## cours 6:

recherche de motifs: Median String

- Etant donnée un ensemble de t séquences d'ADN, trouver un motif qui apparaît dans toutes les séquences t avec le nombre minimum de mutations.
- Différence du Brute Force Method :
  - Plutôt que de varier les positions de départ et d'essayer de trouver une séquence consensus représentant un motif,
  - Nous allons au contraire chercher parmi tous les motifs possibles le motif le plus fréquent.

#### Hamming distance

• Étant donné deux séquences v et w, d<sub>H</sub>(v, w) est le nombre de paires de nucléotides qui ne correspondent pas lorsque v et w sont alignés.

$$d_H(AAAAAA, ACAAAC) = 2$$

#### Distance total

- Pour chaque séquence d'ADN i, calculer tous  $d_H(v,x)$ , où x est un k-mer que commence à la position de départ  $s_i$  (1 < i <n k + 1)
- Trouver le d<sub>H</sub>(v, x) minimum parmi tous les k-mers de la séquence i
- TotalDistance (v,ADN) est la somme des distances Hamming minimales pour chaque séquence d'ADN.
  - o distance  $(v,ADN) = min d_H(v,x)$ ,
    - où s est l'ensemble des positions de départ s<sub>1</sub>, s<sub>2</sub>, ..., s<sub>t</sub>

Etant donné v = "acgtacgt" et x ci-dessous

Etant donné v = "acgtacgt" et x ci-dessous

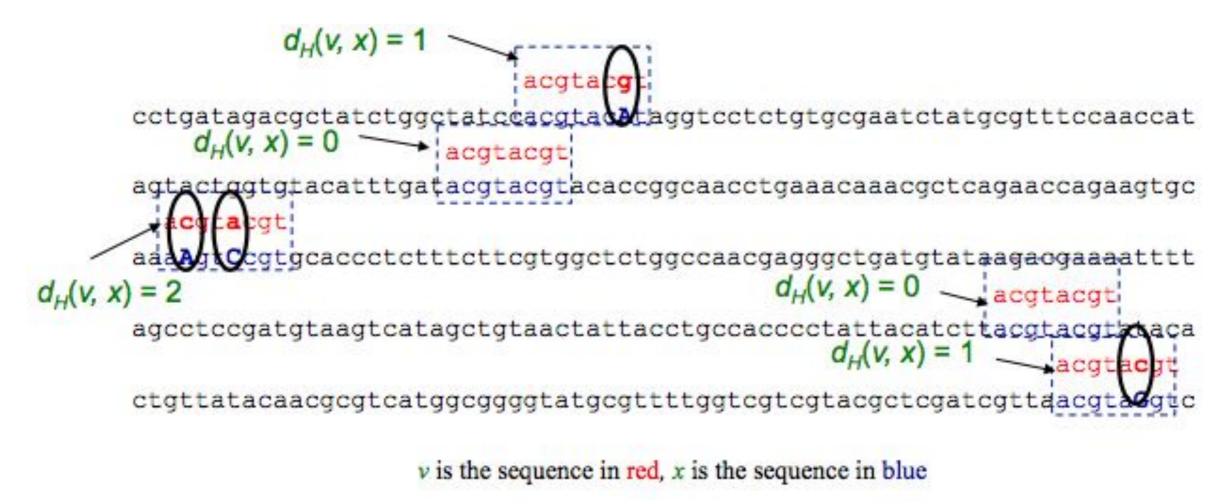
```
d_{H}(v, x) = 1
acgtacgt
acaAgtCcgtgcaccctctttcttcgtggctctggccaacgagggctgatgtataagacgaaaatttt
acgtacgt
acgtacgt
acgtacgt
acgtacgt
acgtacgt
acgtacgt
acgtacgt
acgtacgt
ctgttatacaacgcgtcatggcgggtatgcgttttggtcgtcgtacgctcgatcgttaacgtaCgtc
ctgttatacaacgcgtcatggcggggtatgcgttttggtcgtcgtacgctcgatcgttaacgtaCgtc
v \text{ is the sequence in red, } x \text{ is the sequence in blue}
```

Etant donné v = "acgtacgt" et x ci-dessous

```
d_H(v,\,x)=1 acgtacgt acceptate aggreetet green acceptate aggreetet green acceptate aggreetet green acceptate aggreetet green acceptate acceptat
```

v is the sequence in red, x is the sequence in blue

Etant donné v = "acgtacgt" et x ci-dessous



TotalDistance(v,DNA) = 
$$1+0+2+0+1=4$$

#### Definition formelle

- but: Étant donné un ensemble de séquences d'ADN, trouvez le median string.
- Entrée: Une matrice d'ADN de t x n, et k, la longueur du motif à trouver.
- Sortie: median string v qui minimise TotalDistance (v, ADN) sur toutes les séquences de cette longueur.

- 1. MedianStringSearch (DNA, t, n, k)
- 2. bestWord ← AAA...A
- 3. bestDistance ← ∞
- for each k-mer v from AAA...A to TTT...T if TotalDistance(v,DNA) < bestDistance</li>
- bestDistance←TotalDistance(v,DNA)
- bestWord ← v
- 7. return bestWord

- 1. MedianStringSearch (DNA, t, n, l)
- 2. bestWord ← AAA...A
- 3. bestDistance ← ∞
- 4. for each I-mer v from AAA...A to TTT...T if TotalDistance(v,DNA) < bestDistance
- bestDistance←TotalDistance(v, DNA)
- bestWord ← v
- 7. return bestWord

Pour éviter les comparaisons inutile nous pouvons éliminer les motifs peu complexe

## Median String Problem x Brute Force Method

• La méthode "Brute force" nécessités de k(n)<sup>t</sup>

- La méthode "Median String Problem" doit examiner toutes les combinaisons de 4<sup>k</sup> pour v.
- Ce nombre est typiquement plus petit, mais si k est grand, l'utilisation du algorithme "Median String Problem" sera toujours irréalisable.