

# Éléments d'analyse combinatoire

## Probabilités et statistique pour la biologie (STAT1)

Jacques van Helden, revised by Lucie Khamvongsa-Charbonnier  
and Yvon Mbouamboua

2019-09-13

**Dénombrements d'oligonucléotides et oligopeptides**

**Résumé des concepts et formules**

**Exercices supplémentaires**

# Dénombrements d'oligonucléotides et oligopeptides

## Problème: dénombrement d'oligomères

L'ADN est composé de 4 nucléotides distincts dénotés par les lettres A, C, G, T, et les protéines de 20 acides aminés.

- a. Pour chacun de ces deux types de polymères, combien d'oligomères distincts peut-on former en polymérisant 20 résidus ("20-mères") ?

**Approche suggérée:** simplifiez le problème au maximum, en commençant par des polymères beaucoup plus courts (1 résidu, 2 résidus).

- b. Généralisez la formule pour les oligomères d'une longueur arbitraire  $k$  ("**k-mères**"), en symbolisant par  $n$  le nombre de résidus.
- c. Quel est le nom de la fonction donnant le résultat ?
- d. Dans ce processus, quel est le mode de sélection des résidus: avec ou sans remise ?

## Solution: dénombrement d'oligomères

- ▶ Il s'agit d'un tirage avec remise: à chaque position de la séquence on a le choix entre  $n$  résidus (4 pour les acides nucléiques, 20 pour les protéines).
- ▶ Approche progressive de la solution
  - ▶ Cas trivial: séquence d'un seul résidu  $\rightarrow$  le nombre de possibilités est  $n$ .
  - ▶ Pour chacune des  $n$  possibilités de premier résidu, il y a  $n$  possibilités pour choisir le second résidu  $\rightarrow$  il existe  $n \cdot n = n^2$  séquences de taille 2.
  - ▶ Pour chacune d'entre elles,  $n$  résidus possibles en 3<sup>ème</sup> position  $\rightarrow$  il existe  $n^2 \cdot n = n^3$  séquences distinctes de taille 3.
- ▶ Généralisation: il existe  $n^k$  séquences distinctes de taille  $k$ .
- ▶ Dans notre cas, la taille des séquences  $k = 20$ . On a donc
  - ▶  $N = n^k = 4^{20} = 1.1 \times 10^{12}$  oligonucléotides distincts
  - ▶  $N = n^k = 20^{20} = 1.05 \times 10^{26}$  oligopeptides distincts

## La suite géométrique

Une **suite géométrique** est une succession de nombres dont chaque terme est obtenu en multipliant le terme précédent par un facteur constant.

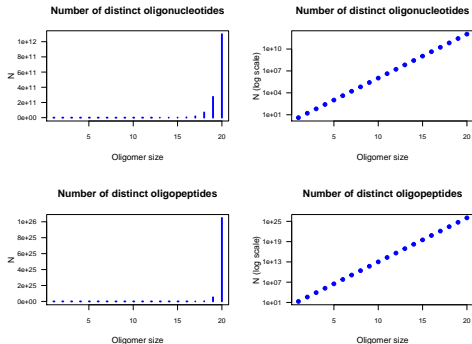
$$x_i = x_{i-1} \cdot n$$

Pour  $k$  suffisamment grand on peut développer la formule.

$$\begin{aligned}x_k &= x_{k-1} \cdot n \\&= (x_{k-2} \cdot n) \cdot n = x_{k-2} \cdot n^2 \\&= x_{k-3} \cdot n^3 = \dots = x_0 \cdot n^k\end{aligned}$$

Dans notre cas, la valeur initiale  $x_0 = 1$ ;  $k$  est la taille de l'oligomère; et  $n$  est le nombre de résidus ( $n = 4$  pour les acides nucléiques,  $n = 20$  pour les séquences peptidiques).

# Nombre d'oligomères



**Figure 1:** Nombre d'oligonucléotides (dessus) ou d'oligopeptides (dessous), en utilisant une échelle soit linéaire (gauche) soit logarithmique (droite) pour l'ordonnée.

## Exercice 02.1: oligomères sans résidus répétés

Combien d'oligomères peut-on former (ADN ou peptides) en utilisant chaque résidu une et une seule fois ?

**Approche suggérée:** agrégez progressivement les résidus, en vous demandant à chaque étape combien d'entre eux n'ont pas encore été incorporés.

### Questions subsidiaires:

- ▶ Généralisez la formule pour des séquences d'objets tirés dans un ensemble de taille arbitraire ( $n$ ).
- ▶ Quel est le nom de la fonction donnant le résultat ?
- ▶ Dans ce processus, quel est le mode de sélection des résidus: **avec ou sans remise** ?



## Solution: oligomères sans résidus répétés

- ▶ Premier résidu:  $n$  possibilités.
- ▶ Dès le moment où on a choisi ce premier résidu, il ne reste plus que  $n - 1$  possibilités pour le second. On a donc  $n \cdot (n - 1)$  possibilités pour les deux premiers résidus.
- ▶ Pour la troisième position, il ne reste que  $n - 2$  résidus. On a donc  $n \cdot (n - 1) \cdot (n - 2)$  possibilités pour les 3 premières positions de la séquence.
- ▶ Par extension, le nombre total de possibilités est donc (en supposant  $n$  suffisamment grand)

$$n! = n \cdot (n - 1) \cdot \dots \cdot 2 \cdot 1$$

- ▶ Dans notre cas:
  - ▶  $n! = 4! = 24$  oligonucléotides comportant exactement 1 fois chaque nucléotide (taille 4).
  - ▶  $n! = 20! = 2.43 \times 10^{18}$  oligopeptides (taille 20)

## La factorielle

- ▶ S'applique pour dénombrer les permutations d'un ensemble.
- ▶ Il s'agit de tirages sans remise.
- ▶ Définie par une formule récursive.

$$N = n! = \begin{cases} 1 & \text{if } n = 0 \\ n \cdot (n-1)! & \text{otherwise} \end{cases}$$

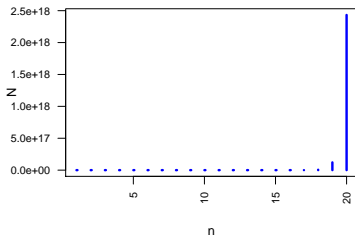
Note:  $0! = 1$ , par définition, ce qui permet de calculer  $1!$  et les factorielles des nombres subséquents avec la formule récursive.

Pour  $n$  suffisamment grand cela donne en clair.

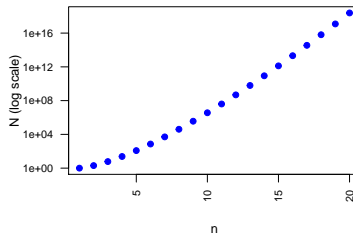
$$N = n \cdot (n-1) \cdot (n-2) \dots 2 \cdot 1$$

# Factorielle

Factorielle



Factorielle  
(échelle Y logarithmique)



## Exercice 02.2 : listes (ordonnées) de gènes

On a mené une expérience de transcriptome pour mesurer le niveau d'expression de tous les gènes de la levure. Sachant que le génome comporte 6000 gènes, combien de possibilité existe-t-il pour sélectionner les 15 gènes les plus fortement exprimés (**en tenant compte** de l'ordre relatif de ces 15 gènes) ?

**Approche suggérée:** comme précédemment, simplifiez le problème en partant de la sélection minimale, et augmentez progressivement le nombre de gènes sélectionnés (1 gène, 2 gènes, ...).

### Questions subsidiaires:

- ▶ Trouvez un exemple familier de jeu de pari apparenté à ce problème.
- ▶ Généralisez la formule pour la sélection d'une liste de  $x$  gènes dans un génome qui en comporte  $n$ .

## Solution 02.2 : listes (ordonnées) de gènes

Il s'agit d'une sélection **sans remise** (chaque gène apparaît à une et une seule position dans la liste de tous les gènes), et **ordonnée** (les mêmes gènes pris dans un ordre différent sont considérés comme un résultat différent).

- ▶ Pour le premier gène, il y a  $n = 6000$  possibilités.
- ▶ Dès le moment où on connaît le premier gène, il n'existe plus que 5999 possibilités pour le second, et donc  $n \cdot (n - 1) = 6000 \cdot 5999$  possibilités pour la suite des deux premiers gènes;
- ▶ Par extension, il existe  $6000 \cdot 5999 \cdot 5998 \cdot \dots \cdot 5986 = 4.62 \times 10^{56}$  possibilités pour les 15 premiers gènes.
- ▶ En généralisant à la liste des  $x$  premiers gènes dans un ensemble de  $n$ , on obtient 
$$N = n \cdot (n - 1) \cdot (n - 2) \cdot \dots \cdot (n - x + 1).$$

## Exercice 02.3 : ensembles (non-ordonnés) de gènes

Lors d'une expérience de transcriptome indiquant le niveau d'expression de tous les gènes de la levure. Sachant que le génome comporte 6000 gènes, combien de possibilité existe-t-il pour sélectionner les 15 gènes les plus fortement exprimés (**sans tenir compte** de l'ordre relatif de ces 15 gènes) ?

**Approche suggérée:** comme précédemment, simplifiez le problème en partant de sélections minimales (1 gène, 2 gènes, ...) et généralisez la formule.

### Questions subsidiaires:

- ▶ Trouvez un exemple familier de jeu de pari apparenté à ce problème.
- ▶ Généralisez la formule pour la sélection d'un ensemble de  $x$  gènes dans un génome qui en comporte  $n$ .
- ▶ Connaissez-vous le nom de la formule ainsi trouvée ?

## Solution 02.3 : ensembles (non-ordonnés) de gènes

- ▶ Pour une sélection d'un seul gène, il existe  $n = 6000$  possibilité.
- ▶ Pour 2 gènes, il existe  $n \cdot (n - 1) = 6000 \cdot 5999$  arrangements, mais ceci inclut deux fois chaque paire de gènes  $((a, b)$  et  $(b, a))$ . Le nombre d'ensembles non ordonnés est donc  $N = n(n - 1)/2$ .
- ▶ De même, pour 3 gènes, il faut diviser le nombre d'arrangements ( $A_n^x = \frac{n!}{(n-x)!} = 6000 \cdot 5999 \cdot 5998$ ) par le nombre de permutations parmi tous les triplets de gènes  $((a, b, c), (a, c, b), (b, a, c) \dots)$ , ce qui donne  $\frac{6000!}{(6000-3)!3!} = \frac{6000 \cdot 5999 \cdot 5888}{6} = 3.6 \times 10^{10}$ .
- ▶ Pour 15 gènes, on obtient  $\frac{n!}{(n-x)!x!} = \frac{6000!}{5985! \cdot 15!} = 3.53 \times 10^{44}$  combinaisons possibles.

# Eléments de combinatoire

Nous résumons ici les formules les plus utilisées en analyse combinatoire.

- ▶ Arrangements (tirages ordonnés sans remise)
- ▶ Combinaisons (tirages non-ordonnés sans remise)



# Arrangements

On appelle **arrangements** les tirages *ordonnés* effectués *sans remise* au sein d'un ensemble.

Nombre d'arrangements de  $x$  éléments tirés parmi  $n$ .

$$\begin{aligned} A_n^x &= \frac{n!}{(n-x)!} \\ &= \frac{n(n-1)\dots(n-x+1)(n-x)(n-x-1)\dots 2 \cdot 1}{(n-x)(n-x-1)\dots 2 \cdot 1} \\ &= n \cdot (n-1) \cdot \dots \cdot (n-x+1) \end{aligned}$$

## Arrangements: typical application

- ▶ **tiercé dans l'ordre\*\*.**
- ▶ Les joueurs parient sur les trois chevaux gagnants d'une course ( $x = 3$ ). Pour  $n = 15$  chevaux partants, il existe  $n \cdot (n - 1) \cdot (n - 2) = 15 \cdot 14 \cdot 13 = 2730$  possibilités.

## Combinaisons

On appelle **combinaisons** le nombre de sous-ensembles de  $x$  qu'on peut tirer *sans remise* dans un ensemble de taille  $n$ , si l'on ne tient pas de l'ordre des éléments tirés.

Ce nombre est fourni par le **coefficient binomial**.

$$\binom{n}{x} = C_n^x = \frac{n!}{x!(n-x)!}$$

**Attention:** les paramètres sont placés différemment dans la première (*binomnx*, “x parmi n”) et la seconde notation ( $C_n^x$ , “choose”).

## Combinaisons – Applications typiques

- **tiercé** dans le désordre.

$$\binom{n}{x} = \binom{15}{3} = C_{15}^3 = \frac{15!}{3!12!} = 455$$

- jeu de **loto** (ou lotto): chaque joueur dispose d'une grille avec 90 numéros, et doit en cocher 6. Nombre de possibilités:

$$\binom{n}{x} = \binom{90}{6} = C_{90}^6 = \frac{90!}{6!84!} = 6.2261463 \times 10^8$$

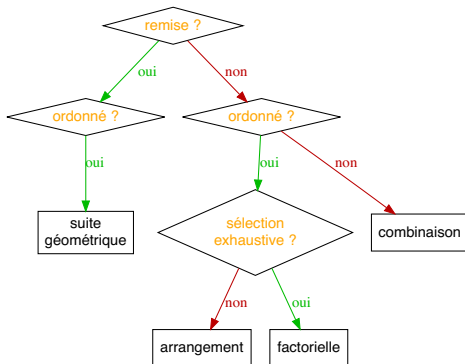
# Résumé des concepts et formules

## Tirages avec / sans remise

Il existe deux types classiques de tirage d'éléments au sein d'un ensemble: avec ou sans remise.

1. **Tirage sans remise**: chaque élément peut être tiré au plus une fois. Exemples:
  - ▶ Jeu de loto (ou lotto).
  - ▶ Sélection aléatoire d'un ensemble de gènes dans un génome.
2. **Tirage avec remise**: chaque élément peut être tiré zéro, une ou plusieurs fois. Exemples:
  - ▶ Jeu de dés. A chaque lancer on dispose des mêmes possibilités (6 faces).
  - ▶ Génération d'une séquence aléatoire, par sélection itérative d'un élément dans l'ensemble des résidus (4 nucléotides pour l'ADN, 20 acides aminés pour les protéines).

## Choix de la formule



## Formules

Remise	Ordre	Formule	Description
Oui	Oui	$n^x$	<b>Suite géométrique</b> : tirages ordonnés (séquences), avec remise, de $x$ éléments dans un ensemble de taille $n$ .
Non	Oui	$n!$	<b>Factorielle</b> : permutations d'un ensemble de taille $n$
Non	Oui	$A_n^x = \frac{n!}{(n-x)!}$	<b>Arrangements</b> : tirages ordonnés, sans remise, de $x$ éléments dans un ensemble de taille $n$
Non	Non	$C_n^x = \binom{n}{x} = \frac{n!}{x!(n-x)!}$	<b>Combinaisons</b> : tirages non ordonnés, sans remise, de $x$ éléments dans un ensemble de taille $n$



# Exercices supplémentaires

## Exercice 02.5: oligopeptides $3 \times 20$

*Combien d'oligopeptides de taille 60 peut-on former en utilisant exactement 3 fois chaque acide aminé ?*

## Solution 02.5 : oligopeptides $3 \times 20$

*Combien d'oligopeptides de taille 60 peut-on former en utilisant exactement 3 fois chaque acide aminé ?*

Commençons par générer une séquence particulière qui remplit ces conditions, en concaténant 3 copies de chaque acide aminé, dans l'ordre alphabétique.

AAACCCDDDEEEFFFGGGHHHIIIKKKLLLMMMNNNPPPPQQQRRRSSSTTTVVVWWWYYY

Toutes les permutations de ces 60 lettres sont des solutions valides.  
En voici trois exemples.

KCVIAPMHHLKNCMQSAGTWDLAQVEKSYRQETDRMGDWLVNRYTSNPIEHWPFIYFC

RVDVIPKRSPWSYKMLDFSANQGQYVFEQHRGPLNDYLCWHKAITCAFHTTNMWICMEC

PKRTKYTRWALPSQWQFHYNCRPHFVDCGNWESLCHKTF AEMDNSEVMIYGQAIIMVLL

Cependant, il faut prendre en compte le fait que certaines permutations sont identiques (toutes celles où l'on permute deux