On génère N'hetures à poitre d'une distribution de lougueurs fil accaroirement La taille du génome est G On cherche à calculer la valeur moyenne du nombre de coutigs Zi = 1 pour toutes les lettures labellitées D ci-doous_ La l'ecture i est le fraquent le plus à droite du coutig s'il n'y a au cure le ceture parmis les N-1 antres qui commence dans la lecture i 5: 2- apelle X, la position de défait de la lecture 1 ou a: (K(X)= 2) = 1 Hx (les lectures sour genérales de façon uniforme sur génous P(X) se trouve dans lecture i) = Li de nombre de la cittres dont le pour de départ se trouve dans la le ture i est donné par la bionomiale B(N-1, Li) donc $R(Zi=1) = (N-1)(Li)^{O}(1-Li)^{N-1} \sim e^{-NLi}$ La moyenne du nombre de contigs: E(ZZi) = Z E(Zi) Si E(Z:) est ude pendout de i, on a NE(Zi) mas $E(Z_i) = 1 R(Z_i=1) + 0 R(Z_i=0) = R(Z_i=1) = e^{-NL_i}$ Je ne comprends pas pourquoi la valen majone de Zi défendé i Je m'attends à trouver Ne G qui estrue generalisation du cas on toutes les lectures out une largueur to identique. (E(L) est rewfacé par L)

 $E(Z:) = \sum_{k=1}^{\infty} e^{-\frac{Nk}{G}} f(h)$ En décomposant e à au voisinage du pont - N E (L) P G = C + C (-NL + N F(L))

+ C G (-NL + N F(L))

+ C G G (-NL + N F(L))

2 $= e^{-NE(L)} \left[1 + \frac{N}{G} \left(\frac{E(L) - k}{2}\right) + \frac{1}{2} \frac{N^2}{G^2} \left(k - E(L)\right)^2 + \dots \right]$ Donc quand on intègre sur la destribution à longueur E(Z:) = e G [1+1N] [(L)] An finel a noutre moyen de courig et donné par NE(Zi) ~ Ne G- [1+1 N2 V(L)] donc à l'orde 2 ou a un terme correctef qui défend de la vaniance sion remplace L pa E(L) dans la forme ste doutes qu'on obtent quais toutes les Conqueurs de lectures out identiques Don, je n'ai pas veu fie quel était l'ordre de quandon du reste quand on monque à l'ordre 2 la seine de Taylor