

## Sujet: Conception d'un programme de *threading* par double programmation dynamique

Objectif: Réaliser un programme reprenant la méthode décrite dans l'article 3 basé sur la double programmation dynamique (pour plus d'information 4). Le *threading* (enfilage) [1,2,3] est une stratégie pour rechercher des séquences compatibles avec une structure. Seul les carbones  $\alpha$  de la protéine seront considérés. Vous utiliserez les potentiels statistiques DOPE [5].

Contact : Jean-Christophe Gelly ([jean-christophe.gelly@univ-paris-diderot.fr](mailto:jean-christophe.gelly@univ-paris-diderot.fr))

1- Jones, D.T., Taylor, W.R. & Thornton, J.M. (1992) A new approach to protein fold recognition. *Nature*. 358, 86-89.

2- Jones, D.T., Miller, R.T. & Thornton, J.M. (1995) Successful protein fold recognition by optimal sequence threading validated by rigorous blind testing. *Proteins*. 23, 387-397.

3- Jones, D.T. (1998) THREADER : Protein Sequence Threading by Double Dynamic Programming. (in) *Computational Methods in Molecular Biology*. Steven Salzberg, David Searls, and Simon Kasif, Eds. Elsevier Science. Chapter 13.

4- [Protein Structure Comparison Using SAP - Springer](#)

5- <http://www.dsmb.inserm.fr/~gelly/doc/dope.par>