

## 2. Gènes et protéines

- La séquence est-elle un bon modèle de l'ADN ?
- Les gènes, de Mendel à la biologie moléculaire
- Le code génétique
- Un algorithme de traduction
- Implémenter le code génétique
- **Algorithmes + structures de données = programmes**
- Les compromis de la conception d'algorithmes
- Les technologies de séquençage de l'ADN
- Le séquençage de génomes complets
- Comment trouver les gènes ?

# Evaluons les performances de cet algorithme

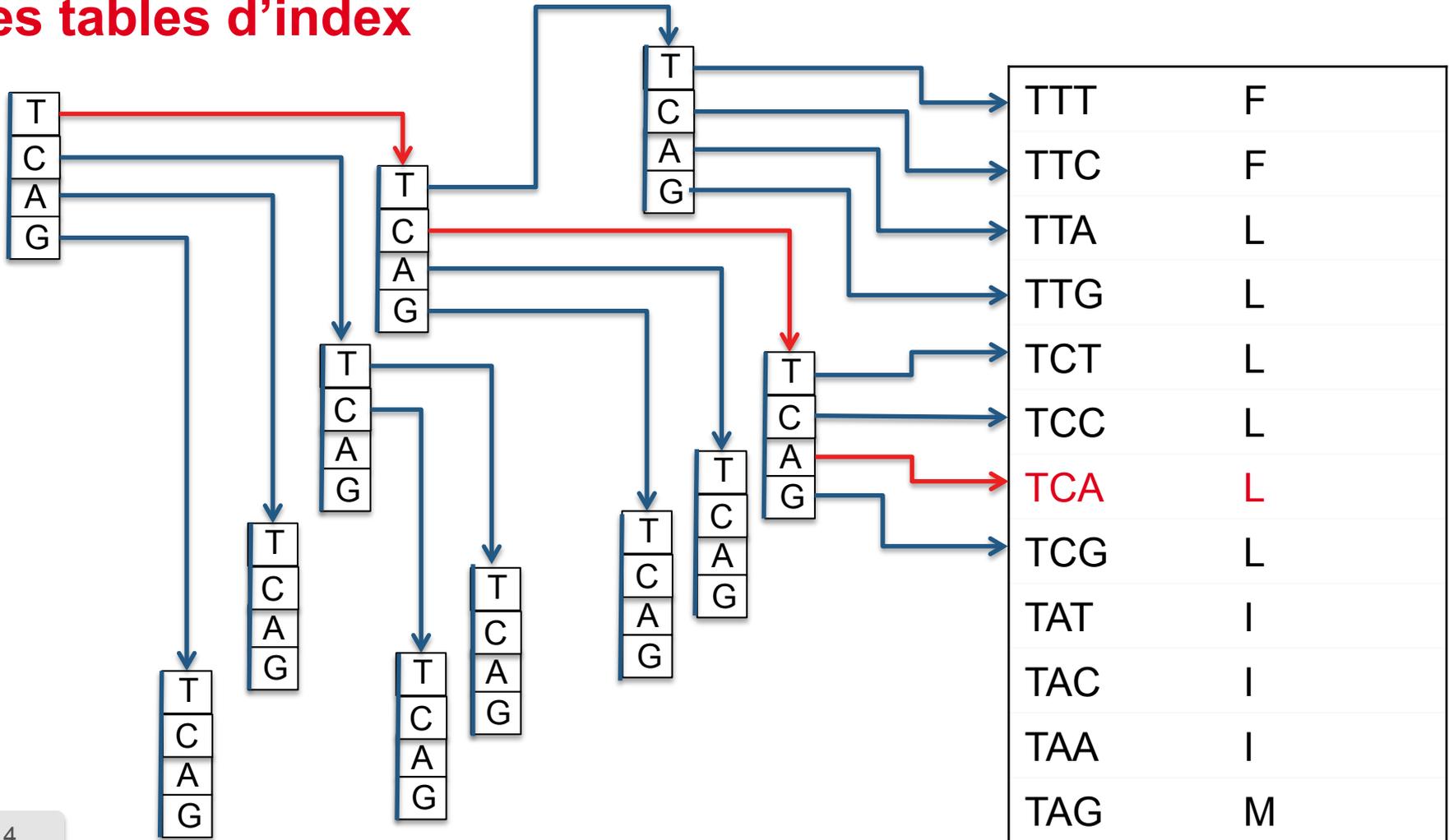
- **Termine-t-il ?** Oui !
- **Est-il pertinent ?** Oui !
- **Est-il efficace ?**
  - Dans le cas le plus favorable, 3 comparaisons de caractères (pour trouver TTT)
  - Dans le cas le moins favorable, 64 comparaisons (pour trouver GGG)

# Evaluons les performances de cet algorithme

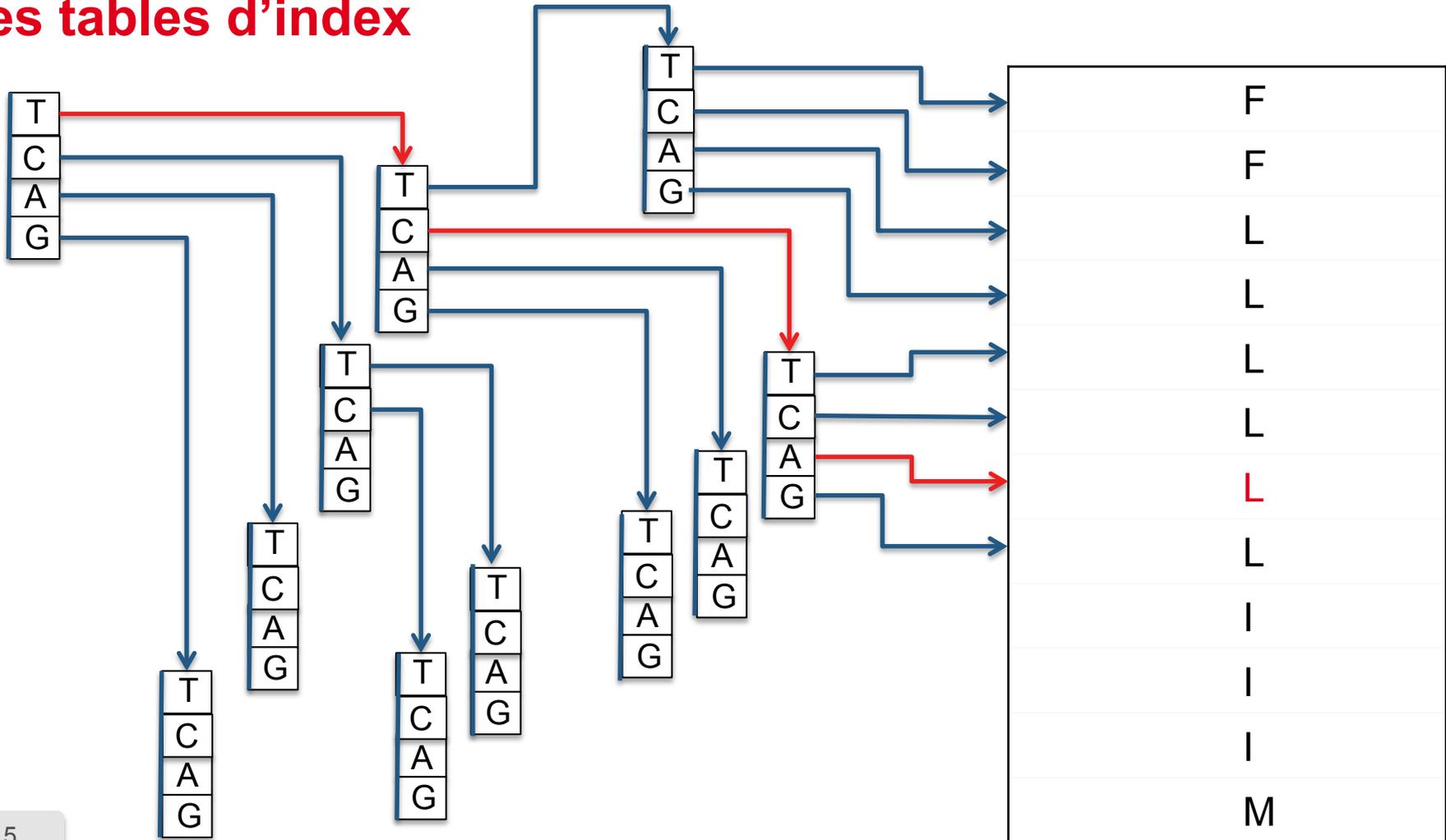
- **Termine-t-il ?** Oui !
- **Est-il pertinent ?** Oui !
- **Est-il efficace ?**
  - Dans le cas le plus favorable, 3 comparaisons de caractères (pour trouver TTT)
  - Dans le cas le moins favorable, 64 comparaisons (pour trouver GGG)

Pouvons-nous mieux faire ?

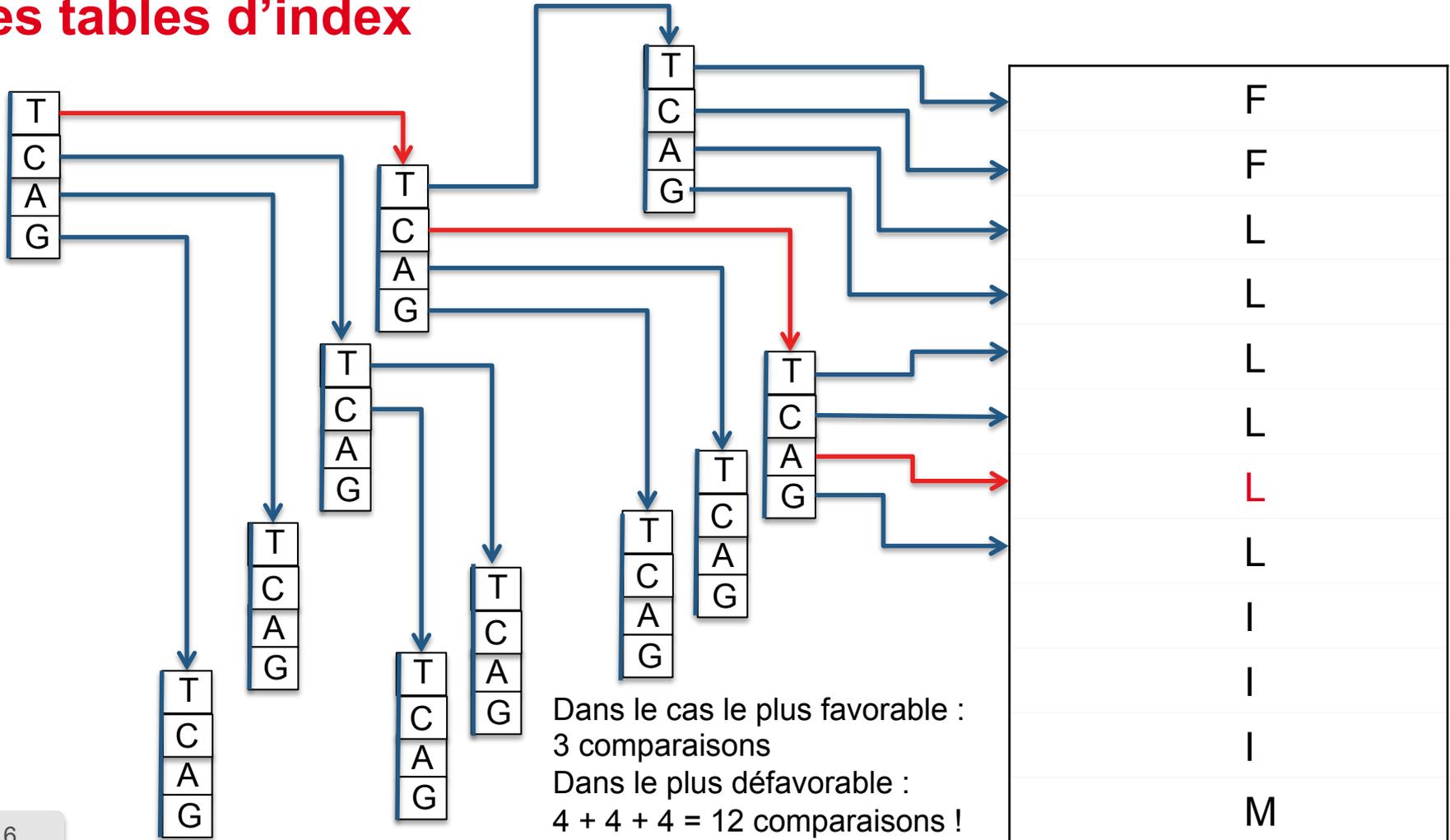
# Des tables d'index



# Des tables d'index



# Des tables d'index

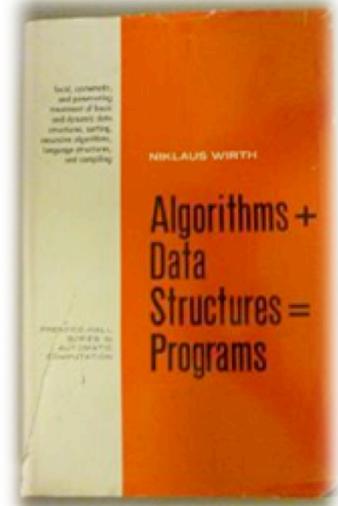


Dans le cas le plus favorable :  
3 comparaisons

Dans le plus défavorable :  
 $4 + 4 + 4 = 12$  comparaisons !

Algorithmes  
+  
Structures de données  
=  
Programmes

*Niklaus Wirth, 1976*



# Illustrations & photos : crédits

p. 7 : Droits réservés