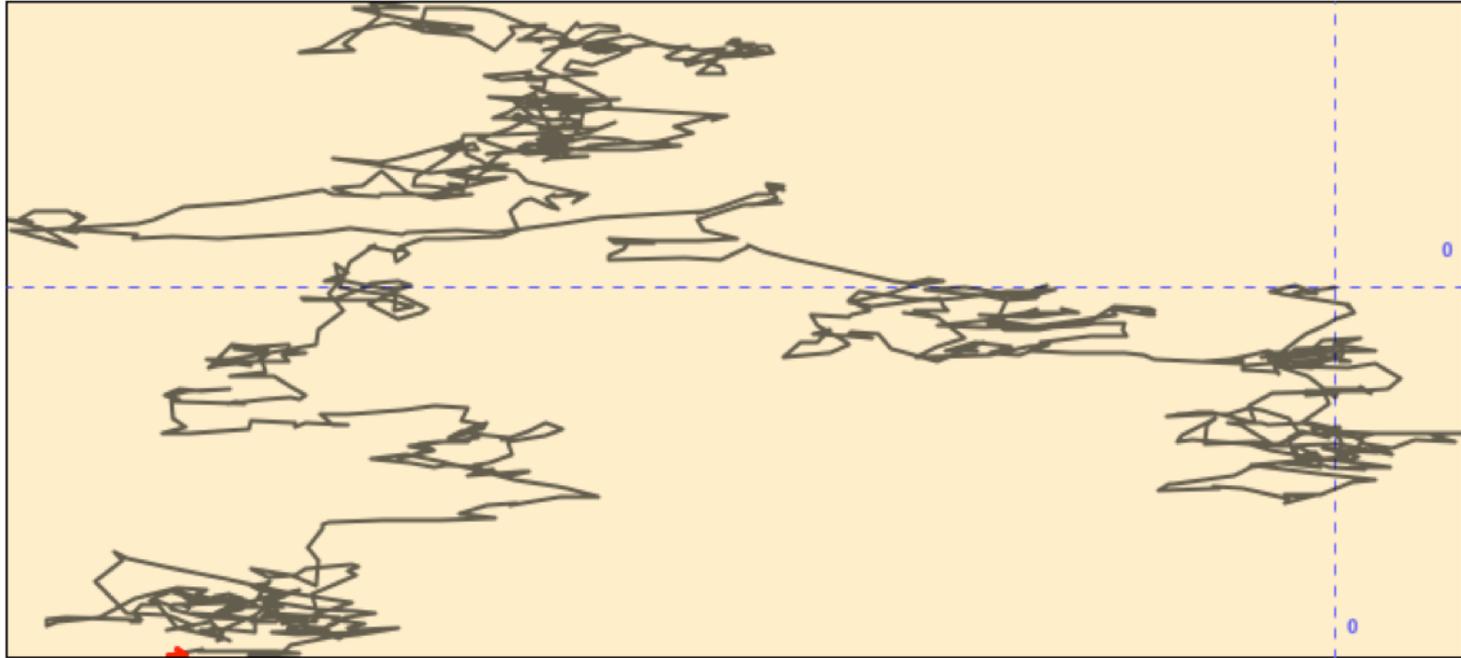


1. ADN et séquences génomiques

- La cellule, atome du vivant
- Au cœur de la cellule, la molécule d'ADN
- L'ADN code l'information génétique
- Qu'est-ce qu'un algorithme ?
- Compter les nucléotides
- Contenu en G-C et A-T des séquences
- Promenade sur l'ADN
- Changer l'échelle du chemin
- Prédire l'origine de réplication ?
- **Des fenêtres glissantes et recouvrantes**

On ne peut pas gagner à tous les coups !



Synechocystis sp.

Variation de la fréquence des nucléotides le long d'une séquence

- Calcul du nombre de nucléotides et du ratio G / C dans une fenêtre glissante



$$\frac{\text{nbG} - \text{nbC}}{\text{nbG} + \text{nbC}} = -0.3$$



$$\frac{\text{nbG} - \text{nbC}}{\text{nbG} + \text{nbC}} = -0.3$$

$$\frac{\text{nbG} - \text{nbC}}{\text{nbG} + \text{nbC}} = +0.4$$

Variation de la fréquence des nucléotides le long d'une séquence

- Calcul du nombre de nucléotides et du ratio G / C dans une fenêtre glissante
- Déplacer la fenêtre en recouvrant partiellement la précédente

fenêtre



fenêtre



fenêtre



fenêtre



Variation de la fréquence des nucléotides le long d'une séquence

- Calcul du nombre de nucléotides et du ratio G / C dans une fenêtre glissante
- Déplacer la fenêtre en recouvrant partiellement la précédente
- Ranger les valeurs successives du ratio dans un tableau
- Afficher les points successifs sous la forme d'une courbe colinéaire à la séquence

SeqLength, L, I, InitW, nbC,nbG, OveLap: **integer**

sequence: **character string** [1:*]

RatioGC: **array** [1:*] **of real**

nbC,nbG \leftarrow 0

InitW, I \leftarrow 1

repeat

for I **from** InitW **to** min (InitW + L - 1, SeqLength) **do**

case sequence [I] **of**

 "C": nbC \leftarrow nbC + 1

 "G": nbG \leftarrow nbG + 1

 "A", "T" :

endcase

endfor

 RatioGC [I] \leftarrow (nbG - nbC) / (nbG + nbC)

 I \leftarrow I + 1

 InitW \leftarrow InitW + (L - OverLap)

until InitW > SeqLength

