Algorithmique de l'échafaudage

Annie Chateau

Le séquençage produit des séquences courtes, les reads, qu'il faut assembler pour reconstituer la séquence génomique.

L'assemblage est un problème difficile, que l'on peut modéliser par le problème Shortest Superstring.

Problème : SSP est NP-complet

Stratégies pour l'assemblage :

- Stratégie gloutonne
- Algorithme OLC (Overlap-Layout-Consensus)
- Approche graphes de De Bruijn

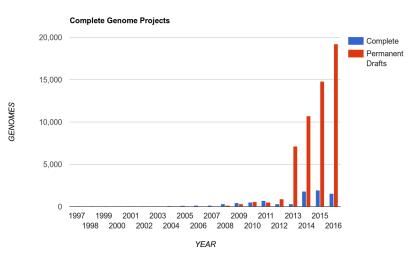
Résultats : des ensembles de contigs de tailles variables, déconnectés les uns des autres

On n'a pas encore la séquence complète...

 \Rightarrow Besoin d'une étape supplémentaire pour produire des séquences de longueur comparables aux chromosomes.

Motivations

- ▶ Pouvoir observer des phénomènes à l'échelle du génome
- Améliorer la qualité des génomes de référence
- ▶ Beaucoup de génomes sont à l'état de "brouillons" dans les bases de données



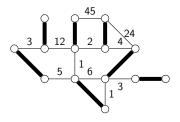
Pour pouvoir déterminer l'ordre et l'orientation relative des contigs, on doit pouvoir disposer de :

- Informations entre les contigs
 - données d'appariement
 - données phylogénétiques
 - données de long reads
 - **.** . . .
- Un poids relatif à ces informations
 - le nombre de reads pairés
 - une mesure probabiliste
 - ▶ la profondeur de couverture

On modélise les données sous forme d'un graphe G = (V, E):

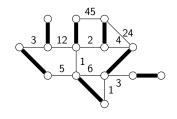
- Sommets : extrémités des contigs
- ► Arêtes :
 - entre deux extrémités d'un même contig (arêtes de contigs)
 - entre extrémités de contigs différents (arêtes inter-contigs)

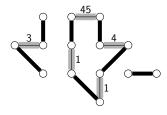
Information de poids : $w : E \to \mathbb{R}$.



Graphe non orienté à 2n sommets, muni d'un couplage parfait (les arêtes de contig)

On travaille avec des paramètres structurels sur la solution : σ_p chemins (chromosomes linéaires) et σ_c cycles (chromosomes circulaires)





$$\sigma_p = 2$$
 et $\sigma_c = 2$

	QUESTION		
Entrée	Décision	Optim.	

Problème

	QUESTION		
Entrée	Décision	Optim.	
$G=(V,E), w: E o \mathbb{N}, M^*$ couplage parfait, σ_p , σ_c , $k \in \mathbb{N}$			

Problème

	QUESTION		Problème
Entrée	Décision	Optim.	
$G=(V,E), w: E o \mathbb{N}, M^*$ couplage parfait, σ_p , σ_c , $k\in\mathbb{N}$	Existe-t'il une collection S de σ_p chemins et σ_c cycles alternés couvrant G		SSCA (STRICT SCAFFOLDING)

	QUESTION		Problème
Entrée	Décision	Optim.	
$G=(V,E), w: E o \mathbb{N}, M^*$ couplage parfait, σ_p , σ_c , $k \in \mathbb{N}$	Existe-t'il une collection S de σ_p chemins et σ_c cycles alternés couvrant G	telle que $w(S) \ge k$ (resp. $w(S) \le k$)	MAX-SSCA (resp. MIN- SSCA)

	QUESTION		
Entrée	Décision	Optim.	
$G=(V,E), w: E o \mathbb{N}, M^*$ couplage parfait, σ_p , σ_c , $k\in\mathbb{N}$	Existe-t'il une collection S de σ_p chemins et σ_c cycles alternés couvrant G	telle que $w(S) \ge k$ (resp. $w(S) \le k$)	
$G = (V, E), w : E \rightarrow \mathbb{N}, M^*$ couplage parfait, $\sigma_p, \sigma_c, k \in \mathbb{N},$ $m : E \rightarrow \mathbb{N}$			

Problème

	QUESTION		Problème
Entrée	Décision	Optim.	
$G=(V,E), w:$ $E o\mathbb{N}, M^*$ couplage parfait, σ_p , $\sigma_c, k\in\mathbb{N}$	Existe-t'il une collection S de σ_p chemins et σ_c cycles alternés couvrant G	telle que $w(S) \ge k$ (resp. $w(S) \le k$)	
$G=(V,E), w: E \rightarrow \mathbb{N}, M^*$ couplage parfait, $\sigma_p, \sigma_c, k \in \mathbb{N}, m: E \rightarrow \mathbb{N}$	Existe-t'il une collection S de σ_p marches ouvertes et σ_c marches fermées alternées couvrant G		MSSCA (MULTI STRICT SCAF- FOLDING)

	QUESTION		Problème
Entrée	Décision	Optim.	
$G=(V,E), w: E o \mathbb{N}, M^*$ couplage parfait, σ_p , $\sigma_c, k\in \mathbb{N}$	Existe-t'il une collection S de σ_p chemins et σ_c cycles alternés couvrant G	telle que $w(S) \ge k$ (resp. $w(S) \le k$)	
$G=(V,E), w:E o \mathbb{N}, M^*$ couplage parfait, $\sigma_p,\sigma_c,k\in\mathbb{N}, m:E o \mathbb{N}$	Existe-t'il une collection S de σ_p marches ouvertes et σ_c marches fermées alternées couvrant G	telle que $w(S) \ge k$ (resp. $w(S) \le k$)	MAX-MSSCA (resp. MIN- MSSCA)

	QUESTION		Problème
Entrée	Décision	Optim.	
$G=(V,E), w: E o \mathbb{N}, M^*$ couplage parfait, σ_p , σ_c , $k \in \mathbb{N}$	Existe-t'il une collection S de $\leq \sigma_p$ chemins et $\leq \sigma_c$ cycles alternés couvrant G	telle que $w(S) \ge k$ (resp. $w(S) \le k$)	SCA (SCAFFOLDING) MAX-SCA (resp. MIN-SCA)
$G = (V, E), w: E \rightarrow \mathbb{N}, M^*$ couplage parfait, $\sigma_p, \sigma_c, k \in \mathbb{N}, m: E \rightarrow \mathbb{N}$	Existe-t'il une collection S de $\leq \sigma_p$ marches ouvertes et $\leq \sigma_c$ marches fermées alternées	telle que $w(S) \ge k$ (resp. $w(S) \le k$)	MSCA (MULTI SCAFFOLDING) MAX-MSCA (resp. MIN- MSCA)

Et maintenant?

Une fois le problème formalisé, on va chercher à le classifier. . .

À votre avis?

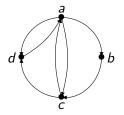
Et maintenant?

Une fois le problème formalisé, on va chercher à le classifier. . .

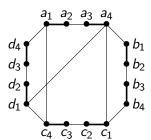
À votre avis?

Ils sont tous NP-complets dans le cas général!

Idée de la preuve : réduction depuis le TSP orienté



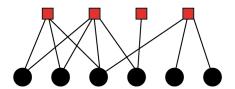




Que faire?

Première idée : Chercher des classes de graphes particulières où le problème pourrait devenir polynomial.

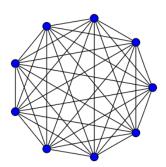
Exemple : le problème du Vertex Cover est NP-complet dans les graphes généraux, il devient polynomial dans les graphes bipartis



Première idée : Chercher des classes de graphes particulières où le problème pourrait devenir polynomial.

Deuxième exemple : le problème du chemin hamiltonien est

NP-complet dans les graphes généraux, il devient polynomial dans les graphes *complets*



Les cas polynomiaux sont trop éloignés des graphes réels

Les cas polynomiaux sont trop éloignés des graphes réels

Stratégies:

 Algorithmes polynomiaux, mais en essayant de contrôler l'écart à l'optimal

Les cas polynomiaux sont trop éloignés des graphes réels

Stratégies:

- Algorithmes polynomiaux, mais en essayant de contrôler l'écart à l'optimal
- Algorithmes exacts mais FPT

Les cas polynomiaux sont trop éloignés des graphes réels

Stratégies:

- Algorithmes polynomiaux, mais en essayant de contrôler l'écart à l'optimal
- ► Algorithmes exacts mais FPT
- Méthodes exactes avec résolution générale : CSP, PLNE

Conclusion

- ▶ Un problème NP-complet n'est pas forcément désespérant
- Les heuristiques peuvent donner de bons résultats en pratique
- Les méthodes exactes ne sont pas forcément à jeter aux orties
- ▶ Un problème NP-complet peut en cacher un autre!

Finition

Il reste toujours des trous, des incohérences, des ambiguïtés à lever.

On réalise des expériences supplémentaires en laboratoire, on nettoie "à la main", afin de valider la correction de l'assemblage final.

C'est une opération très coûteuse, qui peut prendre des mois...

 \Rightarrow le temps et l'effort ne sont justifiés que pour les génomes "à haute priorité"

...les autres restent à l'état de brouillons (draft genomes)

Finition

