Faculté d'informatique - USTHB 2024-2025 Module : BioALGO – M1-BioInfo

Devoir n°1: Bio-Algorithmique **Recherche exacte de motifs**

Indications

Travail à effectuer en binôme ou en monôme

A envoyer au plus tard le **jeudi** 10 avril 2025 à l'adresse <u>recupspace@gmail.com</u>

Le travail (compte rendu) doit être tapé dans un éditeur et enregistré au format pdf

Nom de fichier = « Devoir1-nomsEtudiants.pdf»

L'objet du mail : « Devoir1-BioALGO »

L'objectif de ce devoir est d'implémenter les algorithmes de recherche **exacte** de motifs dans un texte et d'analyser leur complexité théorique et expérimentale sur des textes de différentes longueurs et des motifs différents.

- 1. Implémenter l'algorithme de Morris et Pratt [MP] (utilisant le tableau des bords B) pour la recherche de <u>toutes les occurrences</u> d'un **seul** motif M dans un texte T de longueur n, en prenant en compte le *nombre de comparaisons* effectuées. *PS* : afficher le tableau des bords, le nombre de comparaisons et les positions des occurrences trouvées.
- **2.** Implémenter l'algorithme de Boyer Moore [**BM**] (utilisant le tableau dictionnaire) pour la recherche de <u>toutes les occurrences</u> d'un **seul** motif M dans un texte T de longueur n, en prenant en compte le *nombre de comparaisons* effectuées. *PS*: afficher le tableau dictionnaire, le nombre de comparaisons et les positions des occurrences trouvées.
- **3.** Test et analyse des algorithmes [MP] et [BM]
 - Faire un ensemble de tests des deux algorithmes en reportant dans un tableau, les tailles du texte et du motif, le *nombre de comparaisons effectuées* et le *temps d'exécution pour différents exemples*. Montrer le *meilleur des cas* et le *pire des cas* et les cas qui donnent des résultats semblables.
- **4.** Implémenter l'algorithme de Rabin-Karp **[RK]** pour la recherche **multiple** (un ensemble de motifs S1, S2, ...Sk, de même longueur), en utilisant les 2 variantes a. et b. suivantes :
 - **a.** Utiliser 1 seule fonction de hachage de votre choix (voir TD).
 - **b.** Utiliser 3 fonctions de hachage (filtre de Bloom) de votre choix (voir TD).

Test et analyse de l'algorithme [RK]

- Faire un ensemble de tests de l'algorithme [RK] en reportant le *nombre de comparaisons effectuées* et le *temps d'exécution pour différents exemples*, ainsi que le nombre de *faux positifs*.
- Analyser la performance de l'algorithme [RK], en termes du nombre de faux positifs induits en comparant les 2 variantes a/ et b/ (question précédente). Conclure.
- 5. Implémenter l'algorithme de Aho-Corasick [AC] pour la recherche multiple de toutes les occurrences d'un ensemble de motifs S1, S2, ... Sk. PS: afficher l'automate des préfixes de motifs, la fonction de suppléance, la fonction de sortie et les positions des occurrences trouvées.

 Test et analyse de l'algorithme [AC]
 - Faire un ensemble de tests de l'algorithme [AC] en reportant le **nombre de comparaisons effectuées** et le **temps d'exécution** pour différents exemples (en augmentant la taille du texte et le nombre de motifs)

PS: pour les différents tests des algorithmes, il faudra reporter les <u>résultats dans des tableaux</u> en tenant compte des paramètres suivants : *la taille du texte, les tailles des motifs* (ou la taille globale des motifs).

- Tracer les courbes correspondant (diagrammes) aux résultats collectés dans les tableaux.
- Est-ce que les résultats de test des algorithmes précédents sont en accord avec la complexité théorique (voir cours) ?
- **6.** L'algorithme de **Commentz-Walter** [CW] est un algorithme de recherche multiple (plusieurs motifs), il se base sur les idées des algorithmes de *Aho-Corasick* et de *Boyer-Moore*.
 - Décrire le principe de l'algorithme de Commentz-Walter
 - Illustrer son déroulement sur un exemple (ou plus) de recherche de motifs S1, S2, S3 dans un texte T.
 - Effectuez plusieurs tests pour comparer les performances de l'algorithme [CW] et [AC]
 - Analysez les résultats de test (procéder comme dans la question 2).

Rapport à remettre

Remettre **un rapport** avec la structure suivante :

- Une page de garde (en tête, titre, noms, ...)
- Une introduction dans laquelle on présente la bio-Informatique, ses applications et l'intérêt de la recherche exacte de motifs
- Le principe de chaque algorithme
- Les tableaux des tests,
- Les courbes (ou diagrammes)
- Une conclusion.
- **Une annexe** comportant le code source (bien commenté) des algorithmes