Stage de Master IGIS ITA

Bioinformatique, découverte de motifs entre des ensembles de fragments d'ADN

Gabriel Toublanc

3 juillet 2017

Université de Rouen, U.F.R des Sciences et Techniques de Saint-Étienne-du-Rouvray, LITIS EquipeTIBS

Encadrants : Thierry Lecroq et Arnaud Lefebvre

Table des matières

Table des matières

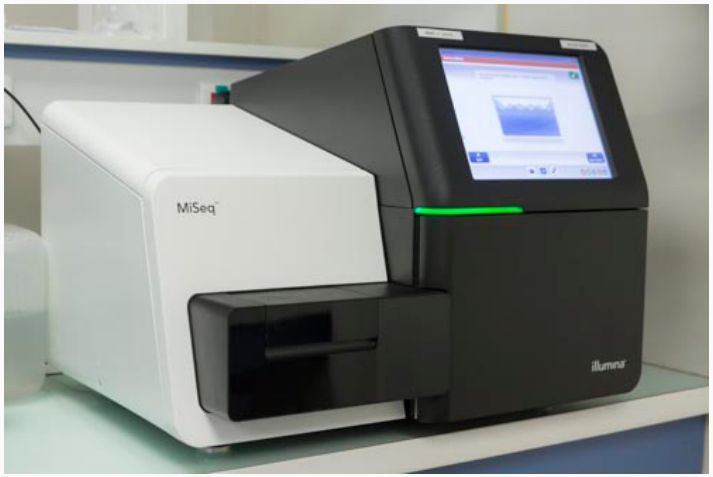
Table des matières

Table des matières

Table des matières

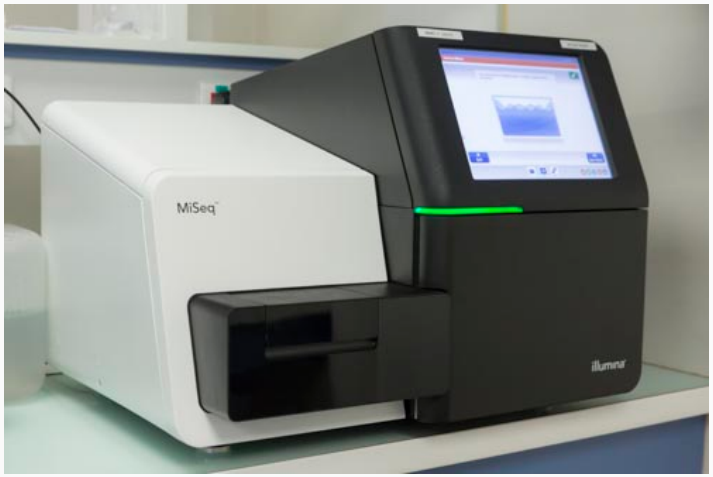
Introduction

Le séquençage ADN



- Lectures courtes (depuis 2005, 20 à 300 nucléotides, Illumina, Roche, ...)

Le séquençage ADN



- Lectures courtes (depuis 2005, 20 à 300 nucléotides, Illumina, Roche, ...)
- Lectures longues (depuis 2010, 3k à 20k nucléotides, Oxford Nanopore, Pacific Biosciences)

Alignement et assemblage

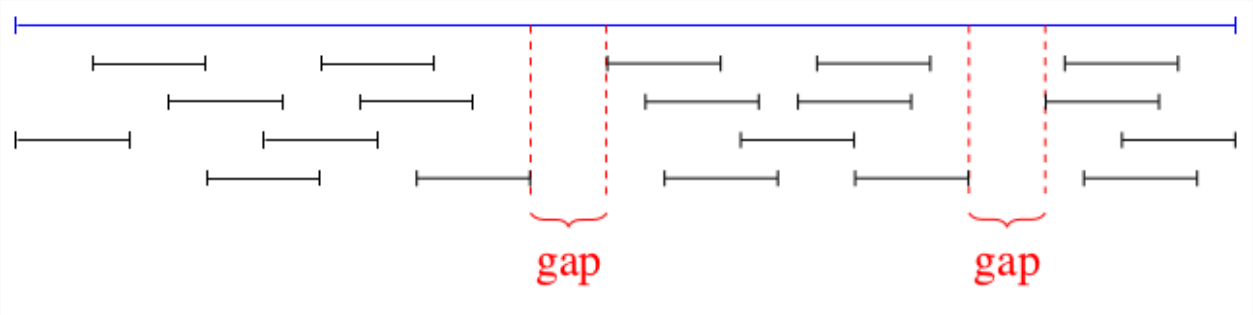


Figure 1 – Alignement sur les lectures courtes

Alignement et assemblage

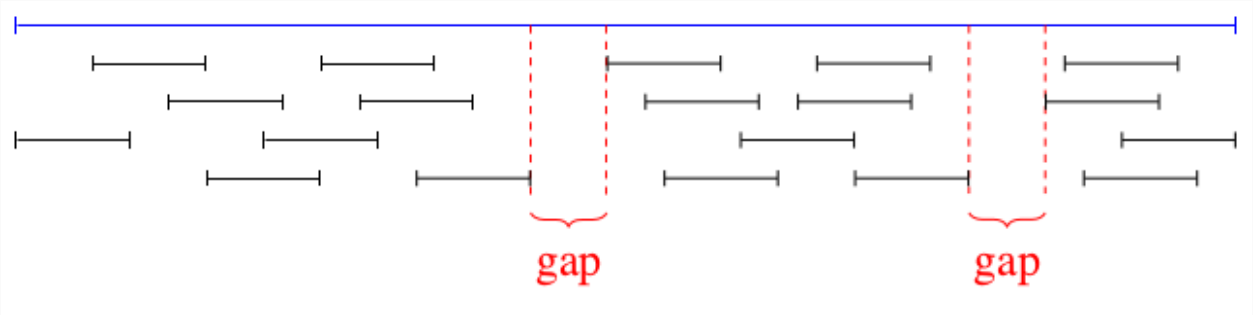


Figure 1 – Alignement sur les lectures courtes

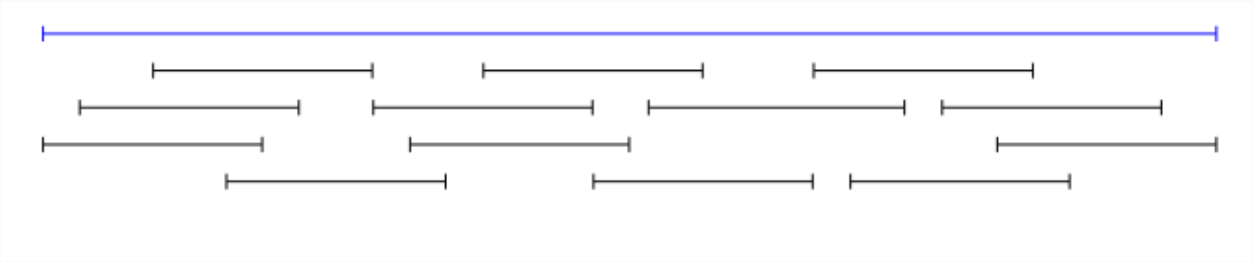


Figure 2 – Alignement sur les lectures longues

Alignement et assemblage

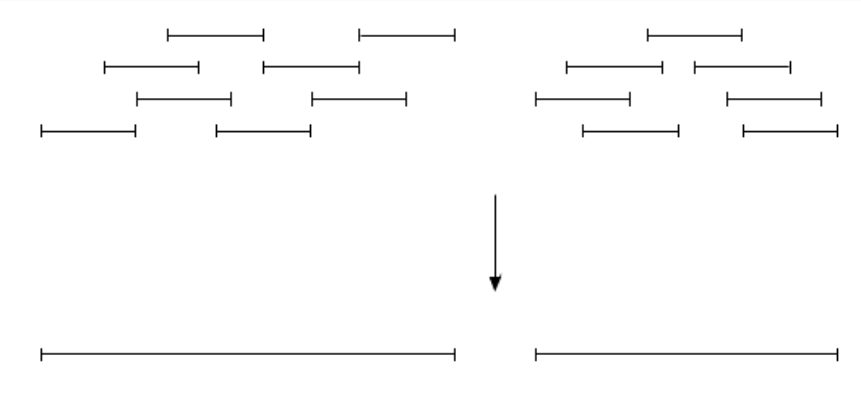


Figure 3 – Assemblage sur les lectures courtes

Alignement et assemblage

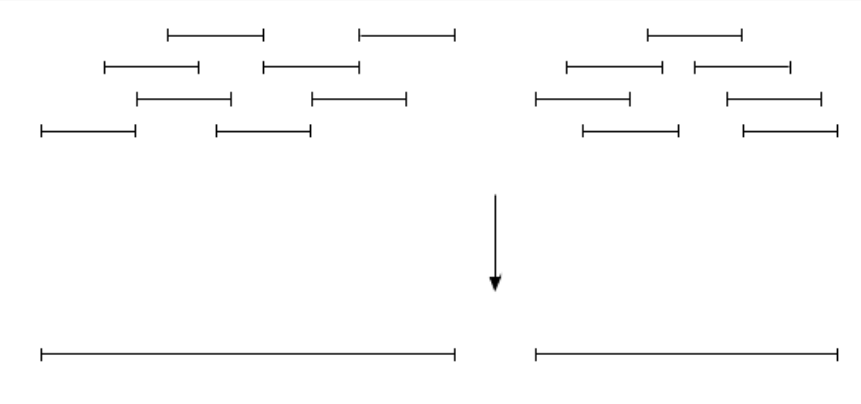


Figure 3 – Assemblage sur les lectures courtes

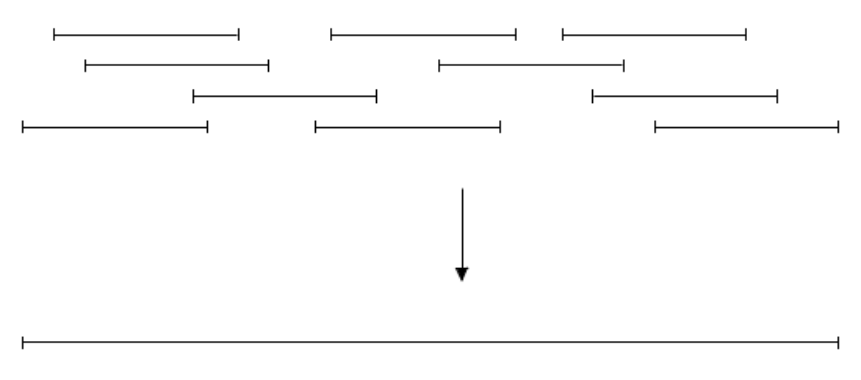


Figure 4 – Assemblage sur les lectures longues

Corrections des lectures longues

Lectures courtes : problème de couverture du génome

Lectures longues : problème de taux d'erreur de lecture

- Oxford Nanopore : 30% d'erreurs
- Pacific BioSciences : 15% d'erreurs

Une solution : corriger les lectures longues avec les lectures courtes ($< 1\%$ d'erreur, voir **HG-CoLoR**[1]).

Notre solution : tenter de corriger les lectures longues directement.

1. Pierre Morisse, Thierry Lecroq and Arnaud Lefebvre[1]

Corrections des lectures longues

Lectures courtes : problème de couverture du génome

Lectures longues : problème de taux d'erreur de lecture

- Oxford Nanopore : 30% d'erreurs
- Pacific BioSciences : 15% d'erreurs

Une solution : corriger les lectures longues avec les lectures courtes ($< 1\%$ d'erreur, voir **HG-CoLoR**[1]).

Notre solution : tenter de corriger les lectures longues directement.

1. Pierre Morisse, Thierry Lecroq and Arnaud Lefebvre[1]

Corrections des lectures longues

Lectures courtes : problème de couverture du génome

Lectures longues : problème de taux d'erreur de lecture

- Oxford Nanopore : 30% d'erreurs
- Pacific BioSciences : 15% d'erreurs

Une solution : corriger les lectures longues avec les lectures courtes ($< 1\%$ d'erreur, voir **HG-CoLoR**[1]).

Notre solution : tenter de corriger les lectures longues directement.

1. Pierre Morisse, Thierry Lecroq and Arnaud Lefebvre[1]

Corrections des lectures longues

Lectures courtes : problème de couverture du génome

Lectures longues : problème de taux d'erreur de lecture

- Oxford Nanopore : 30% d'erreurs
- Pacific BioSciences : 15% d'erreurs

Une solution : corriger les lectures longues avec les lectures courtes ($< 1\%$ d'erreur, voir **HG-CoLoR**[1]).

Notre solution : tenter de corriger les lectures longues directement.

1. Pierre Morisse, Thierry Lecroq and Arnaud Lefebvre[1]

Corrections des lectures longues

Lectures courtes : problème de couverture du génome

Lectures longues : problème de taux d'erreur de lecture

- Oxford Nanopore : 30% d'erreurs
- Pacific BioSciences : 15% d'erreurs

Une solution : corriger les lectures longues avec les lectures courtes ($< 1\%$ d'erreur, voir **HG-CoLoR**[1]).

Notre solution : tenter de corriger les lectures longues directement.

1. Pierre Morisse, Thierry Lecroq and Arnaud Lefebvre[1]

Corrections des lectures longues

Lectures courtes : problème de couverture du génome

Lectures longues : problème de taux d'erreur de lecture

- Oxford Nanopore : 30% d'erreurs
- Pacific BioSciences : 15% d'erreurs

Une solution : corriger les lectures longues avec les lectures courtes ($< 1\%$ d'erreur, voir **HG-CoLoR** [1]).

Notre solution : tenter de corriger les lectures longues directement.

1. Pierre Morisse, Thierry Lecroq and Arnaud Lefebvre[1]

Corrections des lectures longues

Lectures courtes : problème de couverture du génome

Lectures longues : problème de taux d'erreur de lecture

- Oxford Nanopore : 30% d'erreurs
- Pacific BioSciences : 15% d'erreurs

Une solution : corriger les lectures longues avec les lectures courtes ($< 1\%$ d'erreur, voir **HG-CoLoR** [1]).

Notre solution : tenter de corriger les lectures longues directement.

1. Pierre Morisse, Thierry Lecroq and Arnaud Lefebvre[1]

K-mers et k-mers espacés

Extraction des k-mers

Les k-mers sont des facteurs de longueur k de séquences d'ADN. Pour une séquence de longueur L, nous avons donc $(\mathbf{L} - \mathbf{k} + \mathbf{1})$ k-mers possibles

Ex : Avec la séquence $s = AACCGGTT$ de longueur L, on obtient les k-mers de longueur 6 (6-mers) suivants :

$\mathbf{k_1}$: $A\ A\ C\ C\ G\ G\ T\ T$

$\mathbf{k_2}$: $A\ A\ C\ C\ G\ G\ T\ T$

$\mathbf{k_3}$: $A\ A\ C\ C\ G\ G\ T\ T$

Extraction des k-mers

Les k-mers sont des facteurs de longueur k de séquences d'ADN. Pour une séquence de longueur L, nous avons donc $(\mathbf{L} - \mathbf{k} + \mathbf{1})$ k-mers possibles

Ex : Avec la séquence $s = AACCGGTT$ de longueur L, on obtient les k-mers de longueur 6 (6-mers) suivants :

Extraction des k-mers

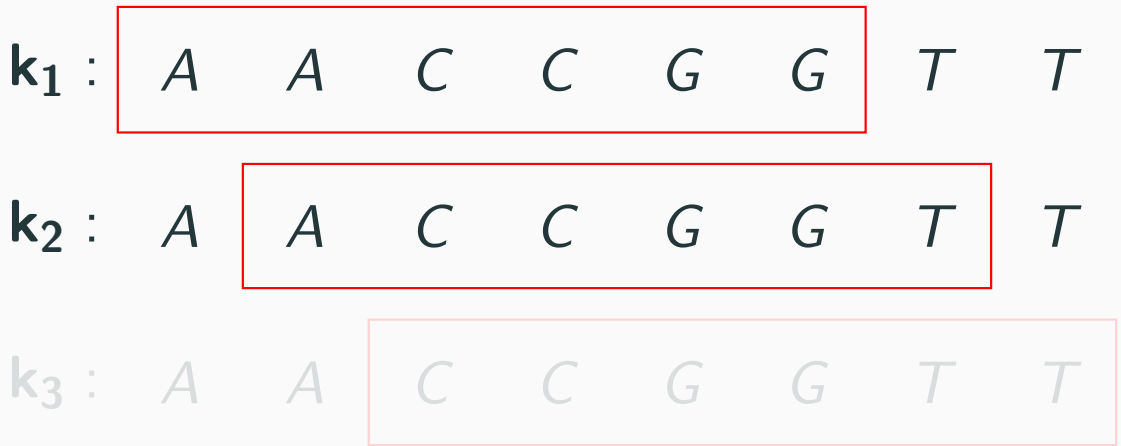
Les k-mers sont des facteurs de longueur k de séquences d'ADN. Pour une séquence de longueur L, nous avons donc $(\mathbf{L - k + 1})$ k-mers possibles

Ex : Avec la séquence $s = AACCGGTT$ de longueur L, on obtient les k-mers de longueur 6 (6-mers) suivants :

Extraction des k-mers

Les k-mers sont des facteurs de longueur k de séquences d'ADN. Pour une séquence de longueur L, nous avons donc $(\mathbf{L} - \mathbf{k} + \mathbf{1})$ k-mers possibles

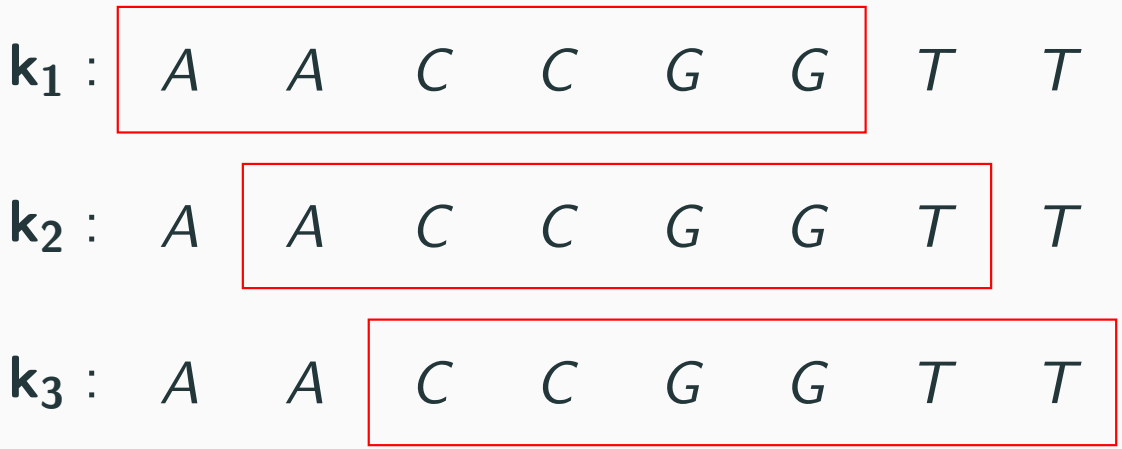
Ex : Avec la séquence $s = AACCGGTT$ de longueur L, on obtient les k-mers de longueur 6 (6-mers) suivants :



Extraction des k-mers

Les k-mers sont des facteurs de longueur k de séquences d'ADN. Pour une séquence de longueur L, nous avons donc $(\mathbf{L - k + 1})$ k-mers possibles

Ex : Avec la séquence $s = AACCGGTT$ de longueur L, on obtient les k-mers de longueur 6 (6-mers) suivants :



K-mers espacés

Les *k*-mers espacés sont des *k*-mers discontinus.

On utilise un motif *m* composé de zéros et de uns pour les représenter, où chaque zéro correspond à une insertion/délétion.

K-mers espacés

Les *k*-mers espacés sont des *k*-mers discontinus.

On utilise un motif *m* composé de zéros et de uns pour les représenter, où chaque zéro correspond à une insertion/délétion.

K-mers espacés à délétion

Utilisé afin de simuler des corrections aux erreurs d'insertions sur les lectures longues.

Ex : Avec la séquence $s = AACCGGTT$ et le motif $m = 111011$, on obtient les 5-mers espacés suivants :

K-mers espacés à délétion

Utilisé afin de simuler des corrections aux erreurs d'insertions sur les lectures longues.

Ex : Avec la séquence $s = AACCGGTT$ et le motif $m = 111011$, on obtient les 5-mers espacés suivants :

K-mers espacés à délétion

Utilisé afin de simuler des corrections aux erreurs d'insertions sur les lectures longues.

Ex : Avec la séquence $s = AACCGGTT$ et le motif $m = 111011$, on obtient les 5-mers espacés suivants :

K-mers espacés à délétion

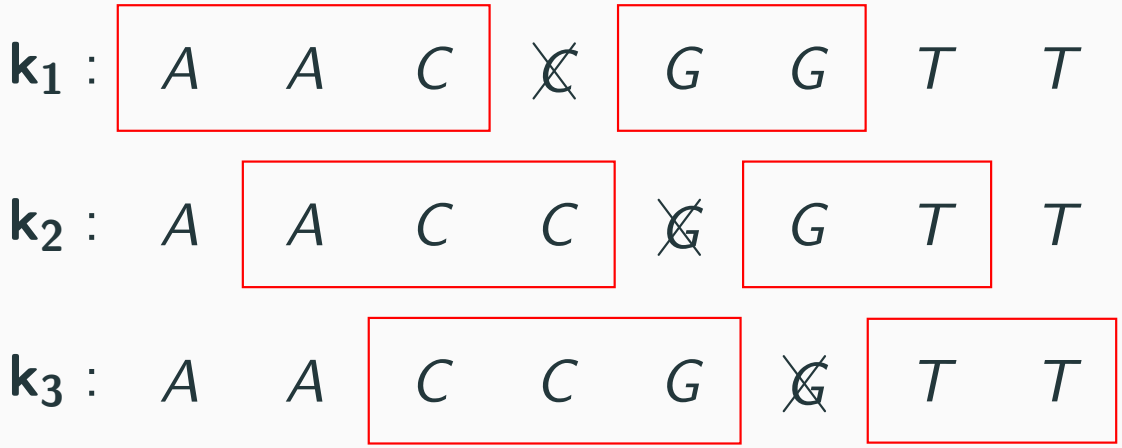
Utilisé afin de simuler des corrections aux erreurs d'insertions sur les lectures longues.

Ex : Avec la séquence $s = AACCGGTT$ et le motif $m = 111011$, on obtient les 5-mers espacés suivants :

K-mers espacés à délétion

Utilisé afin de simuler des corrections aux erreurs d'insertions sur les lectures longues.

Ex : Avec la séquence $s = AACCGGTT$ et le motif $m = 111011$, on obtient les 5-mers espacés suivants :



K-mers espacés à insertion

Utilisé afin de simuler des corrections aux erreurs de délétion sur les lectures longues.

$(\mathbf{L - k + 1}) * \mathbf{4^t}$ k-mers espacés à insertion possibles, avec t =nombre de 0 dans le motif.

Ex : Avec la séquence $\mathbf{s} = \mathbf{AACCGGTT}$ et le motif $\mathbf{m} = \mathbf{111011}$, on obtient les 6-mers espacés suivants :

$\mathbf{k_1}$: $A \quad A \quad C \overbrace{\quad}^{A, C, G, T} C \quad G \quad G \quad T \quad T$

$\mathbf{k_2}$: $A \quad A \quad C \quad C \overbrace{\quad}^{A, C, G, T} G \quad G \quad T \quad T$

$\mathbf{k_3}$: $A \quad A \quad C \quad C \quad G \overbrace{\quad}^{A, C, G, T} G \quad T \quad T$

$\mathbf{k_4}$: $A \quad A \quad C \quad C \quad G \quad G \overbrace{\quad}^{A, C, G, T} T \quad T$

K-mers espacés à insertion

Utilisé afin de simuler des corrections aux erreurs de délétion sur les lectures longues.

$(\mathbf{L} - \mathbf{k} + \mathbf{1}) * \mathbf{4^t}$ k-mers espacés à insertion possibles, avec t =nombre de 0 dans le motif.

Ex : Avec la séquence $\mathbf{s} = \mathbf{AACCGGTT}$ et le motif $\mathbf{m} = \mathbf{111011}$, on obtient les 6-mers espacés suivants :

K-mers espacés à insertion

Utilisé afin de simuler des corrections aux erreurs de délétion sur les lectures longues.

$(\mathbf{L} - \mathbf{k} + \mathbf{1}) * \mathbf{4^t}$ k-mers espacés à insertion possibles, avec t =nombre de 0 dans le motif.

Ex : Avec la séquence $\mathbf{s} = \mathbf{AACCGGTT}$ et le motif $\mathbf{m} = \mathbf{111011}$, on obtient les 6-mers espacés suivants :

K-mers espacés à insertion

Utilisé afin de simuler des corrections aux erreurs de délétion sur les lectures longues.

$(\mathbf{L} - \mathbf{k} + \mathbf{1}) * \mathbf{4^t}$ k-mers espacés à insertion possibles, avec t =nombre de 0 dans le motif.

Ex : Avec la séquence $\mathbf{s} = \mathbf{AACCGGTT}$ et le motif $\mathbf{m} = \mathbf{111011}$, on obtient les 6-mers espacés suivants :

$\mathbf{k_1}$: $A \quad A \quad C \overbrace{\quad}^{A, C, G, T} \quad C \quad G \quad G \quad T \quad T$

$\mathbf{k_2}$: $A \quad A \quad C \quad C \overbrace{\quad}^{A, C, G, T} \quad G \quad G \quad T \quad T$

$\mathbf{k_3}$: $A \quad A \quad C \quad C \quad G \overbrace{\quad}^{A, C, G, T} \quad G \quad T \quad T$

$\mathbf{k_4}$: $A \quad A \quad C \quad C \quad G \quad G \overbrace{\quad}^{A, C, G, T} \quad T \quad T$

K-mers espacés à insertion

Utilisé afin de simuler des corrections aux erreurs de délétion sur les lectures longues.

$(\mathbf{L} - \mathbf{k} + \mathbf{1}) * \mathbf{4^t}$ *k*-mers espacés à insertion possibles, avec t =nombre de 0 dans le motif.

Ex : Avec la séquence $\mathbf{s} = \mathbf{AACCGGTT}$ et le motif $\mathbf{m} = \mathbf{111011}$, on obtient les 6-mers espacés suivants :

$\mathbf{k_1}$: $A\ A\ C\ \overbrace{A, C, G, T}\ C\ G\ G\ T\ T$

$\mathbf{k_2}$: $A\ A\ A\ C\ C\ \overbrace{A, C, G, T}\ G\ G\ T\ T$

$\mathbf{k_3}$: $A\ A\ C\ C\ G\ \overbrace{A, C, G, T}\ G\ T\ T$

$\mathbf{k_4}$: $A\ A\ C\ C\ G\ G\ \overbrace{A, C, G, T}\ T\ T$

K-mers espacés à insertion

Utilisé afin de simuler des corrections aux erreurs de délétion sur les lectures longues.

$(\mathbf{L} - \mathbf{k} + \mathbf{1}) * \mathbf{4^t}$ k-mers espacés à insertion possibles, avec t =nombre de 0 dans le motif.

Ex : Avec la séquence $\mathbf{s} = \mathbf{AACCGGTT}$ et le motif $\mathbf{m} = \mathbf{111011}$, on obtient les 6-mers espacés suivants :

$\mathbf{k_1}$: $A\ A\ C\ \overbrace{A, C, G, T}\ C\ G\ G\ T\ T$

$\mathbf{k_2}$: $A\ A\ A\ C\ C\ \overbrace{A, C, G, T}\ G\ G\ T\ T$

$\mathbf{k_3}$: $A\ A\ C\ C\ G\ \overbrace{A, C, G, T}\ G\ T\ T$

$\mathbf{k_4}$: $A\ A\ C\ C\ G\ G\ \overbrace{A, C, G, T}\ T\ T$

K-mers espacés à insertion

Utilisé afin de simuler des corrections aux erreurs de délétion sur les lectures longues.

$(\mathbf{L} - \mathbf{k} + \mathbf{1}) * \mathbf{4^t}$ k-mers espacés à insertion possibles, avec t =nombre de 0 dans le motif.

Ex : Avec la séquence $\mathbf{s} = \mathbf{AACCGGTT}$ et le motif $\mathbf{m} = \mathbf{111011}$, on obtient les 6-mers espacés suivants :

$\mathbf{k_1}$: $A\ A\ C\ \overbrace{A, C, G, T}\ C\ G\ G\ T\ T$

$\mathbf{k_2}$: $A\ A\ C\ C\ \overbrace{A, C, G, T}\ G\ G\ T\ T$

$\mathbf{k_3}$: $A\ A\ C\ C\ G\ \overbrace{A, C, G, T}\ G\ T\ T$

$\mathbf{k_4}$: $A\ A\ C\ C\ G\ G\ \overbrace{A, C, G, T}\ T\ T$

Implémentations

Implémentation : kmersDel

Jellyfish [2] est la référence pour l'extraction de *k*-mers contigus.

Pour les *k*-mers espacés à délétion, l'outil **GkAmpi** [3] est en cours de développement.

Les programmes kmersDel et kmersExpand, développés en C++11 *multi-thread*, traitent les *k*-mers à délétion et insertion.

Deux versions de kmersDel existent :

- Une renommée kmersCount, favorisant la vitesse en dépit de l'utilisation de la mémoire
- L'autre, kmersDel, est moins efficace mais peut être couplé à **Jellyfish** sur n'importe quelle longueur de *k*-mers

2. Guillaume Marcais and Carl Kingsford[2]
3. Alban Mancheron[3]

Implémentation : kmersDel

Jellyfish [2] est la référence pour l'extraction de k-mers contigus.

Pour les k-mers espacés à délétion, l'outil **GkAmpi** [3] est en cours de développement.

Les programmes kmersDel et kmersExpand, développés en C++11 *multi-thread*, traitent les k-mers à délétion et insertion.

Deux versions de kmersDel existent :

- Une renommée kmersCount, favorisant la vitesse en dépit de l'utilisation de la mémoire
- L'autre, kmersDel, est moins efficace mais peut être couplé à **Jellyfish** sur n'importe quelle longueur de k-mers

2. Guillaume Marcais and Carl Kingsford[2]
3. Alban Mancheron[3]

Implémentation : kmersDel

Jellyfish [2] est la référence pour l'extraction de k-mers contigus.

Pour les k-mers espacés à délétion, l'outil **GkAmpi** [3] est en cours de développement.

Les programmes kmersDel et kmersExpand, développés en C++11 *multi-thread*, traitent les k-mers à délétion et insertion.

Deux versions de kmersDel existent :

- Une renommée kmersCount, favorisant la vitesse en dépit de l'utilisation de la mémoire
- L'autre, kmersDel, est moins efficace mais peut être couplé à **Jellyfish** sur n'importe quelle longueur de k-mers

2. Guillaume Marcais and Carl Kingsford[2]
3. Alban Mancheron[3]

Implémentation : kmersDel

Jellyfish [2] est la référence pour l'extraction de k-mers contigus.

Pour les k-mers espacés à délétion, l'outil **GkAmpi** [3] est en cours de développement.

Les programmes kmersDel et kmersExpand, développés en C++11 *multi-thread*, traitent les k-mers à délétion et insertion.

Deux versions de kmersDel existent :

- Une renommée kmersCount, favorisant la vitesse en dépit de l'utilisation de la mémoire
- L'autre, kmersDel, est moins efficace mais peut être couplé à **Jellyfish** sur n'importe quelle longueur de k-mers

2. Guillaume Marcais and Carl Kingsford[2]
3. Alban Mancheron[3]

Implémentation : kmersDel

Jellyfish [2] est la référence pour l'extraction de *k*-mers contigus.

Pour les *k*-mers espacés à délétion, l'outil **GkAmpi** [3] est en cours de développement.

Les programmes kmersDel et kmersExpand, développés en C++11 *multi-thread*, traitent les *k*-mers à délétion et insertion.

Deux versions de kmersDel existent :

- Une renommée kmersCount, favorisant la vitesse en dépit de l'utilisation de la mémoire
- L'autre, kmersDel, est moins efficace mais peut être couplé à **Jellyfish** sur n'importe quelle longueur de *k*-mers

2. Guillaume Marcais and Carl Kingsford[2]
3. Alban Mancheron[3]

Implémentation : kmersDel

Jellyfish [2] est la référence pour l'extraction de *k*-mers contigus.

Pour les *k*-mers espacés à délétion, l'outil **GkAmpi** [3] est en cours de développement.

Les programmes kmersDel et kmersExpand, développés en C++11 *multi-thread*, traitent les *k*-mers à délétion et insertion.

Deux versions de kmersDel existent :

- Une renommée kmersCount, favorisant la vitesse en dépit de l'utilisation de la mémoire
- L'autre, kmersDel, est moins efficace mais peut être couplé à **Jellyfish** sur n'importe quelle longueur de *k*-mers

2. Guillaume Marcais and Carl Kingsford[2]
3. Alban Mancheron[3]

Implémentation : kmersDel

Entrées : table_hachage *table*, mots *lectures*, mot *motif*, entier k

```
pour chaque lecture de lectures faire
    pour i = 0; i + k ≤ |lecture|; i+ = 1 faire
        kmerEntier = 0 ;
        kmer = "" ;
        pour j = 0; j < k; j+ = 1 faire
            si motif[j] ≠ 0 alors kmer = kmer + lecture[i + j] ;
        fin
        pour chaque nucleotide de kmer faire
            kmerEntier∗ = 4 ;
            suivant valeur de nucleotide faire
                cas où A faire ;
                cas où C faire kmerEntier+ = 1 ;
                cas où G faire kmerEntier+ = 2 ;
                cas où T faire kmerEntier+ = 3 ;
            fin
        fin
        table[kmerEntier]+ = 1 ;
    fin
fin
```

Implémentation : kmersDel

```
Entrées : table_hachage table, mots lectures, mot motif, entier k
pour chaque lecture de lectures faire
    pour i = 0; i + k ≤ |lecture|; i+ = 1 faire
        kmerEntier = 0 ;
        kmer = "" ;
        pour j = 0; j < k; j+ = 1 faire
            si motif[j] ≠ 0 alors kmer = kmer + lecture[i + j] ;
        fin
        pour chaque nucleotide de kmer faire
            kmerEntier∗ = 4 ;
            suivant valeur de nucleotide faire
                cas où A faire ;
                cas où C faire kmerEntier+ = 1 ;
                cas où G faire kmerEntier+ = 2 ;
                cas où T faire kmerEntier+ = 3 ;
            fin
        fin
        table[kmerEntier]+ = 1 ;
    fin
fin
```

Implémentation : kmersDel

Entrées : table_hachage *table*, mots *lectures*, mot *motif*, entier k

```
pour chaque lecture de lectures faire
    pour i = 0; i + k ≤ |lecture|; i+ = 1 faire
        kmerEntier = 0 ;
        kmer = "" ;
        pour j = 0; j < k; j+ = 1 faire
            si motif[j] ≠ 0 alors kmer = kmer + lecture[i + j] ;
        fin
        pour chaque nucleotide de kmer faire
            kmerEntier∗ = 4 ;
            suivant valeur de nucleotide faire
                cas où A faire ;
                cas où C faire kmerEntier+ = 1 ;
                cas où G faire kmerEntier+ = 2 ;
                cas où T faire kmerEntier+ = 3 ;
            fin
        fin
        table[kmerEntier]+ = 1 ;
    fin
fin
```

Implémentation : kmersDel

```
Entrées : table_hachage table, mots lectures, mot motif, entier k
pour chaque lecture de lectures faire
    pour i = 0; i + k ≤ |lecture|; i+ = 1 faire
        kmerEntier = 0 ;
        kmer = "" ;
        pour j = 0; j < k; j+ = 1 faire
            si motif[j] ≠ 0 alors kmer = kmer + lecture[i + j] ;
        fin
        pour chaque nucleotide de kmer faire
            kmerEntier∗ = 4 ;
            suivant valeur de nucleotide faire
                cas où A faire ;
                cas où C faire kmerEntier+ = 1 ;
                cas où G faire kmerEntier+ = 2 ;
                cas où T faire kmerEntier+ = 3 ;
            fin
        fin
        table[kmerEntier]+ = 1 ;
    fin
fin
```

Implémentation : kmersDel

```
Entrées : table_hachage table, mots lectures, mot motif, entier k
pour chaque lecture de lectures faire
    pour i = 0; i + k ≤ |lecture|; i+ = 1 faire
        kmerEntier = 0 ;
        kmer = "" ;
        pour j = 0; j < k; j+ = 1 faire
            si motif[j] ≠ 0 alors kmer = kmer + lecture[i + j] ;
        fin
        pour chaque nucleotide de kmer faire
            kmerEntier∗ = 4 ;
            suivant valeur de nucleotide faire
                cas où A faire ;
                cas où C faire kmerEntier+ = 1 ;
                cas où G faire kmerEntier+ = 2 ;
                cas où T faire kmerEntier+ = 3 ;
            fin
        fin
        table[kmerEntier]+ = 1 ;
    fin
fin
```

Implémentation : kmersDel

```
Entrées : table_hachage table, mots lectures, mot motif, entier k
pour chaque lecture de lectures faire
    pour i = 0; i + k ≤ |lecture|; i+ = 1 faire
        kmerEntier = 0 ;
        kmer = "" ;
        pour j = 0; j < k; j+ = 1 faire
            si motif[j] ≠ 0 alors kmer = kmer + lecture[i + j] ;
        fin
        pour chaque nucleotide de kmer faire
            kmerEntier∗ = 4 ;
            suivant valeur de nucleotide faire
                cas où A faire ;
                cas où C faire kmerEntier+ = 1 ;
                cas où G faire kmerEntier+ = 2 ;
                cas où T faire kmerEntier+ = 3 ;
            fin
        fin
        table[kmerEntier]+ = 1 ;
    fin
fin
```

Implémentation : kmersExpand

kmersExpand

Entrées : mots *lectures*, mot *motif*, entier k
pour chaque *lecture de lectures* **faire**
    pour $i = 0;\ i + k \leq |lecture|;\ i+ = 1$ **faire**
        $kmer = lecture[i : k]$;
        $kmersExpandRec(kmer, motif, 0)$;
    fin
fin

kmersExpandRec

Entrées : mot *kmer*, mot *nvKmer*, mot *motif*, entier *posMotif*, entier *posKmer*
si $posSeed == |motif|$ **alors** $affiche(nvKmer)$;
sinon si $motif[posMotif] \neq 0$ **alors**
  $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + kmer[posKmer], posMotif + 1, posKmer + 1)$;
sinon
    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + A, posMotif + 1, posKmer)$;
    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + C, posMotif + 1, posKmer)$;
    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + G, posMotif + 1, posKmer)$;
    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + T, posMotif + 1, posKmer)$;
fin

Implémentation : kmersExpand

kmersExpand

Entrées : mots *lectures*, mot *motif*, entier k

pour chaque *lecture de lectures* **faire**
    pour $i = 0;\ i + k \leq |lecture|;\ i+ = 1$ **faire**
        $kmer = lecture[i : k]$;
        $kmersExpandRec(kmer, motif, 0)$;
    fin
fin

kmersExpandRec

Entrées : mot *kmer*, mot *nvKmer*, mot *motif*, entier *posMotif*, entier *posKmer*
si $posSeed == |motif|$ **alors** $affiche(nvKmer)$;
sinon si $motif[posMotif] \neq 0$ **alors**
  $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + kmer[posKmer], posMotif + 1, posKmer + 1)$;
sinon
    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + A, posMotif + 1, posKmer)$;
    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + C, posMotif + 1, posKmer)$;
    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + G, posMotif + 1, posKmer)$;
    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + T, posMotif + 1, posKmer)$;
fin

Implémentation : kmersExpand

kmersExpand

Entrées : mots *lectures*, mot *motif*, entier k

pour chaque *lecture de lectures* **faire**

    pour $i = 0;\ i + k \leq |lecture|;\ i+ = 1$ **faire**

        $kmer = lecture[i : k]$;

        $kmersExpandRec(kmer, motif, 0)$;

    fin

fin

kmersExpandRec

Entrées : mot *kmer*, mot *nvKmer*, mot *motif*, entier *posMotif*, entier *posKmer*

si $posSeed == |motif|$ **alors** $affiche(nvKmer)$;

sinon si $motif[posMotif] \neq 0$ **alors**

  $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + kmer[posKmer], posMotif + 1, posKmer + 1)$;

sinon

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + A, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + C, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + G, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + T, posMotif + 1, posKmer)$;

fin

Implémentation : kmersExpand

kmersExpand

Entrées : mots *lectures*, mot *motif*, entier k

pour chaque *lecture de lectures* **faire**

  pour $i = 0;\ i + k \leq |lecture|;\ i+ = 1$ **faire**

    $kmer = lecture[i : k]$;

    $kmersExpandRec(kmer, motif, 0)$;

  fin

fin

kmersExpandRec

Entrées : mot *kmer*, mot *nvKmer*, mot *motif*, entier *posMotif*, entier *posKmer*

si $posSeed == |motif|$ **alors** $affiche(nvKmer)$;

sinon si $motif[posMotif] \neq 0$ **alors**

  $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + kmer[posKmer], posMotif + 1, posKmer + 1)$;

sinon

  $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + A, posMotif + 1, posKmer)$;

  $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + C, posMotif + 1, posKmer)$;

  $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + G, posMotif + 1, posKmer)$;

  $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + T, posMotif + 1, posKmer)$;

fin

Implémentation : kmersExpand

kmersExpand

Entrées : mots *lectures*, mot *motif*, entier k

pour chaque *lecture de lectures* **faire**

    pour $i = 0;\ i + k \leq |lecture|;\ i+ = 1$ **faire**

        $kmer = lecture[i : k]$;

        $kmersExpandRec(kmer, motif, 0)$;

    fin

fin

kmersExpandRec

Entrées : mot *kmer*, mot *nvKmer*, mot *motif*, entier *posMotif*, entier *posKmer*

si $posSeed == |motif|$ **alors** $affiche(nvKmer)$;

sinon si $motif[posMotif] \neq 0$ **alors**

  $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + kmer[posKmer], posMotif + 1, posKmer + 1)$;

sinon

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + A, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + C, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + G, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + T, posMotif + 1, posKmer)$;

fin

Implémentation : kmersExpand

kmersExpand

Entrées : mots *lectures*, mot *motif*, entier k

pour chaque *lecture de lectures* **faire**

    pour $i = 0;\ i + k \leq |lecture|;\ i+ = 1$ **faire**

        $kmer = lecture[i : k]$;

        $kmersExpandRec(kmer, motif, 0)$;

    fin

fin

kmersExpandRec

Entrées : mot *kmer*, mot *nvKmer*, mot *motif*, entier *posMotif*, entier *posKmer*

si $posSeed == |motif|$ **alors** $affiche(nvKmer)$;

sinon si $motif[posMotif] \neq 0$ **alors**

  $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + kmer[posKmer], posMotif + 1, posKmer + 1)$;

sinon

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + A, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + C, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + G, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + T, posMotif + 1, posKmer)$;

fin

Implémentation : kmersExpand

kmersExpand

Entrées : mots *lectures*, mot *motif*, entier k

pour chaque *lecture de lectures* **faire**

    pour $i = 0;\ i + k \leq |lecture|;\ i+ = 1$ **faire**

        $kmer = lecture[i : k]$;

        $kmersExpandRec(kmer, motif, 0)$;

    fin

fin

kmersExpandRec

Entrées : mot *kmer*, mot *nvKmer*, mot *motif*, entier *posMotif*, entier *posKmer*

si $posSeed == |motif|$ **alors** $affiche(nvKmer)$;

sinon si $motif[posMotif] \neq 0$ **alors**

  $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + kmer[posKmer], posMotif + 1, posKmer + 1)$;

sinon

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + A, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + C, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + G, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + T, posMotif + 1, posKmer)$;

fin

Implémentation : kmersExpand

kmersExpand

Entrées : mots *lectures*, mot *motif*, entier k

pour chaque *lecture de lectures* **faire**

    pour $i = 0;\ i + k \leq |lecture|;\ i+ = 1$ **faire**

        $kmer = lecture[i : k]$;

        $kmersExpandRec(kmer, motif, 0)$;

    fin

fin

kmersExpandRec

Entrées : mot *kmer*, mot *nvKmer*, mot *motif*, entier *posMotif*, entier *posKmer*

si $posSeed == |motif|$ **alors** $affiche(nvKmer)$;

sinon si $motif[posMotif] \neq 0$ **alors**

  $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + kmer[posKmer], posMotif + 1, posKmer + 1)$;

sinon

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + A, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + C, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + G, posMotif + 1, posKmer)$;

    $kmersExpandRec(kmer, nvKmer + T, posMotif + 1, posKmer)$;

fin

Mots Minimaux Absents (MAW)

Définition

Un mot minimal absent d'une séquence est un mot absent dont les facteurs propres sont tous présents dans la séquence.

Avec la séquence $s = AACACACC$, on obtient les Mots Minimaux Absents suivants :
{AAA, AACACC, AACC, CAA, CACACA, CCA, CCC}

Mots Minimaux Absents (MAW)

Définition

Un mot minimal absent d'une séquence est un mot absent dont les facteurs propres sont tous présents dans la séquence.

Avec la séquence $s = AACACACC$, on obtient les Mots Minimaux Absents suivants :
{AAA, AACACC, AACC, CAA, CACACA, CCA, CCC}

Mots Minimaux Absents (MAW)

Définition

Un mot minimal absent d'une séquence est un mot absent dont les facteurs propres sont tous présents dans la séquence.

Avec la séquence $s = AACACACC$, on obtient les Mots Minimaux Absents suivants :

{AAA, AACACC, AACC, CAA, CACACA, CCA, CCC}

Mots Minimaux Absents (MAW)

Définition

Un mot minimal absent d'une séquence est un mot absent dont les facteurs propres sont tous présents dans la séquence.

Avec la séquence $s = AACACACC$, on obtient les Mots Minimaux Absents suivants :

{AAA, AACACC, AACC, CAA, CACACA, CCA, CCC}

Plus long sous-mot commun (PLSC)

Définition

*Un mot x est un **sous-mot** d'un mot y s'il existe une factorisation $y = z_0x_1z_1x_2 \cdots x_nz_n$ telle que $x = x_1x_2 \cdots x_n$.*

Par exemple, $x = AAAAC$ est un sous-mot de $y = AACACACC$

Définition

Le plus long sous-mot commun à deux séquences x et y est le mot z tel que z soit le plus long sous-mot à la fois dans x et dans y.

Par exemple, le plus long sous-mot commun aux séquences $x = ACCAAC$ et $y = AACACACC$ est $ACCAC$

Plus long sous-mot commun (PLSC)

Définition

*Un mot x est un **sous-mot** d'un mot y s'il existe une factorisation $y = z_0x_1z_1x_2 \cdots x_nz_n$ telle que $x = x_1x_2 \cdots x_n$.*

Par exemple, $x = AAAAC$ est un sous-mot de $y = AACACACC$

Définition

Le plus long sous-mot commun à deux séquences x et y est le mot z tel que z soit le plus long sous-mot à la fois dans x et dans y.

Par exemple, le plus long sous-mot commun aux séquences $x = ACCAAC$ et $y = AACACACC$ est $ACCAC$

Plus long sous-mot commun (PLSC)

Définition

*Un mot x est un **sous-mot** d'un mot y s'il existe une factorisation $y = z_0x_1z_1x_2 \cdots x_nz_n$ telle que $x = x_1x_2 \cdots x_n$.*

Par exemple, $x = AAAAC$ est un sous-mot de $y = AACACACC$

Définition

Le plus long sous-mot commun à deux séquences x et y est le mot z tel que z soit le plus long sous-mot à la fois dans x et dans y.

Par exemple, le plus long sous-mot commun aux séquences $x = ACCAAC$ et $y = AACACACC$ est $ACCAC$

Plus long sous-mot commun (PLSC)

Définition

*Un mot x est un **sous-mot** d'un mot y s'il existe une factorisation $y = z_0x_1z_1x_2 \cdots x_nz_n$ telle que $x = x_1x_2 \cdots x_n$.*

Par exemple, $x = AAAAC$ est un sous-mot de $y = AACACACC$

Définition

Le plus long sous-mot commun à deux séquences x et y est le mot z tel que z soit le plus long sous-mot à la fois dans x et dans y.

Par exemple, le plus long sous-mot commun aux séquences $x = ACCAAC$ et $y = AACACACC$ est $ACCAC$

Plus long sous-mot commun (PLSC)

Définition

*Un mot x est un **sous-mot** d'un mot y s'il existe une factorisation $y = z_0x_1z_1x_2 \cdots x_nz_n$ telle que $x = x_1x_2 \cdots x_n$.*

Par exemple, $x = AAAAC$ est un sous-mot de $y = AACACACC$

Définition

Le plus long sous-mot commun à deux séquences x et y est le mot z tel que z soit le plus long sous-mot à la fois dans x et dans y.

Par exemple, le plus long sous-mot commun aux séquences $x = ACCAAC$ et $y = AACACACC$ est $ACCAC$

Plus long sous-mot commun (PLSC)

Définition

*Un mot x est un **sous-mot** d'un mot y s'il existe une factorisation $y = z_0x_1z_1x_2 \cdots x_nz_n$ telle que $x = x_1x_2 \cdots x_n$.*

Par exemple, $x = AAAAC$ est un sous-mot de $y = AACACACC$

Définition

Le plus long sous-mot commun à deux séquences x et y est le mot z tel que z soit le plus long sous-mot à la fois dans x et dans y.

Par exemple, le plus long sous-mot commun aux séquences $x = ACCAAC$ et $y = AACACACC$ est $ACCAC$

Plus long sous-mot commun (PLSC)

Définition

*Un mot x est un **sous-mot** d'un mot y s'il existe une factorisation $y = z_0x_1z_1x_2 \cdots x_nz_n$ telle que $x = x_1x_2 \cdots x_n$.*

Par exemple, $x = AAAAC$ est un sous-mot de $y = AACACACC$

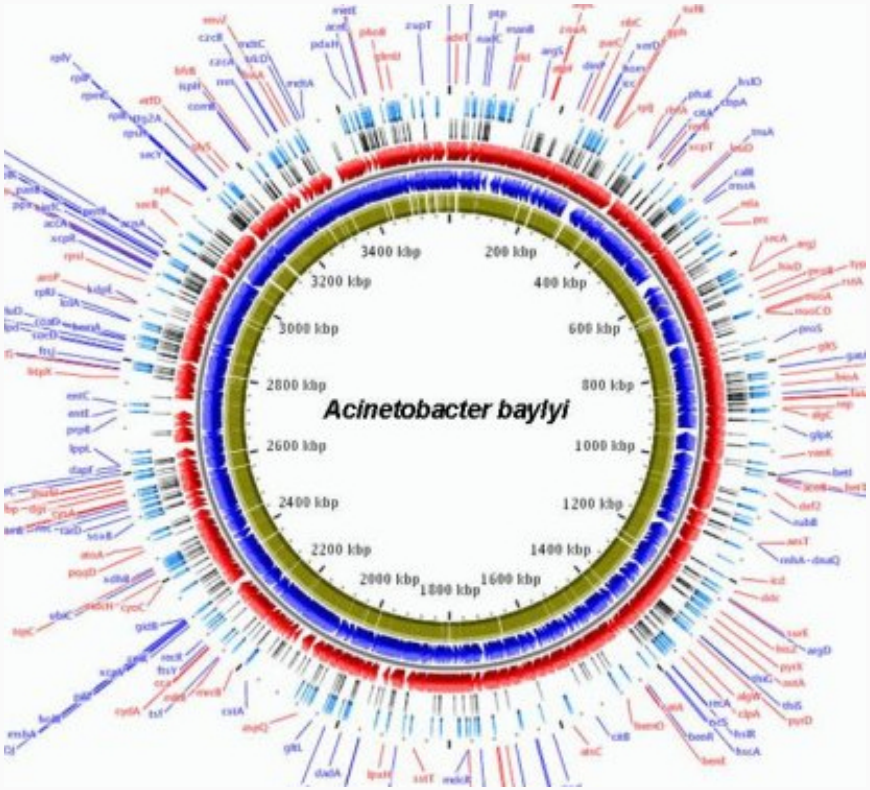
Définition

Le plus long sous-mot commun à deux séquences x et y est le mot z tel que z soit le plus long sous-mot à la fois dans x et dans y.

Par exemple, le plus long sous-mot commun aux séquences $x = ACCA\_C$ et $y = \_AC\_CAC\_$ est $ACCAC$

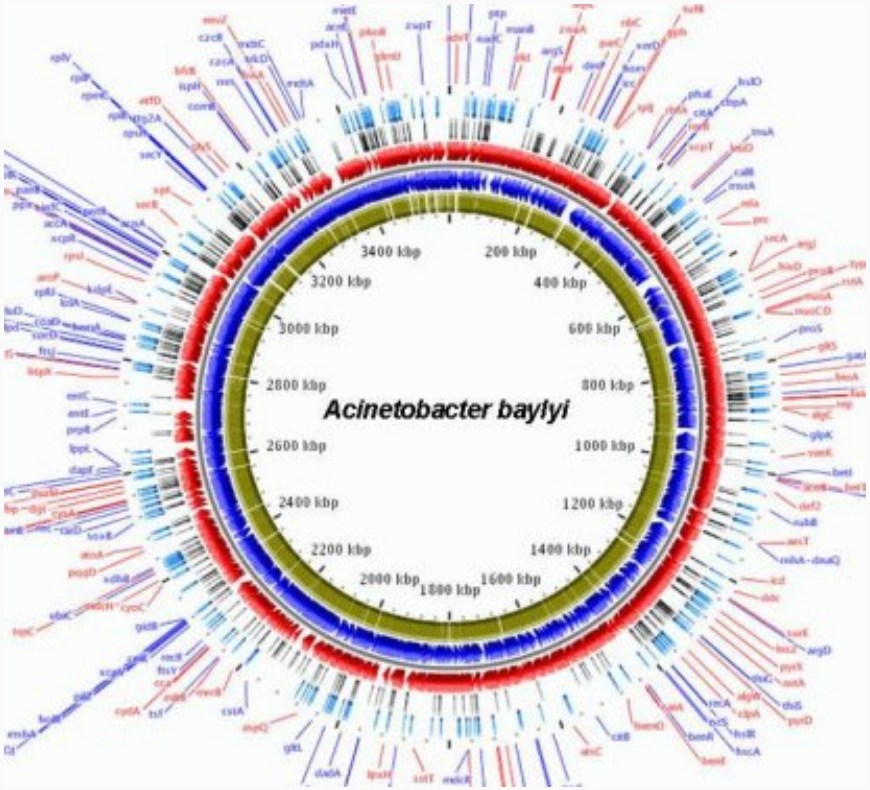
Résultats obtenus

Génome étudié



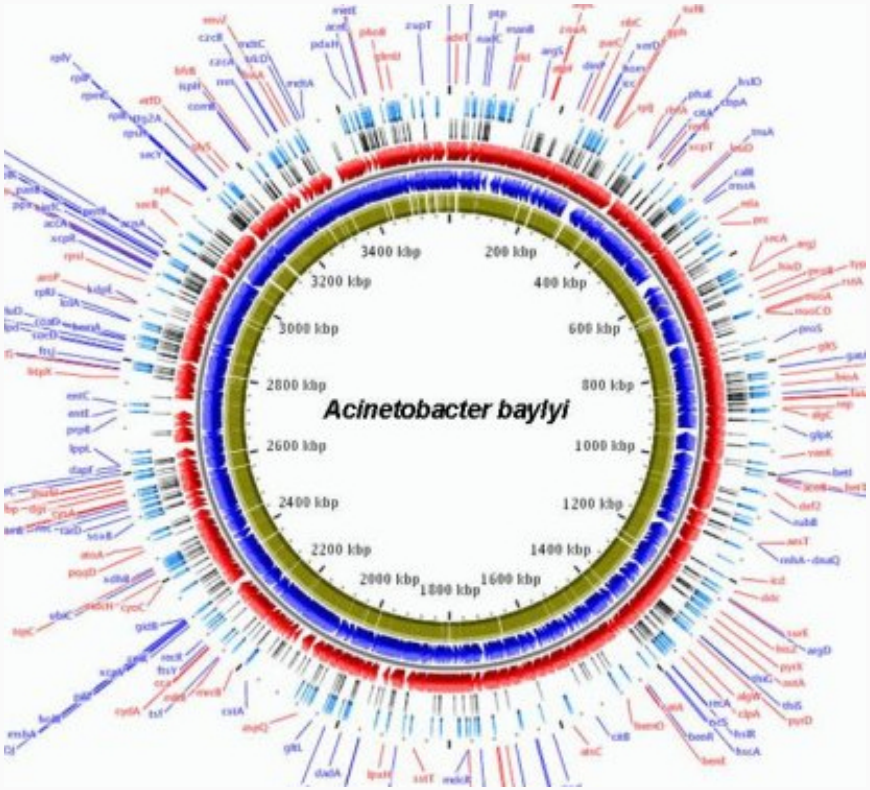
- Espèce étudiée : *Acinetobacter baylyi*
- Taille du génome : $\simeq$ 3 600 000 nucléotides
- Lectures longues : Oxford Nanopore (30% d'erreur) : 89 011, de longueur moyenne $\simeq$ 4 300 nucléotides

Génome étudié



- Espèce étudiée : *Acinetobacter baylyi*
- Taille du génome : $\simeq$ 3 600 000 nucléotides
- Lectures longues : Oxford Nanopore (30% d'erreur) : 89 011, de longueur moyenne $\simeq$ 4 300 nucléotides

Génome étudié



- Espèce étudiée : *Acinetobacter baylyi*
- Taille du génome : $\simeq$ 3 600 000 nucléotides
- Lectures longues : Oxford Nanopore (30% d'erreur) : 89 011, de longueur moyenne $\simeq$ 4 300 nucléotides

Résultats : kmersDel et kmersExpand

Union des k-mers + k-mers à délétion + k-mers à insertion

- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 $\longrightarrow$ 87%
- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 à 2 $\longrightarrow$ 98%

Un grand nombre de k-mers sont trouvés, mais impossible de les filtrer, car énormément de k-mers inutiles dans les lectures longues (0,23% à 0,44% d'utile)

Résultats similaires sur 20-mers et 11-mers

Résultats similaires avec les lectures Pacific Biosciences et Oxford Nanopore.

Résultats : kmersDel et kmersExpand

Union des k-mers + k-mers à délétion + k-mers à insertion

- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 $\rightarrow$ 87%
- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 à 2 $\rightarrow$ 98%

Un grand nombre de k-mers sont trouvés, mais impossible de les filtrer, car énormément de k-mers inutiles dans les lectures longues (0,23% à 0,44% d'utile)

Résultats similaires sur 20-mers et 11-mers

Résultats similaires avec les lectures Pacific Biosciences et Oxford Nanopore.

Résultats : kmersDel et kmersExpand

Union des k-mers + k-mers à délétion + k-mers à insertion

- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 $\rightarrow$ 87%
- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 à 2 $\rightarrow$ 98%

Un grand nombre de k-mers sont trouvés, mais impossible de les filtrer, car énormément de k-mers inutiles dans les lectures longues (0,23% à 0,44% d'utile)

Résultats similaires sur 20-mers et 11-mers

Résultats similaires avec les lectures Pacific Biosciences et Oxford Nanopore.

Résultats : kmersDel et kmersExpand

Union des k-mers + k-mers à délétion + k-mers à insertion

- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 $\rightarrow$ 87%
- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 à 2 $\rightarrow$ 98%

Un grand nombre de k-mers sont trouvés, mais impossible de les filtrer, car énormément de k-mers inutiles dans les lectures longues (0,23% à 0,44% d'utile)

Résultats similaires sur 20-mers et 11-mers

Résultats similaires avec les lectures Pacific Biosciences et Oxford Nanopore.

Résultats : kmersDel et kmersExpand

Union des k-mers + k-mers à délétion + k-mers à insertion

- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 $\rightarrow$ 87%
- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 à 2 $\rightarrow$ 98%

Un grand nombre de k-mers sont trouvés, mais impossible de les filtrer, car énormément de k-mers inutiles dans les lectures longues (0,23% à 0,44% d'utile)

Résultats similaires sur 20-mers et 11-mers

Résultats similaires avec les lectures Pacific Biosciences et Oxford Nanopore.

Résultats : kmersDel et kmersExpand

Union des k-mers + k-mers à délétion + k-mers à insertion

- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 $\rightarrow$ 87%
- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 à 2 $\rightarrow$ 98%

Un grand nombre de k-mers sont trouvés, mais impossible de les filtrer, car énormément de k-mers inutiles dans les lectures longues (0,23% à 0,44% d'utile)

Résultats similaires sur 20-mers et 11-mers

Résultats similaires avec les lectures Pacific Biosciences et Oxford Nanopore.

Résultats : kmersDel et kmersExpand

Union des k-mers + k-mers à délétion + k-mers à insertion

- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 $\rightarrow$ 87%
- 16-mers, $freq = 5$, un trou de longueur 1 à 2 $\rightarrow$ 98%

Un grand nombre de k-mers sont trouvés, mais impossible de les filtrer, car énormément de k-mers inutiles dans les lectures longues (0,23% à 0,44% d'utile)

Résultats similaires sur 20-mers et 11-mers

Résultats similaires avec les lectures Pacific Biosciences et Oxford Nanopore.

Résultats : Mots Minimaux Absents (MAW)

Recherche de Mots Minimaux Absents fréquents :

- Pas concluant, repartition des MAW dans les bons/mauvais k-mers trop homogène

Recherche de Mots Minimaux Absents rares :

- Pas concluant, mêmes résultats que pour les MAW fréquents

Résultats : Mots Minimaux Absents (MAW)

Recherche de Mots Minimaux Absents fréquents :

- Pas concluant, repartition des MAW dans les bons/mauvais k-mers trop homogène

Recherche de Mots Minimaux Absents rares :

- Pas concluant, mêmes résultats que pour les MAW fréquents

Résultats : Mots Minimaux Absents (MAW)

Recherche de Mots Minimaux Absents fréquents :

- Pas concluant, repartition des MAW dans les bons/mauvais k-mers trop homogène

Recherche de Mots Minimaux Absents rares :

- Pas concluant, mêmes résultats que pour les MAW fréquents

Résultats : Mots Minimaux Absents (MAW)

Recherche de Mots Minimaux Absents fréquents :

- Pas concluant, repartition des MAW dans les bons/mauvais k-mers trop homogène

Recherche de Mots Minimaux Absents rares :

- Pas concluant, mêmes résultats que pour les MAW fréquents

Résultats : CompaReads [4]

But : Identifier les lectures longues provenant d'une même région du génome de référence.

Procédure de test :

- Sélection d'une lecture longue
- Récupération des lectures longues similaires
- Recherche de la lecture longue corrigée correspondante
- Vérifier qu'elles s'alignent bien sur la même région du génome

Résultat : 20-mers fréquents => 25 lectures longues similaires

Récupération des lectures longues corrigés correspondantes :

- 11 lectures récupérées dont 8 s'alignent sur la même région du génome.

4. Nicolas Maillet, Claire Lemaitre, Rayan Chikhi, Dominique Lavenier and Pierre Peterlongo[4]

Résultats : CompaReads [4]

But : Identifier les lectures longues provenant d'une même région du génome de référence.

Procédure de test :

- Sélection d'une lecture longue
- Récupération des lectures longues similaires
- Recherche de la lecture longue corrigée correspondante
- Vérifier qu'elles s'alignent bien sur la même région du génome

Résultat : 20-mers fréquents => 25 lectures longues similaires

Récupération des lectures longues corrigés correspondantes :

- 11 lectures récupérées dont 8 s'alignent sur la même région du génome.

4. Nicolas Maillet, Claire Lemaitre, Rayan Chikhi, Dominique Lavenier and Pierre Peterlongo[4]

Résultats : CompaReads [4]

But : Identifier les lectures longues provenant d'une même région du génome de référence.

Procédure de test :

- Sélection d'une lecture longue
- Récupération des lectures longues similaires
- Recherche de la lecture longue corrigée correspondante
- Vérifier qu'elles s'alignent bien sur la même région du génome

Résultat : 20-mers fréquents => 25 lectures longues similaires

Récupération des lectures longues corrigés correspondantes :

- 11 lectures récupérées dont 8 s'alignent sur la même région du génome.

4. Nicolas Maillet, Claire Lemaitre, Rayan Chikhi, Dominique Lavenier and Pierre Peterlongo[4]

Résultats : CompaReads [4]

But : Identifier les lectures longues provenant d'une même région du génome de référence.

Procédure de test :

- Sélection d'une lecture longue
- Récupération des lectures longues similaires
- Recherche de la lecture longue corrigée correspondante
- Vérifier qu'elles s'alignent bien sur la même région du génome

Résultat : 20-mers fréquents => 25 lectures longues similaires

Récupération des lectures longues corrigés correspondantes :

- 11 lectures récupérées dont 8 s'alignent sur la même région du génome.

4. Nicolas Maillet, Claire Lemaitre, Rayan Chikhi, Dominique Lavenier and Pierre Peterlongo[4]

Résultats : CompaReads [4]

But : Identifier les lectures longues provenant d'une même région du génome de référence.

Procédure de test :

- Sélection d'une lecture longue
- Récupération des lectures longues similaires
- Recherche de la lecture longue corrigée correspondante
- Vérifier qu'elles s'alignent bien sur la même région du génome

Résultat : 20-mers fréquents => 25 lectures longues similaires

Récupération des lectures longues corrigés correspondantes :

- 11 lectures récupérées dont 8 s'alignent sur la même région du génome.

4. Nicolas Maillet, Claire Lemaitre, Rayan Chikhi, Dominique Lavenier and Pierre Peterlongo[4]

Résultats : CompaReads [4]

But : Identifier les lectures longues provenant d'une même région du génome de référence.

Procédure de test :

- Sélection d'une lecture longue
- Récupération des lectures longues similaires
- Recherche de la lecture longue corrigée correspondante
- Vérifier qu'elles s'alignent bien sur la même région du génome

Résultat : 20-mers fréquents => 25 lectures longues similaires

Récupération des lectures longues corrigés correspondantes :

- 11 lectures récupérées dont 8 s'alignent sur la même région du génome.

4. Nicolas Maillet, Claire Lemaitre, Rayan Chikhi, Dominique Lavenier and Pierre Peterlongo[4]

Résultats : CompaReads [4]

But : Identifier les lectures longues provenant d'une même région du génome de référence.

Procédure de test :

- Sélection d'une lecture longue
- Récupération des lectures longues similaires
- Recherche de la lecture longue corrigée correspondante
- Vérifier qu'elles s'alignent bien sur la même région du génome

Résultat : 20-mers fréquents => 25 lectures longues similaires

Récupération des lectures longues corrigés correspondantes :

- 11 lectures récupérées dont 8 s'alignent sur la même région du génome.

4. Nicolas Maillet, Claire Lemaitre, Rayan Chikhi, Dominique Lavenier and Pierre Peterlongo[4]

Résultats : CompaReads [4]

But : Identifier les lectures longues provenant d'une même région du génome de référence.

Procédure de test :

- Sélection d'une lecture longue
- Récupération des lectures longues similaires
- Recherche de la lecture longue corrigée correspondante
- Vérifier qu'elles s'alignent bien sur la même région du génome

Résultat : 20-mers fréquents $=>$ 25 lectures longues similaires

Récupération des lectures longues corrigés correspondantes :

- 11 lectures récupérées dont 8 s'alignent sur la même région du génome.

4. Nicolas Maillet, Claire Lemaitre, Rayan Chikhi, Dominique Lavenier and Pierre Peterlongo[4]

Résultats : CompaReads [4]

But : Identifier les lectures longues provenant d'une même région du génome de référence.

Procédure de test :

- Sélection d'une lecture longue
- Récupération des lectures longues similaires
- Recherche de la lecture longue corrigée correspondante
- Vérifier qu'elles s'alignent bien sur la même région du génome

Résultat : 20-mers fréquents $=>$ 25 lectures longues similaires

Récupération des lectures longues corrigés correspondantes :

- 11 lectures récupérées dont 8 s'alignent sur la même région du génome.

---

4. Nicolas Maillet, Claire Lemaitre, Rayan Chikhi, Dominique Lavenier and Pierre Peterlongo[4]

Résultats : Plus long sous-mot commun (PLSC)

Extractions de PLSC entre lectures longues similaires :

- Pas d'alignement
- 1 lecture brute et son équivalente corrigée → mauvais alignement.
- 2 lectures corrigées similaires → le PLSC s'aligne très bien

PLSC entre les k-mers (32 et 64) des lectures longues similaires :

- Pas d'alignement

Résultats : Plus long sous-mot commun (PLSC)

Extractions de PLSC entre lectures longues similaires :

- Pas d'alignement
- 1 lecture brute et son équivalente corrigée $\rightarrow$ mauvais alignement.
- 2 lectures corrigées similaires $\rightarrow$ le PLSC s'aligne très bien

PLSC entre les k-mers (32 et 64) des lectures longues similaires :

- Pas d'alignement

Résultats : Plus long sous-mot commun (PLSC)

Extractions de PLSC entre lectures longues similaires :

- Pas d'alignement
- 1 lecture brute et son équivalente corrigée $\rightarrow$ mauvais alignement.
- 2 lectures corrigées similaires $\rightarrow$ le PLSC s'aligne très bien

PLSC entre les k-mers (32 et 64) des lectures longues similaires :

- Pas d'alignement

Résultats : Plus long sous-mot commun (PLSC)

Extractions de PLSC entre lectures longues similaires :

- Pas d'alignement
- 1 lecture brute et son équivalente corrigée $\rightarrow$ mauvais alignement.
- 2 lectures corrigées similaires $\rightarrow$ le PLSC s'aligne très bien

PLSC entre les k-mers (32 et 64) des lectures longues similaires :

- Pas d'alignement

Résultats : Plus long sous-mot commun (PLSC)

Extractions de PLSC entre lectures longues similaires :

- Pas d'alignement
- 1 lecture brute et son équivalente corrigée $\rightarrow$ mauvais alignement.
- 2 lectures corrigées similaires $\rightarrow$ le PLSC s'aligne très bien

PLSC entre les k-mers (32 et 64) des lectures longues similaires :

- Pas d'alignement

Résultats : Plus long sous-mot commun (PLSC)

Extractions de PLSC entre lectures longues similaires :

- Pas d'alignement
- 1 lecture brute et son équivalente corrigée $\rightarrow$ mauvais alignement.
- 2 lectures corrigées similaires $\rightarrow$ le PLSC s'aligne très bien

PLSC entre les k-mers (32 et 64) des lectures longues similaires :

- Pas d'alignement

Conclusion

Conclusion

Perspectives :

- kmersDel et kmersExpand ont obtenus les meilleurs résultats
- Marquer les k-mers afin de déterminer les zones d'erreurs ou les motifs réguliers

Conclusion

Perspectives :

- kmersDel et kmersExpand ont obtenus les meilleurs résultats
- Marquer les k-mers afin de determiner les zones d'erreurs ou les motifs réguliers

Conclusion

Perspectives :

- kmersDel et kmersExpand ont obtenus les meilleurs résultats
- Marquer les k-mers afin de determiner les zones d'erreurs ou les motifs réguliers

Bibliographie I


Pierre Morisse, Thierry Lecroq, and Arnaud Lefebvre.
HG-CoLoR : Hybrid-Graph for the error Correction of Long Reads.
In *Actes des Journées Ouvertes Biologie Informatique et Mathématiques*, 2017.


Guillaume Marcais and Carl Kingsford.
A fast, lock-free approach for efficient parallel counting of occurrences of k-mers.
Bioinformatics, 27(6) :764–770, 2011.


Alban Mancheron.
GkAmpi.
Personal Communication, 2017.

Bibliographie II


Nicolas Maillet, Claire Lemaitre, Rayan Chikhi, Dominique Lavenier, and Pierre Peterlongo.
Compareads : comparing huge metagenomic experiments.
BMC Bioinformatics 13(Suppl 19), 2012.