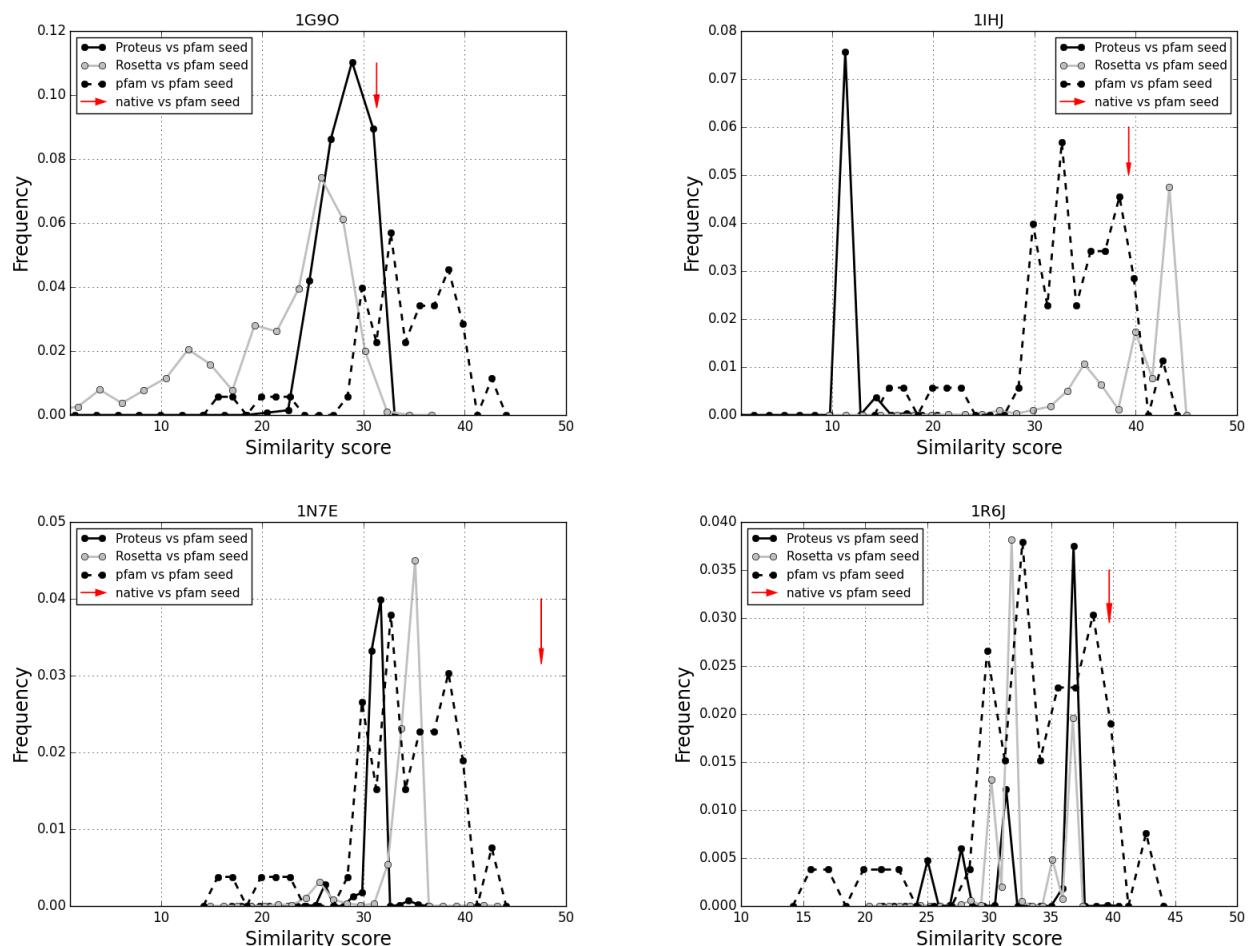


Figure 4.12 – Similarité des séquences Proteus2 et Rosetta à l’alignement Pfam seed

4.3. Résultats

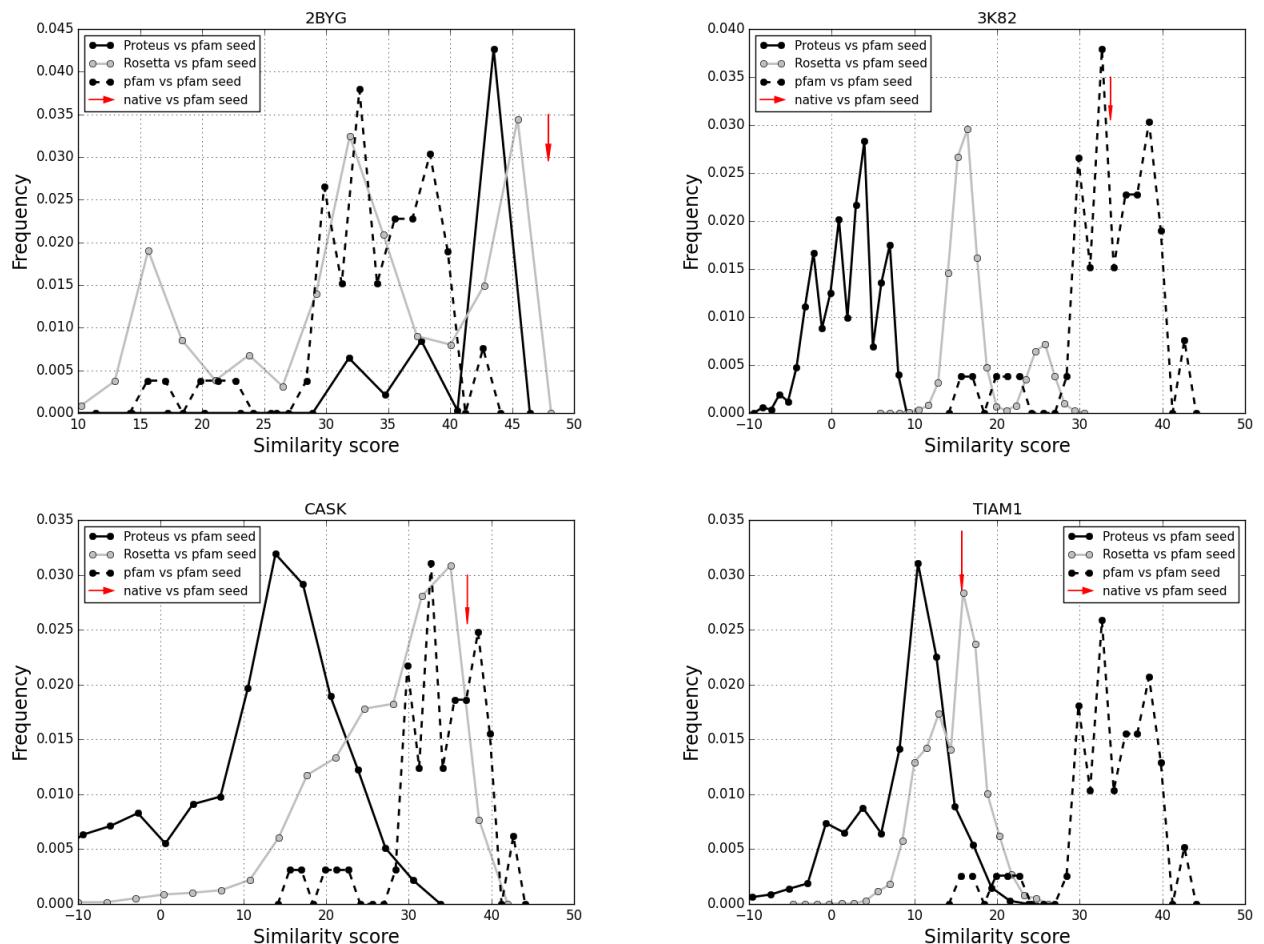


Figure 4.13 – Similarité des séquences Proteus2 et Rosetta à l’alignement Pfam seed (suite)

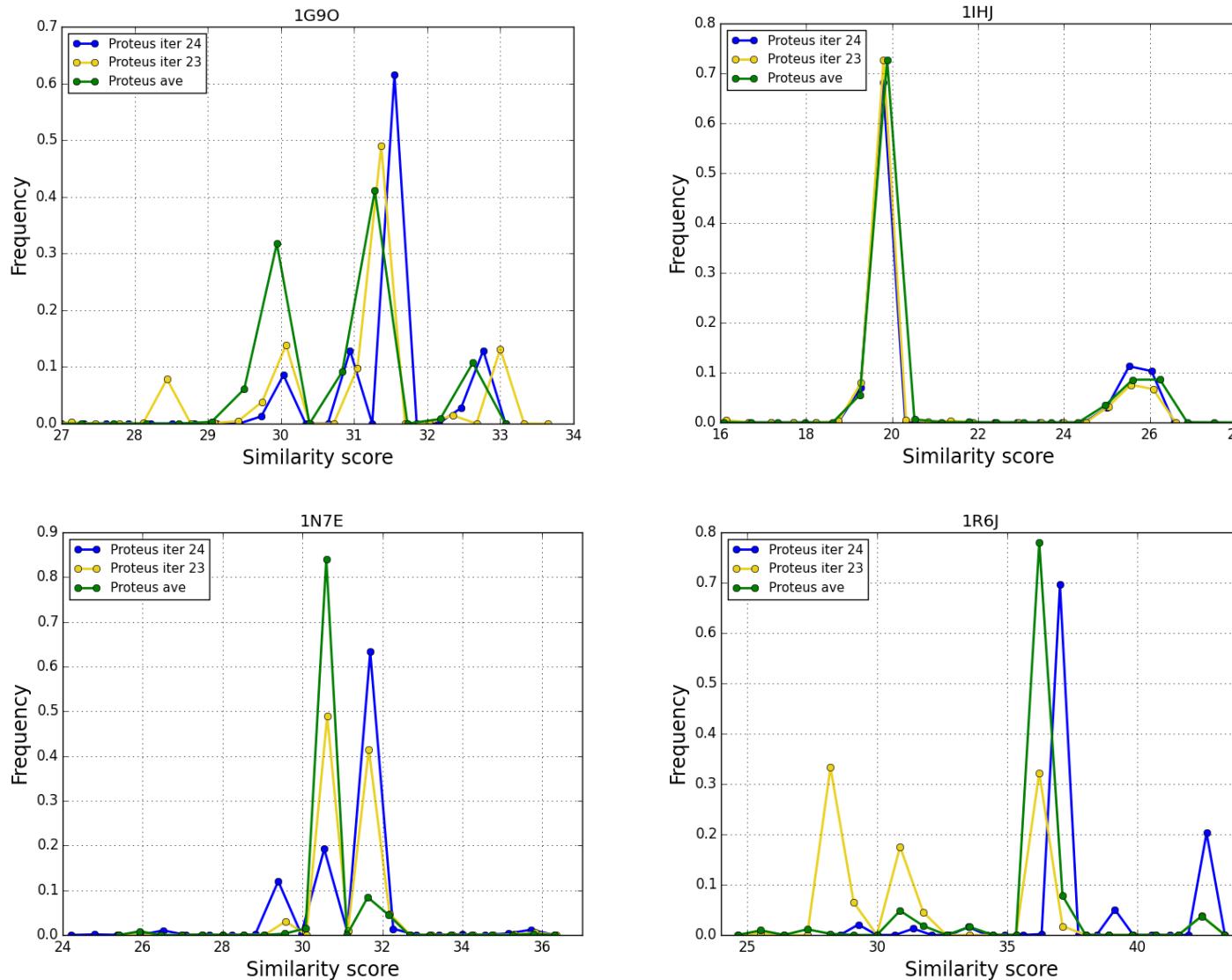


Figure 4.14 – Similarité des séquences Proteus à l’alignement Pfam seed

4.3. Résultats

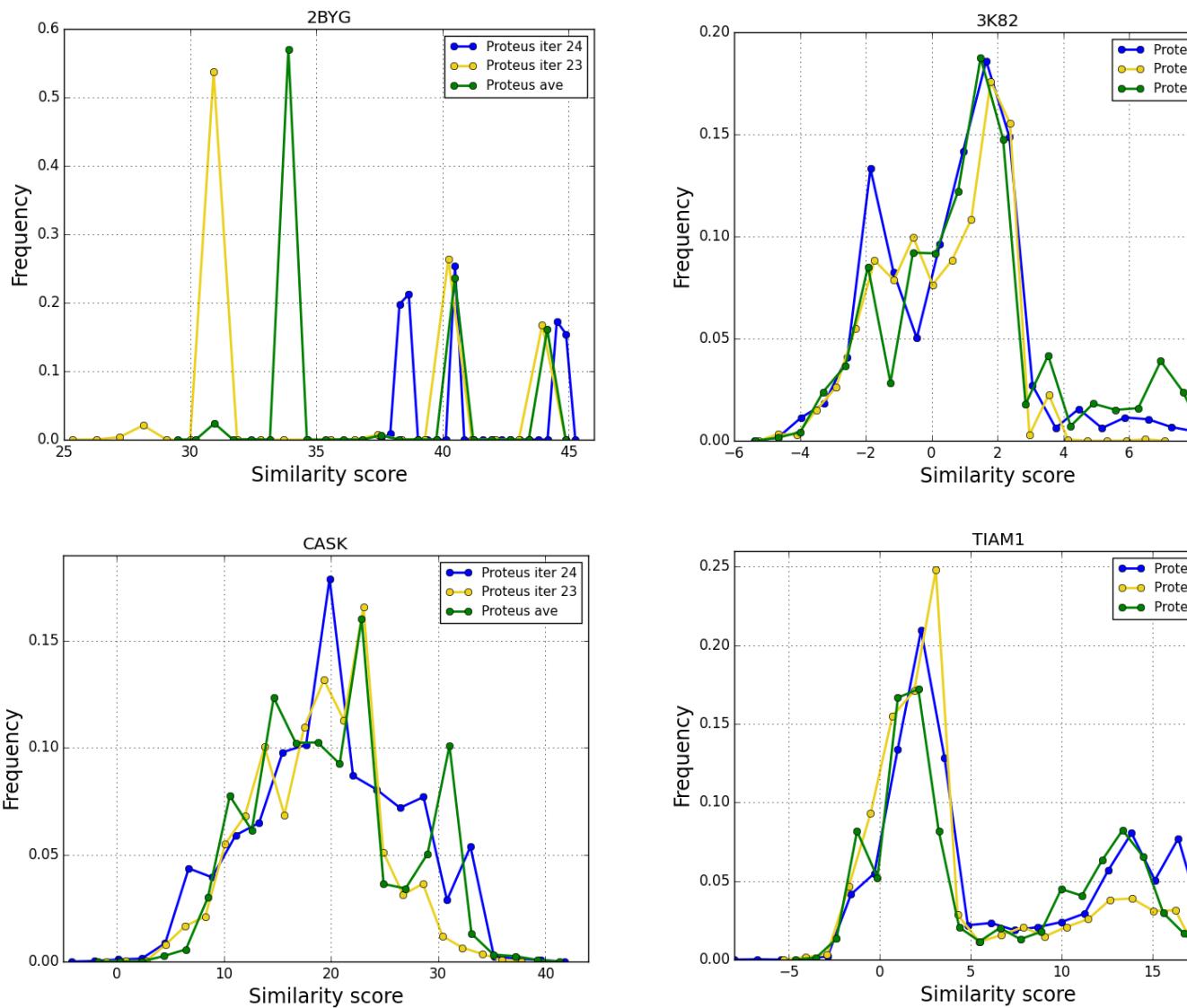


Figure 4.15 – Similarité des séquences Proteus à l’alignement Pfam seed(suite)

Protein	Proteus	Proteus2	Proteus3	Rosetta	Pfam seed
1G9O	1.40	1.42	1.47	1.45	3.15
1IHJ	1.38	1.46	1.51	1.55	3.06
1N7E	1.37	1.37	1.69	1.44	3.09
1R6J	1.39	1.44	1.53	1.43	3.03
2BYG	1.27	1.30	1.78	1.57	3.11
3K82	1.28	1.40	1.50	1.40	3.15
CASK	1.45	1.95	1.62	1.68	3.15
TIAM1	1.35	1.62	1.72	1.57	3.15

Table 4.19 – Moyenne de l'exponentiel de l'entropie sur les ensembles des positions des protéines

4.3. Résultats

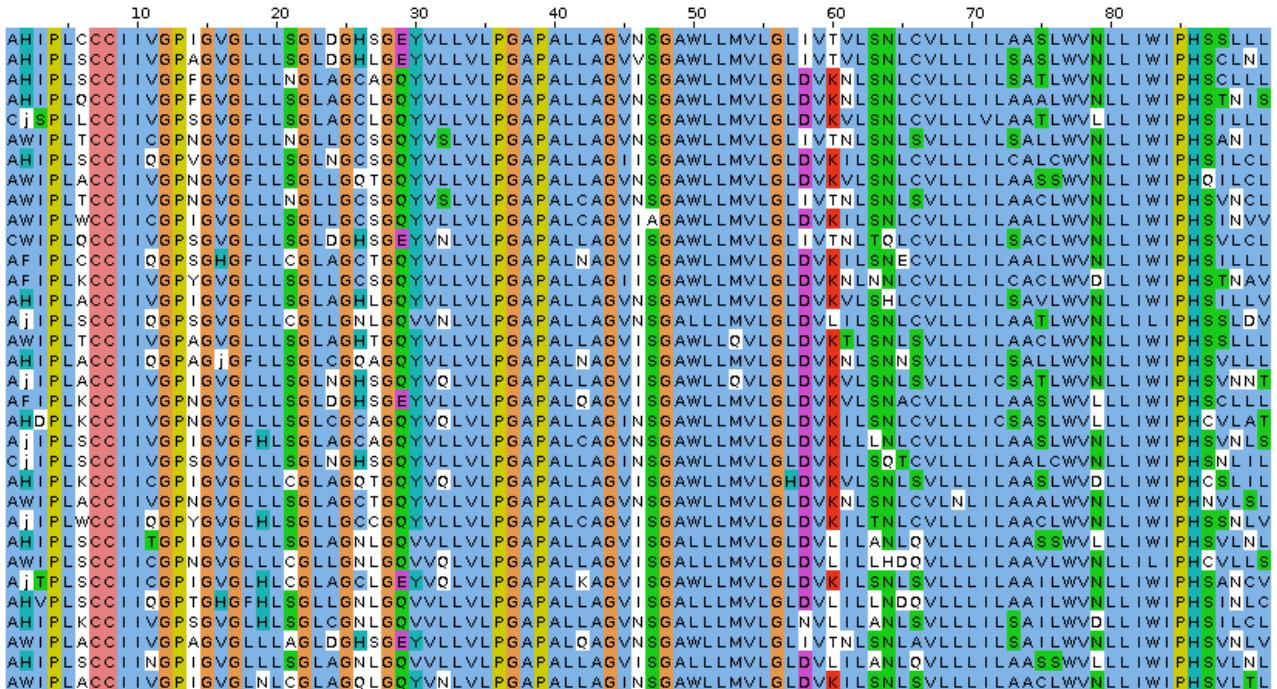


Figure 4.16 – Sélection de séquences protéins 1G9O

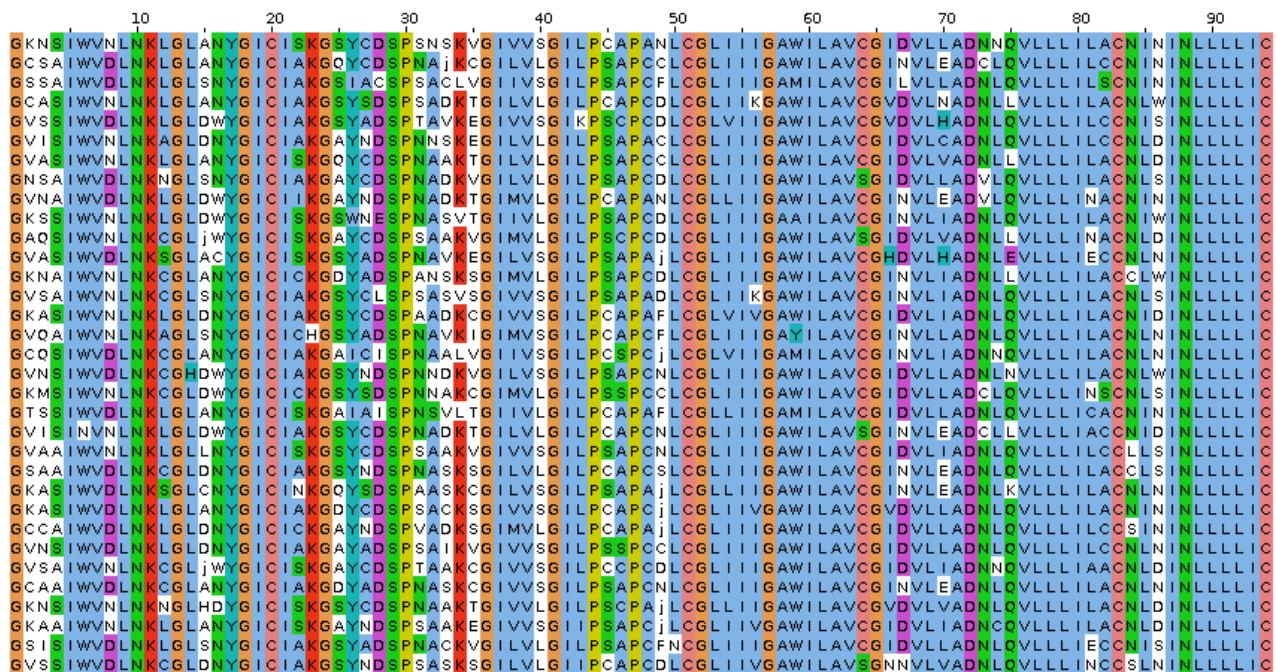


Figure 4.17 – Sélection de séquences protéins 1IHJ

Chapitre 4. PDZ

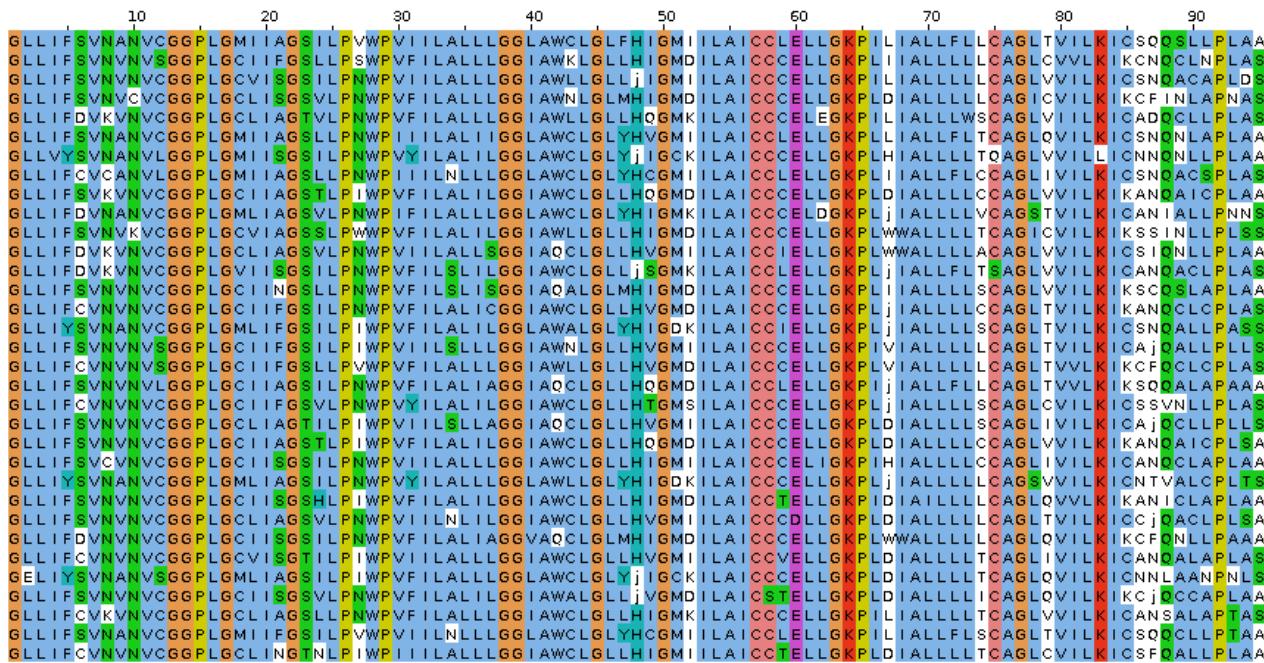


Figure 4.18 – Sélection de séquences protéins 1N7E

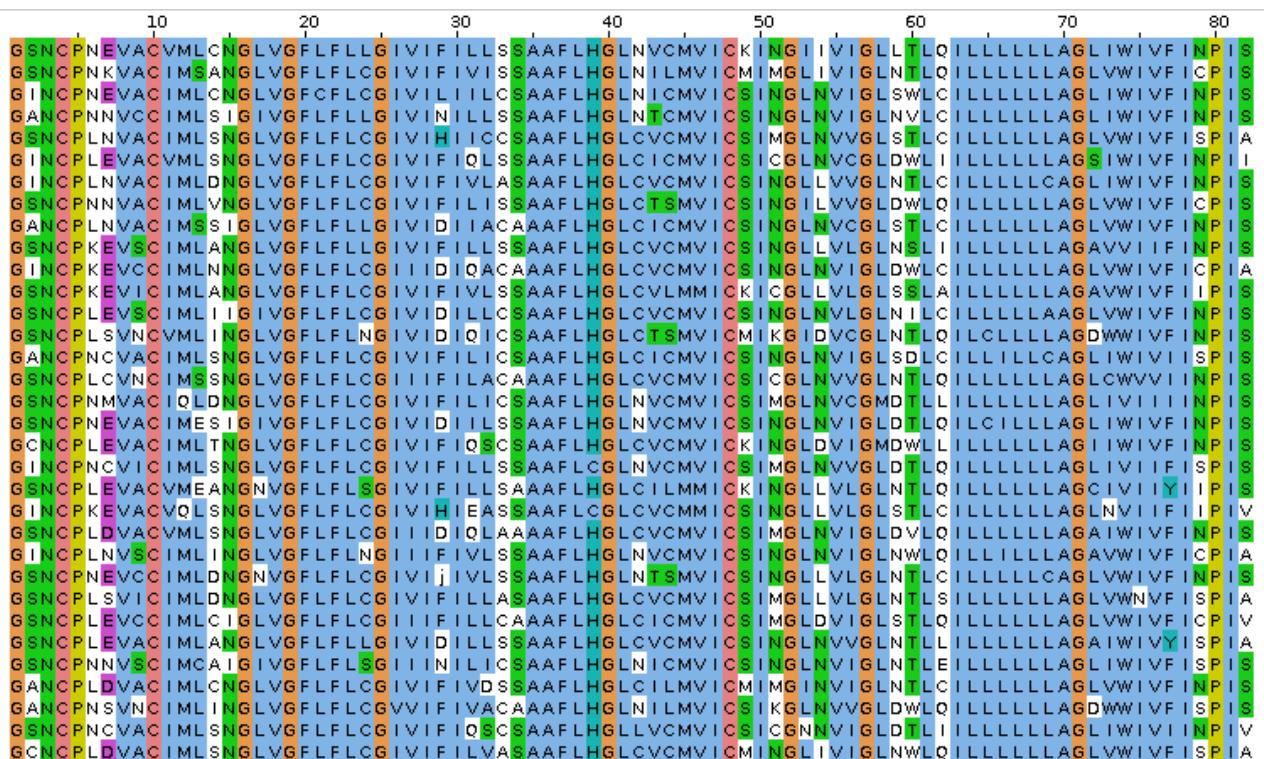


Figure 4.19 – Sélection de séquences protéins 1R6J

4.3. Résultats

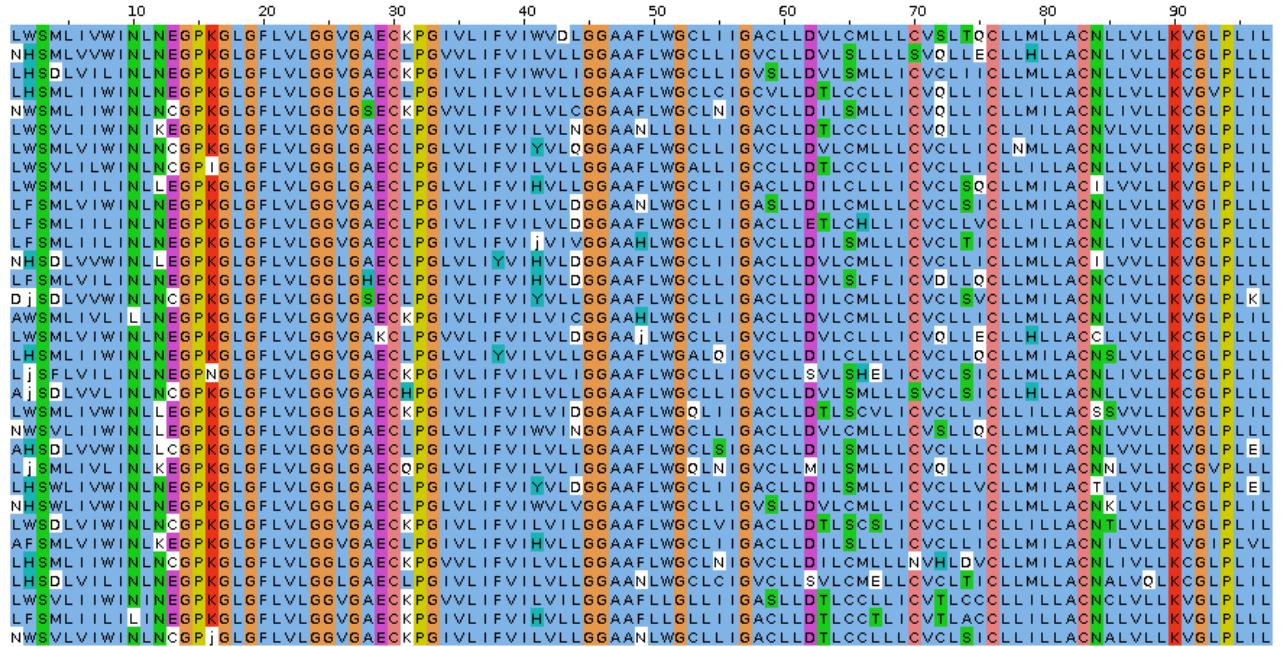


Figure 4.20 – Sélection de séquences protéins 2BYG

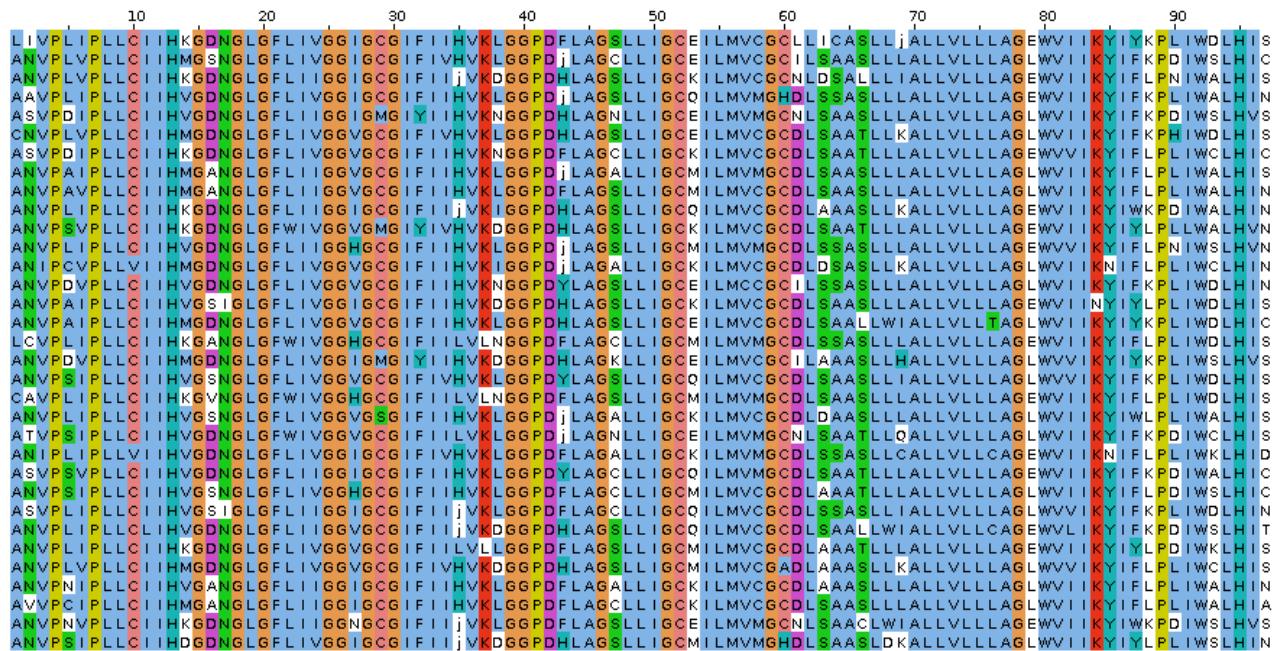


Figure 4.21 – Sélection de séquences protéins 3K82

Chapitre 4. PDZ

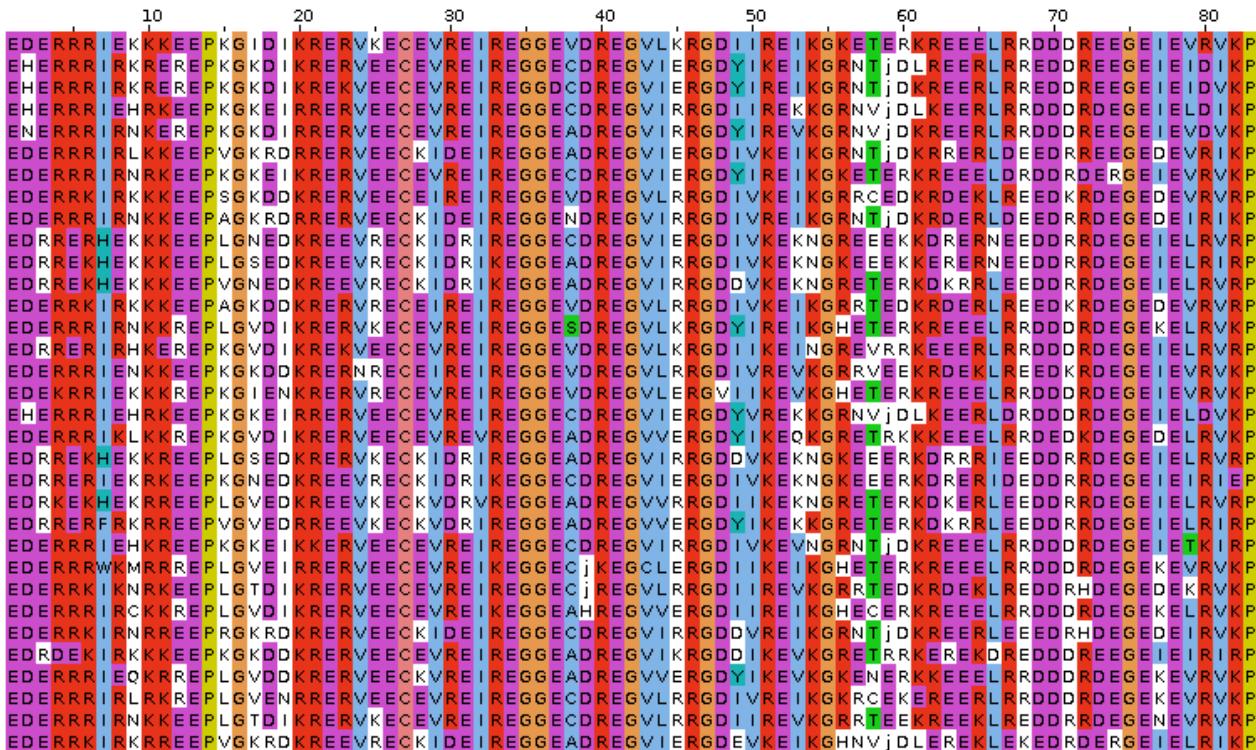


Figure 4.22 – Sélection de séquences protéins CASK

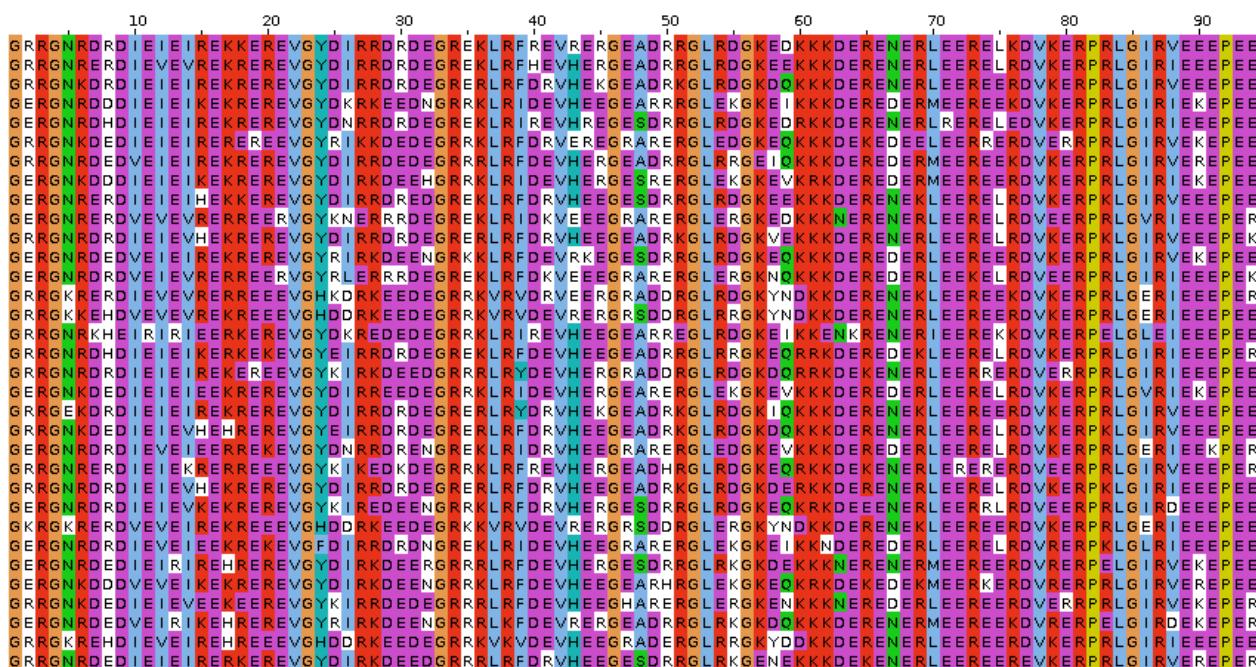


Figure 4.23 – Sélection de séquences protéins TIAM1

4.3. Résultats

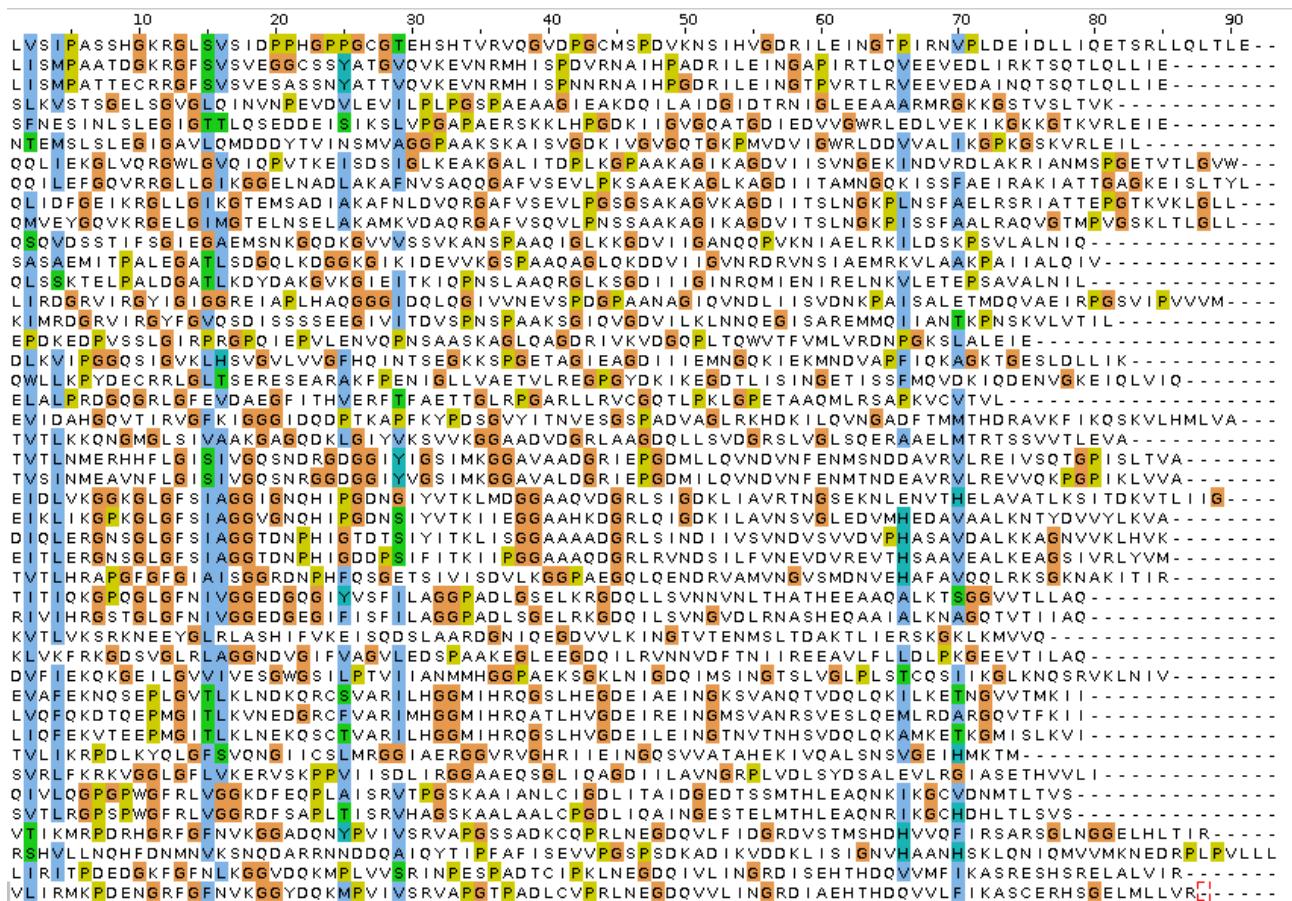


Figure 4.24 – Les séquences de l'alignement PDZ seed de Pfam

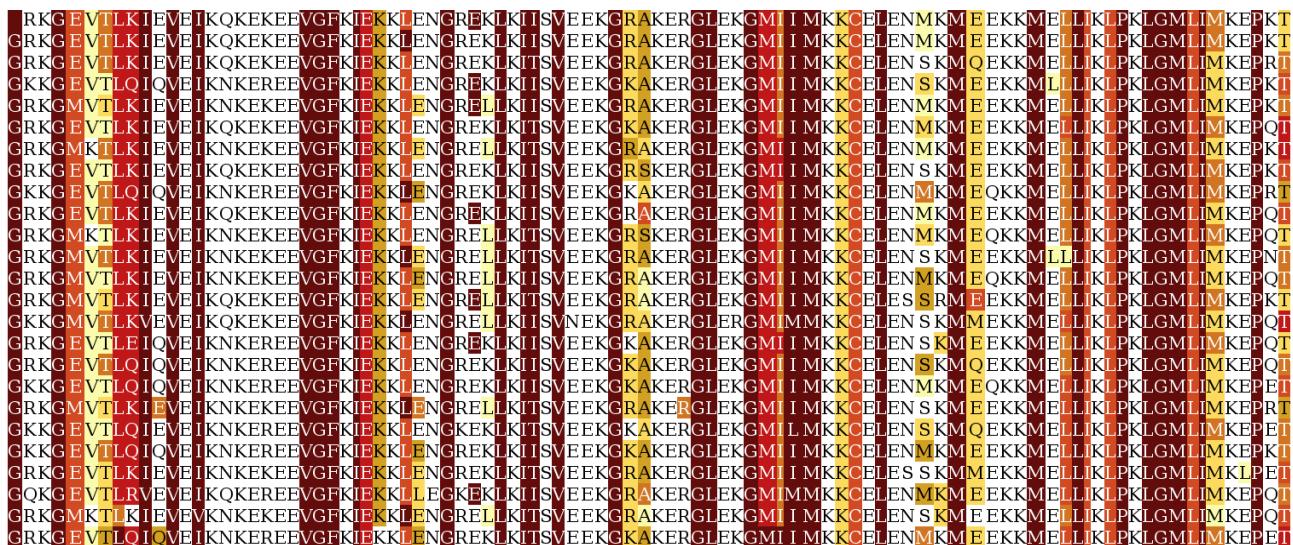


Figure 4.25 – Séquences Tiam1 obtenues avec un delta d'énergies de références à 0,4. Les hydrophobes pour des deltas de -0,4,-0,2,-0,1,0,0,1,0,2 et 0,4 sont représentés par un dégradé de gris foncés à gris clair.

4.3. Résultats

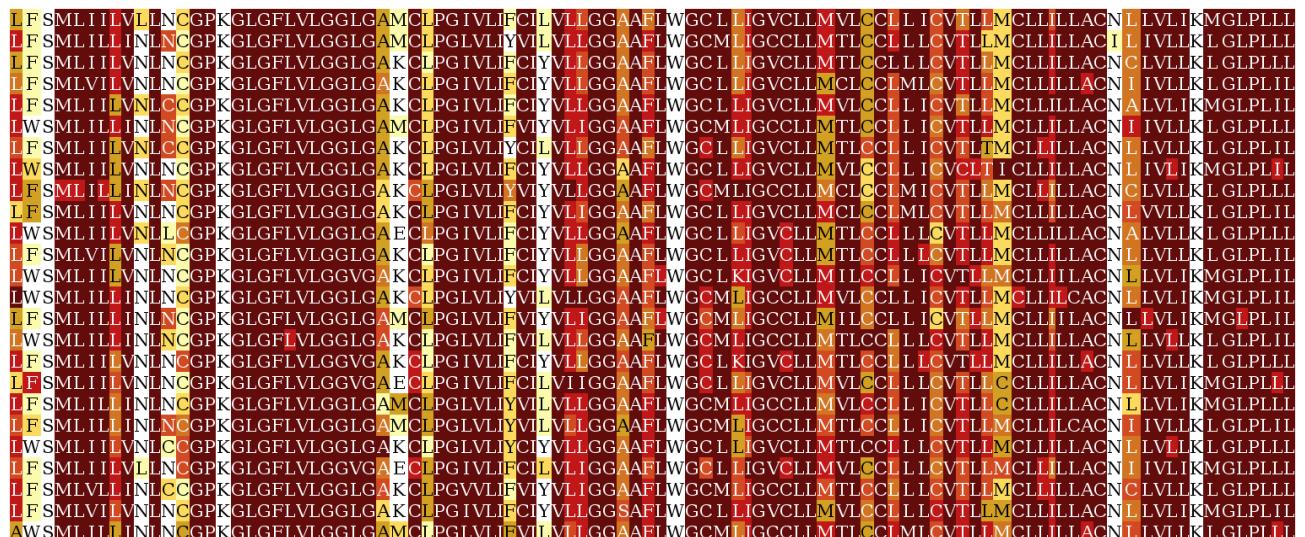


Figure 4.26 – Séquences 2BYG obtenues avec un delta d'énergies de références à 0,4. Les hydrophobes pour des deltas de -0,4,-0,2,-0,1,0,0,1,0,2 et 0,4 sont représentés par un dégradé de gris foncés à gris clair.

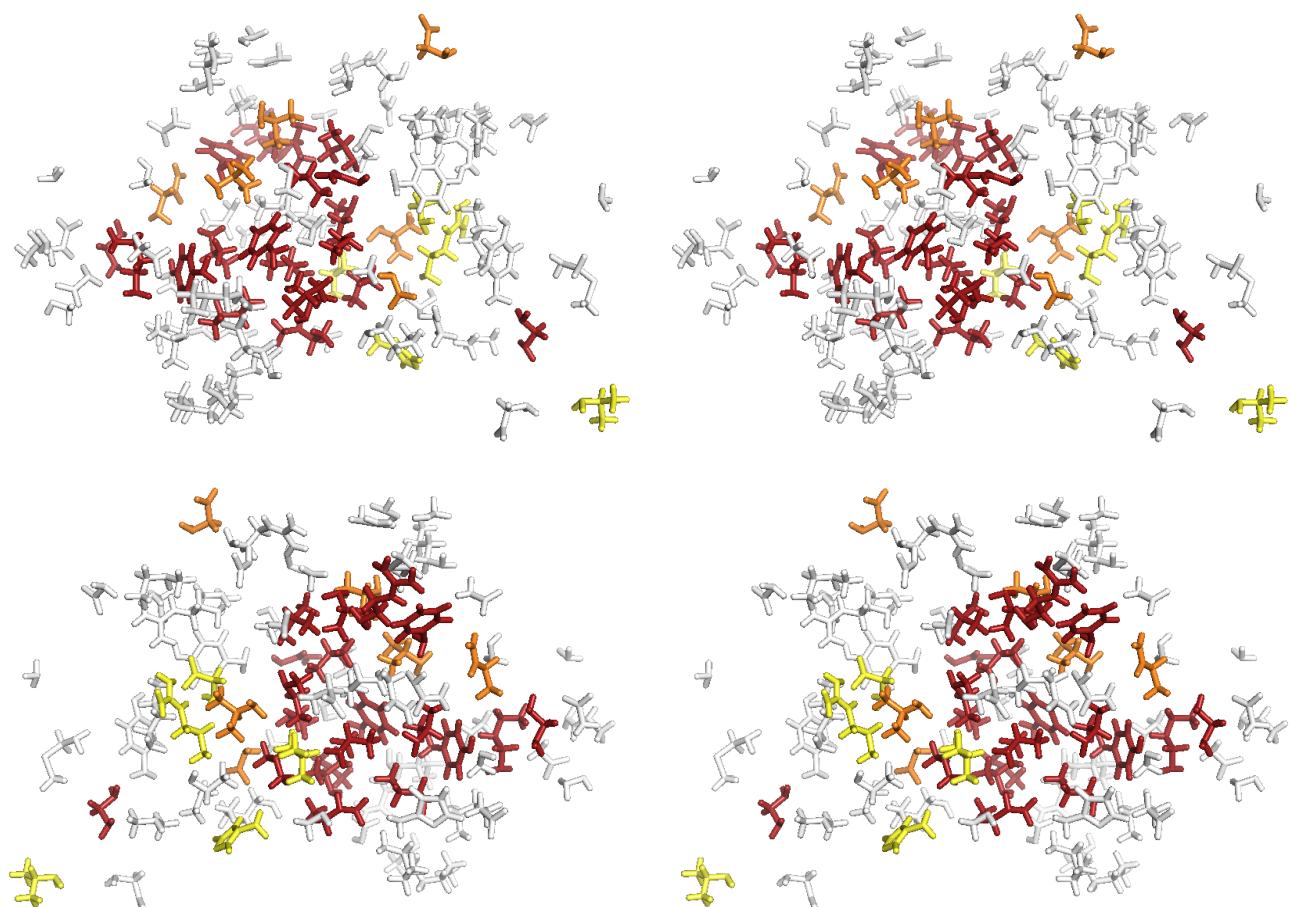


Figure 4.27 – Structure sauvage Tiam1 colorée, respectivement en rouge, orange et jaune, aux positions hydrophobes pour des deltas de -0.4,0,et 0.4.

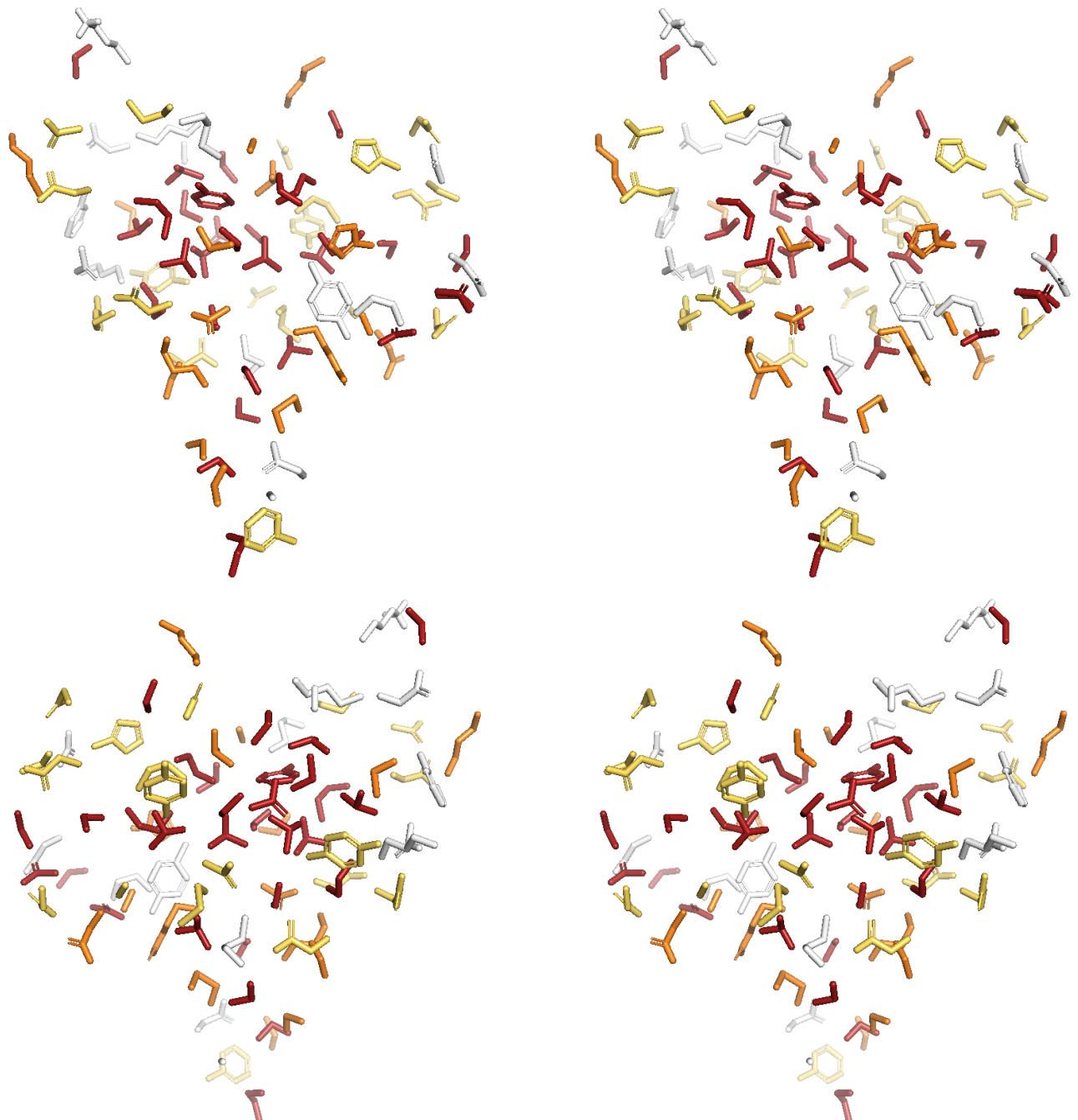


Figure 4.28 – Structure sauvage 2BYG colorée, respectivement en rouge, orange et jaune, aux positions hydrophobes pour des deltas de -0.4,0,et 0.4.

Conclusion

XXX

Annexe 1 :Liste des positions actives pour chaque test

Conclusion

Nom	S_{Vois}	positions actives
1A81 1	10	10 13 16 84 86
1A81 2	10	20 21 24 27 116
1A81 3	10	35 38 56 105 107
1A81 4	10	44 47 52 65 67
1A81 5	10	82 84 86 87 90
1ABO 1	10	64 66 90 93 100
1ABO 2	10	72 74 80 104 111
1ABO 3	10	79 82 102 111 115
1ABO 4	10	83 86 104 105 106
1ABO 5	10	93 100 102 113 116
1BM2 1	10	101 106 140 141 146
1BM2 2	10	120 128 131 132 135
1BM2 3	10	58 61 127 128 129
1BM2 4	10	74 75 98 100 105
1BM2 5	10	85 87 95 110 128
1CKA 1	10	136 138 158 175 190
1CKA 2	10	149 166 169 171 181
1CKA 3	10	151 153 157 159 172
1CKA 4	10	164 170 172 184 187
1CKA 5	10	172 174 182 186 187
1G9O 1	10	10 13 54 57 92
1G9O 2	10	15 39 42 54 57
1G9O 3	10	24 26 28 39 42
1G9O 4	10	48 53 57 59 88
1G9O 5	10	75 78 79 86 88
1M61 1	10	12 20 23 24 27
1M61 2	10	17 20 24 37 49
1M61 3	10	27 33 51 100 102
1M61 4	10	5 8 10 11 36
1M61 5	10	59 71 84 87 94
1O4C 1	10	20 21 32 34 46
1O4C 2	10	2 71 79 81 82
1O4C 3	10	33 45 63 71 73
1O4C 4	10	43 45 63 71 85
1O4C 5	10	8 33 82 83 86
1R6J 1	10	194 237 239 270 272
1R6J 2	10	199 201 211 218 232
1R6J 3	10	213 218 227 232 238
1R6J 4	10	221 227 232 267 269
1R6J 5	10	241 254 258 267 269
2BYG 1	10	189 191 221 244 246
2BYG 2	10	205 224 239 245 248
2BYG 3	10	232 233 265 272 274
2BYG 4	10	238 240 243 276 278
2BYG 5	10	253 261 264 265 274

Table 20 – Les tests avec cinq positions actives

Nom	S_{Vois}	positions actives
1A81 1	10	13 15 39 41 53 86 89 90 93 103
1A81 2	10	39 41 53 55 64 66 76 89 92 103
1A81 3	10	51 53 64 66 68 74 76 82 88 92
1A81 4	10	76 82 87 88 90 91 92 95 97 99
1A81 5	10	9 10 11 16 41 51 53 66 88 89
1ABO 1	10	64 72 74 79 89 91 101 103 108 111
1ABO 2	10	66 68 80 82 88 90 100 102 104 111
1ABO 3	10	69 70 72 74 80 81 106 113 114 115
1ABO 4	10	71 78 83 84 94 99 101 104 105 106
1ABO 5	10	72 79 82 94 99 102 104 106 111 115
1BM2 1	10	119 120 121 122 123 125 131 134 135 140
1BM2 2	10	125 126 127 129 130 133 134 136 137 147
1BM2 3	10	83 99 101 106 108 135 140 141 146 148
1BM2 4	10	85 95 97 110 118 120 125 128 131 132
1BM2 5	10	99 101 106 139 140 141 142 143 144 146
1CKA 1	10	134 135 160 161 162 173 174 175 176 179
1CKA 2	10	137 139 143 151 153 157 159 172 182 186
1CKA 3	10	138 140 147 149 150 155 166 169 181 188
1CKA 4	10	140 141 153 154 155 157 174 175 184 186
1CKA 5	10	151 153 157 166 168 173 174 176 178 179
1G9O 1	10	10 11 13 14 15 16 53 54 57 92
1G9O 2	10	15 17 24 26 39 42 48 51 53 88
1G9O 3	10	26 28 39 42 48 53 57 59 88 90
1G9O 4	10	34 35 58 60 68 70 74 75 89 91
1G9O 5	10	71 73 74 77 80 81 82 83 84 85
1M61 1	10	10 12 20 23 24 27 35 49 102 104
1M61 2	10	17 20 21 24 37 39 40 47 49 58
1M61 3	10	34 36 46 48 59 61 71 83 84 87
1M61 4	10	5 6 11 36 46 48 61 69 83 84
1M61 5	10	59 61 70 71 75 77 83 86 87 92
1O4C 1	10	31 33 45 47 61 63 73 86 89 100
1O4C 2	10	50 51 52 53 63 72 73 77 85 89
1O4C 3	10	61 62 63 71 72 73 79 85 88 89
1O4C 4	10	73 74 75 76 77 89 92 94 96 101
1O4C 5	10	90 91 93 96 98 99 101 102 103 104
1R6J 1	10	193 194 195 197 199 218 232 236 267 269
1R6J 2	10	199 209 211 213 218 227 232 238 265 267
1R6J 3	10	201 204 205 209 211 218 241 258 265 267
1R6J 4	10	209 211 213 218 227 238 241 258 265 267
1R6J 5	10	238 240 241 242 246 257 258 261 265 267
2BYG 1	10	194 196 203 205 224 233 239 245 274 276
2BYG 2	10	203 205 207 224 227 233 239 243 245 276
2BYG 3	10	206 207 222 245 248 251 253 256 261 264 265
2BYG 4	10	221 222 245 248 251 253 256 261 264 265
2BYG 5	10	247 248 249 250 251 252 259 262 263 275

Table 21 – Les tests avec dix positions actives

Conclusion

Nom	S_{Vois}	positions actives
1A81 1	1	9 11 12 13 15 16 17 19 20 25 28 39 40 41 42 43 44 45 114 117
1A81 2	1	9 11 12 13 15 16 17 19 20 25 28 39 40 41 42 43 44 45 47 117
1A81 3	1	9 11 12 13 15 16 17 19 19 41 43 48 51 68 74 84 86 109 114 117
1A81 4	1	12 13 15 16 17 19 20 25 28 39 40 41 42 43 44 45 47 86 114 117
1A81 5	1	13 15 16 19 41 43 48 51 60 64 68 70 71 74 84 86 87 88 109 114 117
1ABO 1	1	64 66 67 68 82 86 87 88 89 90 91 101 102 102 103 103 108 111 113 116
1ABO 2	1	64 65 65 66 67 84 87 88 89 90 91 93 100 101 102 103 108 111 113 116
1ABO 3	1	65 66 67 87 88 89 90 91 93 94 95 100 101 102 103 106 108 111 113 116
1ABO 4	1	64 65 66 67 69 87 88 89 90 91 93 100 101 102 103 106 108 111 113 116
1ABO 5	1	66 67 68 82 86 87 88 89 90 91 93 100 101 102 103 106 108 111 113 116
1BM2 1	1	55 56 60 61 62 83 84 85 86 87 95 97 99 110 118 125 127 133 150 152
1BM2 2	1	55 56 60 61 62 83 84 85 86 87 95 97 99 110 118 125 127 128 129 152
1BM2 3	1	55 56 58 60 61 62 64 67 69 73 83 84 85 86 87 129 132 133 150 152
1BM2 4	1	55 56 60 61 62 69 83 84 85 86 87 95 97 99 110 129 132 133 150 152
1BM2 5	1	58 60 60 61 61 62 64 67 69 73 75 83 84 85 86 129 132 133 150 152
1CKA 1	1	134 135 136 137 138 139 150 151 160 161 162 163 164 170 171 172 173 179 189 190
1CKA 2	1	134 135 136 137 139 150 151 153 160 161 162 163 164 170 171 172 173 179 189 190
1CKA 3	1	134 136 137 139 150 151 157 158 160 161 162 163 164 170 171 172 173 179 189 190
1CKA 4	1	136 137 139 150 151 153 158 159 160 161 162 163 164 170 171 172 173 179 189 190
1CKA 5	1	137 139 150 151 153 158 160 161 162 163 164 170 171 172 173 174 175 179 189 190
1G90 1	1	9 10 11 13 14 15 31 34 38 54 57 58 60 68 90 91 92 94 95 96
1G90 2	1	9 11 13 14 15 16 31 34 38 54 57 58 60 68 90 91 92 94 95 96
1G90 3	1	9 11 13 14 15 31 34 38 54 55 57 58 60 68 90 91 92 94 95 96
1G90 4	1	9 11 13 15 16 17 54 57 58 59 60 61 68 89 90 91 92 94 95 96
1G90 5	1	10 11 13 15 16 17 54 57 58 60 61 68 89 90 90 91 92 94 95 96
1M61 1	1	34 35 36 37 38 39 42 46 47 48 49 50 61 63 69 71 77 78 81 82
1M61 2	1	35 36 37 38 39 42 46 47 48 49 50 61 63 69 71 77 78 81 82 83
1M61 3	1	38 39 42 46 47 48 49 50 61 63 69 71 77 78 81 82 83 84 85 87
1M61 4	1	42 46 47 48 49 50 61 63 69 71 77 78 81 82 83 84 85 87 88 98
1M61 5	1	5 7 50 61 63 69 71 77 78 81 82 83 84 85 87 88 98 103 104 109
1O4C 1	1	32 33 34 35 43 45 63 65 71 73 79 80 81 82 83 84 85 86 87 89
1O4C 2	1	3 4 5 7 8 9 11 17 31 32 33 34 35 43 45 63 65 71 73 79
1O4C 3	1	1 3 4 5 6 7 8 9 11 17 31 32 33 35 43 45 65 81 82 83
1O4C 4	1	1 2 3 4 5 6 7 8 9 11 12 13 14 17 19 35 65 81 82 83
1O4C 5	1	1 3 4 5 6 7 8 9 11 12 17 31 32 33 34 35 65 81 82 83
1R6J 1	1	193 194 195 197 214 215 217 218 233 235 236 237 239 240 241 242 247 269 270 273
1R6J 2	1	193 194 197 198 199 217 233 235 236 237 238 239 240 241 242 247 268 270 272 273
1R6J 3	1	193 195 197 217 233 235 236 239 240 241 242 244 245 247 268 269 270 270 272 273
1R6J 4	1	193 195 197 217 233 235 236 237 239 241 242 244 245 247 268 269 270 272 273 273
1R6J 5	1	193 194 197 198 199 233 236 237 239 240 241 247 268 268 269 270 270 272 273
2BYG 1	1	186 187 188 189 190 191 192 215 216 219 244 246 270 271 273 274 278 280 281 282
2BYG 2	1	186 187 188 189 190 215 216 219 221 223 240 243 270 271 273 274 278 280 281 282
2BYG 3	1	186 187 188 189 190 215 216 219 221 223 240 243 244 270 271 273 278 280 281 282
2BYG 4	1	186 187 188 189 190 215 216 219 221 223 240 243 244 270 274 276 278 280 281 282
2BYG 5	1	187 189 190 191 192 215 216 219 221 223 240 243 244 270 274 276 278 280 281 282

Table 22 – Les tests avec vingt positions actives

Nom	S_{Vois}	positions actives
1A81 1	1	9 11 12 13 15 16 17 19 20 25 26 27 28 29 36 38 39 40 41 42 43 48 51 68 74 84 86 109 114 117
1A81 2	1	9 10 11 12 13 15 16 17 19 20 25 28 39 41 43 48 51 68 74 83 84 86 87 88 90 91 93 109 114 117
1A81 3	1	9 11 12 13 15 16 17 19 20 25 27 28 36 38 39 40 41 42 43 48 51 68 74 84 86 109 114 117
1A81 4	1	9 10 11 12 13 15 16 17 19 20 25 28 36 39 40 41 42 43 44 45 48 51 68 74 84 86 109 114 117
1A81 5	1	9 10 11 12 13 15 16 17 19 20 25 28 39 40 41 42 43 44 45 47 48 51 52 68 74 84 86 109 114 117
1ABO 1	1	64 65 66 67 68 70 71 72 75 78 79 80 81 82 83 86 87 88 89 90 91 93 100 101 102 103 108 111 113 116
1ABO 2	1	64 65 66 67 68 72 75 78 80 81 82 83 84 86 87 88 89 90 91 93 94 100 101 102 103 104 108 111 113 116
1ABO 3	1	64 66 67 68 70 71 72 78 82 86 87 88 89 90 91 93 94 95 96 99 100 101 102 103 104 105 108 111 113 116
1ABO 4	1	64 65 66 67 70 71 72 68 82 86 87 88 89 90 91 93 94 95 96 99 100 101 102 103 104 105 108 111 113 116
1ABO 5	1	65 66 67 70 71 72 75 78 80 82 86 87 88 89 90 91 93 94 95 96 99 100 101 102 103 108 111 113 116
1BM2 1	1	55 56 58 60 61 62 83 84 85 86 87 95 97 99 110 118 119 120 121 122 125 127 128 129 130 131 132 133 150 152
1BM2 2	1	56 58 60 61 62 83 84 85 86 87 95 97 99 110 118 119 120 121 122 123 125 127 128 129 130 131 132 133 150 152
1BM2 3	1	58 60 61 62 83 84 85 86 87 95 97 99 108 110 118 120 121 122 123 125 127 128 129 132 133 134 135 150 152
1BM2 4	1	55 56 58 60 61 62 83 84 85 86 87 95 97 99 108 109 110 118 120 121 125 127 128 129 130 131 132 133 150 152
1BM2 5	1	56 58 60 61 62 67 83 84 85 86 87 95 97 99 110 111 112 113 115 118 125 127 128 129 130 131 132 133 150 152
1CKA 1	1	134 135 136 137 139 140 141 142 143 144 146 147 148 149 150 151 158 159 160 161 162 163 164 170 171 172 173 179 189 190
1CKA 2	1	134 135 136 137 139 143 144 146 147 148 149 150 151 158 159 160 161 162 163 164 170 171 172 173 179 186 187 188 189 190
1CKA 3	1	135 136 137 139 144 146 147 148 149 150 151 157 158 159 160 161 162 163 163 164 170 171 172 173 179 186 187 188 189 190
1CKA 4	1	136 137 139 140 141 142 143 144 146 147 148 151 158 159 160 161 162 163 164 170 171 172 173 179 184 186 187 188 189 190
1CKA 5	1	134 136 137 139 140 141 142 143 144 146 147 148 151 158 159 160 161 162 163 164 170 171 172 173 179 182 187 188 189 190
1G9O 1	1	9 10 11 13 15 24 31 34 38 40 41 42 43 46 48 49 50 51 54 57 58 60 68 89 90 91 92 94 95 96
1G9O 2	1	9 11 13 15 31 32 34 38 40 41 42 43 46 48 49 50 51 54 57 58 60 68 89 90 91 92 94 95 96
1G9O 3	1	9 10 11 13 15 31 32 34 38 40 41 42 43 46 48 49 50 51 54 57 58 60 68 89 90 91 92 94 95 96
1G9O 4	1	10 11 13 14 15 31 32 34 38 40 41 42 43 46 48 49 50 51 54 57 58 60 61 68 89 90 91 92 94 95 96
1G9O 5	1	10 11 13 14 15 31 32 40 41 42 43 46 48 49 50 51 54 57 58 60 61 62 68 87 89 90 91 92 94 95 96
1M61 1	1	12 14 15 20 34 35 36 37 38 39 42 46 47 48 49 50 61 63 69 71 77 78 81 82 83 84 85 87 88 98
1M61 2	1	6 7 8 10 11 12 14 15 20 21 34 35 36 37 38 39 42 46 47 48 49 50 61 63 69 71 77 78 81 82
1M61 3	1	5 7 35 36 37 38 39 42 46 47 48 49 50 61 63 69 71 77 78 81 82 83 84 85 87 88 98 103 104 109
1M61 4	1	7 8 10 11 12 14 15 20 34 35 36 37 38 39 42 46 47 48 49 50 61 63 69 71 77 78 81 82 83 84
1M61 5	1	8 10 11 12 14 15 20 34 35 36 37 38 39 42 46 47 48 49 50 61 63 69 71 77 78 81 82 83 84 85
1O4C 1	1	1 2 3 4 5 6 7 8 9 11 17 31 32 33 34 35 43 45 63 65 71 81 82 83 90 91 92 93 96
1O4C 2	1	1 3 4 5 7 8 9 11 17 31 32 33 34 35 43 45 63 65 71 73 79 80 81 82 83 90 91 92 93 96
1O4C 3	1	1 3 4 5 6 7 8 9 11 17 31 32 33 34 35 43 45 63 65 71 73 79 80 81 82 83 90 91 92 93 96
1O4C 4	1	1 3 4 5 7 8 9 11 17 31 32 33 34 35 43 45 63 65 71 73 79 80 81 82 83 84 91 92 93 96
1O4C 5	1	1 3 4 5 6 7 8 9 11 17 31 32 33 34 35 43 45 63 65 71 73 79 80 81 82 83 84 92 93 96
1R6J 1	1	193 194 195 197 198 199 217 218 219 220 221 222 223 224 225 226 227 228 229 233 235 236 237 239 247 268 269 270 272 273
1R6J 2	1	193 194 195 197 198 199 217 220 221 222 223 224 225 226 227 228 229 233 235 236 237 239 240 247 268 269 270 272 273
1R6J 3	1	193 194 195 197 198 199 208 217 220 221 222 223 224 225 226 227 228 229 230 233 235 236 237 239 247 268 269 270 272 273
1R6J 4	1	193 194 195 197 198 199 217 220 221 222 223 224 225 226 227 228 229 233 235 236 237 239 240 247 249 268 269 270 272 273
1R6J 5	1	194 195 197 198 199 217 220 221 222 223 224 225 226 227 228 229 233 235 236 237 239 240 247 249 268 269 270 272 273
2BYG 1	1	186 187 188 189 190 191 192 215 216 219 221 223 240 244 246 250 251 252 253 254 255 256 257 259 260 278 280 281 282
2BYG 2	1	186 187 188 189 190 191 192 198 215 216 219 221 223 240 244 246 251 252 253 254 255 256 257 259 260 278 278 280 281 282
2BYG 3	1	186 187 188 189 190 190 191 192 215 216 219 221 223 240 244 246 251 252 253 254 255 256 257 259 260 278 246 280 281 282
2BYG 4	1	186 187 188 189 190 191 192 215 216 219 221 223 240 244 245 246 251 252 253 254 255 256 257 259 260 278 278 281 282
2BYG 5	1	186 187 188 189 190 191 192 215 216 219 221 223 240 244 251 252 253 254 255 256 257 259 260 278 246 278 280 281 282

Table 23 – Les tests avec trente positions actives

Bibliographie

Kofke, D. A. Titre. *J. Chem. Phys.*, 117:6911, 2002.
cité pages 3 et 17

Kofke, D. A. Titre. *J. Chem. Phys.*, 120:10852, 2004a.
cité pages 3 et 17

Name3a, A., Name3b, B., and Name3c, C. Title3. *Journal3*, 30:300–310, 2000.
cité page 3

Kofke, D. A. Titre. *J. Chem. Phys.*, 121:1167, 2004b.
cité page 17

Traoré, S., Allouche, D., André, I., De Givry, S., Katsirelos, G., Schiex, T., and Barbe, S. A new framework for computational protein design through cost function network optimization. *Bioinformatics*, 27 (19):2129–2136, 2013.
cité page 18

Allouche, D., André, I., Barbe, S., Davies, J. ., De Givry, S., Katsirelos, G., O’Sullivan, B., Prestwich, S., Schiex, T., and Traoré, S. Computational protein design as an optimization problem. *Artificial Intelligence*, 212:59–79, 2014.
cité page 18

Gough, J., Karplus, K., Hughey, R., and Chothia, C. Assignment of homology to genome sequences using a library of hidden markov models that represent all proteins of known structure. *J Mol Biol.*, 313 (4):903–19, 2001.
cité page 19

Hughey, R. and Krogh, A. Hidden markov models for sequence analysis: Extension and analysis of the basic method. *CABIOS*, 12 (2):95–107, 1996.
cité page 19

Eddy, S. Profile hidden markov models. *Bioinformatics*, 14 (9):755–63, 1998.
cité page 19

Finn, R., Bateman, A., Clements, J., Coggill, P., Eberhardt, R., Eddy, S., Heger, A., Hetherington, K., Holm, L., Mistry, J., Sonnhammer, E., Tate, J., and Punta, M. The pfam protein families database. *Nucleic Acids Research*, Issue 42:D222–D230, 2014.
cité page 19

Bibliographie

Henikoff, S. and Henikoff, J. Amino acid substitution matrices from protein blocks. *PNAS*, 89:10915–10919, 1992.

cité page 20

Altschul, S., Gish, W., Miller, W., Myers, E., and Lipman, D. Basic local alignment search tool. *J Mol Biol* 215, 215:403–10, 1990.

cité page 20

Launay, G., Mendez, R., Wodak, S., and Simonson, T. Recognizing proteinprotein interfaces with empirical potentials and reduced amino acid alphabets. *BMC Bioinformatics*, 8:270–291, 2007.

cité page 24

Résum

Titre de la thèse

XXX

Mots-clés : motclé1, motclé2, motclé3

Abstract

Thesis title

XXX

Keywords: keyword1, keyword2, keyword3