Exercice 1 :

* Question 1 (partie 1)

Soit ,, on a alors

On veut montrer qu’on peut construire un autre alignement de même distance et de longueur.

On a

Or

On a donc

On note qui est le nouvel alignement formé de l’ancien alignement privé du couple de longueur et de distance.

* Question 1 (partie 2)

Supposons que la longueur est maximum, dans ce cas-là, on a deux séquences a et b tel que pour chaque nucléotide de a et b, on insère pour son complément un élément nul.

D’après la question précédente, en enlevant tous les couples , la longueur maximum de l’alignement est, on en déduit que la distance est aussi maximum noté car l’alignement est sous la forme suivante :

Donc si on construit un nouvel alignement de distance minimum qui est inférieur ou égal à alors la longueur maximum de cet alignement de distance minimum est donc inferieur ou égal à.

* Question 2

1) On veut montrer que si et alors le couple est un alignement optimal de a avec la sous-séquence.

Raisonnons par l’absurde :

Soit le couple un alignement de longueur de séquences et de distance minimum avec et

Supposons que, et que le couple de distance *d* n’est pas un alignement optimal de a avec la sous-séquence .

Puisque l’alignement est constitué de et que, alors

Si le couple n’est pas un alignement optimal alors on peut construire en faisant des opérations d’insertions, de suppressions et de substitutions sur l’élément nul afin d’obtenir un nouvel alignement qui est optimal de distance *d’*.

On vient donc de construire un nouvel alignement avec les mêmes séquences a et b de distance noté qui est égale à avec donc on a or est par hypothèse de départ la distance minimum pour les séquences a et b donc on a une contradiction.

Donc le couple est bien un alignement optimal de a avec la sous-séquence si,.

2) Les propriétés similaires sont :

Si et alors le couple est un alignement optimal de b avec la sous-séquence.

Si et alors le couple est un alignement optimal de la sous-séquence avec la sous-séquence.

* Question 3

Soit la distance minimum de l’alignement des séquences et la séquence vide et la longueur de l’alignement.

Montrons que : pour tout

D’après la question 1, on a que la longueur maximum or la séquence a possède exactement éléments donc l’alignement formé est de longueur.

On en déduit donc que la longueur.

Donc , l’alignement est donc de la forme :

avec et .

Donc on a et , d’après la question 2 le couple est un alignement optimal de b avec la sous-séquence.

On a donc

et

Donc on a bien pour tout

Montrons que : pour tout

Même raisonnement que pour pour tout

On a donc

et

Donc on a bien pour tout

* Question 4

On veut montrer que

Soit le couple un alignement de longueur des séquences et de distance minimum noté avec pour tout couple la séquence et la séquence

On différencie 3 cas :

1er cas :

, alors d’après la question 2) on a un alignement optimal de la séquence avec la sous-séquence donc d’après la question 3)

2eme cas :

, alors d’après la question 2) on a un alignement optimal de la séquence avec la sous-séquence donc d’après la question 3)

3eme cas :

, alors d’après la question 2) on a un alignement optimal de la sous-séquence avec la sous-séquence donc d’après la question 3)

étant la distance minimum, on prend donc le minimum de ces 3 cas c’est-à-dire :

* Question 6

avec et la longueur de la séquence et respectivement, se termine et retourne la distance minimum de l’alignement formé par ces deux séquences.

Par récurrence forte :

Base : Pour

La fonction se termine et retourne bien la distance minimum.

Pour ,

La fonction se termine et retourne bien la distance minimum.

Pour k=0,

La fonction se termine et retourne bien la distance minimum.

Donc P(0) est vérifiée.

Induction : Soit k>0. Supposons que est vérifiée.

On veut montrer pour P(k)

On a 3 cas :

1er cas :

Soit avec et

Nombre d’éléments de a et b = d’après l’hypothèse de récurrence la fonction se termine et retourne bien la distance minimum de l’alignement formé de deux séquences a et b de longueur et.

2eme :

Soit avec et

Nombre d’éléments de a et b = D’après l’hypothèse de récurrence la fonction se termine et retourne la distance minimum de l’alignement formée de deux séquence a et b de longueur et.

3eme:

Soit avec et

Nombre d’éléments de a et b = D’après l’hypothèse de récurrence la fonction se termine et retourne la distance minimum de l’alignement formée de deux séquence a et b de longueur et.

La fonction retourne qui se termine et d’après la question 4) on retourne bien la distance minimum des séquences formées par a et b.

Conclusion : est vérifiée par récurrence forte.

* Question 7

1) On veut montrer que pour n>0 et m>0,

Dans le corps de la fonction, notons le nombre de comparaison dans la fonction qui définit la complexité de cette fonction.

On a 3 appels récursifs :

-avec de longueur et de longueur ,

- avec de longueur et de longueur

-avec de longueur et de longueur .

On note la complexité pour deux séquences de taille respective n et m, alors on a

Donc

Pour ,

2) On veut montrer que pour n>0

On a

D’après la question précédente :

Or

Donc

Montrer que est bornée inférieurement par une fonction exponentielle, cela revient à résoudre une équation différentielle.

(1)

(2)

On remplace cette fonction (2) dans (1) et on a :

on a alors

En intégrant C’(n), on a :

Donc en remplaçant C(n) dans (2), on a :

Or

est bornée inférieurement par.

* Question 9

Dans la fonction DistanceMinIter(a ,b), pour calculer on utilise un tableau de dimension 2 qui est de taille . Pour parcourir chaque case du tableau, on doit faire calculs , donc la complexité de la fonction est de