

3. Détermination de l'ensemble des 240 tétranucléotides $S_{240} = S_{256} \setminus S_{16}$ pour satisfaire le Lemme 2. Un tétranucléotide de S_{240} comporte ses trois tétranucléotides permuts. Ainsi, la longueur maximale d'un code circulaire de tétranucléotides de $l = 240/4 = 60$ associé à S_{60} . *à 61 plus de code circulaire*

4. Détermination de l'ensemble des 12 tétranucléotides autocomplémentaires: $S_{12} = \{AATT, ACGT, AGCT, CATG, CCGG, CTAG, GATC, GGCC, GTAC, TCGA, TGCA, TTAA\}$. Un tétranucléotide de S_{12} comporte un de ses trois tétranucléotides permuts.

5. Soit $S_{228} = S_{240} \setminus S_{12} = S_{114} \cup \mathcal{C}(S_{114})$. Détermination de l'ensemble des 126 tétranucléotides tel que $S_{126} = S_{114} \cup S_{12}$.

6. L'ensemble S_{126} contient toutes les informations pour rechercher les codes circulaires de tétranucléotides autocomplémentaires. Il suffit de prendre tous les sous-ensembles possibles uniquement dans l'ordre lexicographique selon une disposition non ordonnée, d'ajouter à chaque sous-ensemble son sous-ensemble complémentaire et de tester si le graphe associé selon Definition 1 a un cycle ou non. Si le graphe a un cycle alors le code de tétranucléotides autocomplémentaires n'est pas circulaire sinon il est circulaire d'après le Théorème 1. On peut restreindre la recherche combinatoire $2^{126} \approx 10^{38}$ de tous les sous-ensembles dans S_{126} de deux façons:

- Sachant que la longueur maximale d'un code circulaire de tétranucléotides est $l = 60$, la recherche combinatoire est ainsi ramené au nombre de combinaisons sans répétition de 60 tétranucléotides parmi 126, soit $\binom{126}{60} \approx 10^{37}$. L'amélioration est très insuffisante. Les 60 tétranucléotides dans S_{60} doivent être autocomplémentaires. Au plus 6 tétranucléotides de S_{12} sont parmi ces 60 tétranucléotides autocomplémentaires. Si les 6 tétranucléotides de S_{12} sont absents dans S_{60} alors au plus $60/2 = 30$ trinucléotides sont à analyser dans S_{126} . Si les 6 tétranucléotides de S_{12} présents dans S_{60} alors au plus $(60 - 6)/2 + 6 = 33$ trinucléotides sont à analyser dans S_{126} . La combinatoire se réduit finalement au nombre de combinaisons sans répétition de 33 tétranucléotides parmi 126, soit $\binom{126}{33} \approx 10^{30}$.

- D'après le Lemme 3, dès qu'un code n'est pas circulaire alors tout code le contenant n'est pas circulaire.

4. PROGRAMMATION DE L'ALGORITHME EN JAVA

La difficulté de ce projet réside dans la combinatoire explosive. Il faudra utiliser les threads et/ou dispatcher.