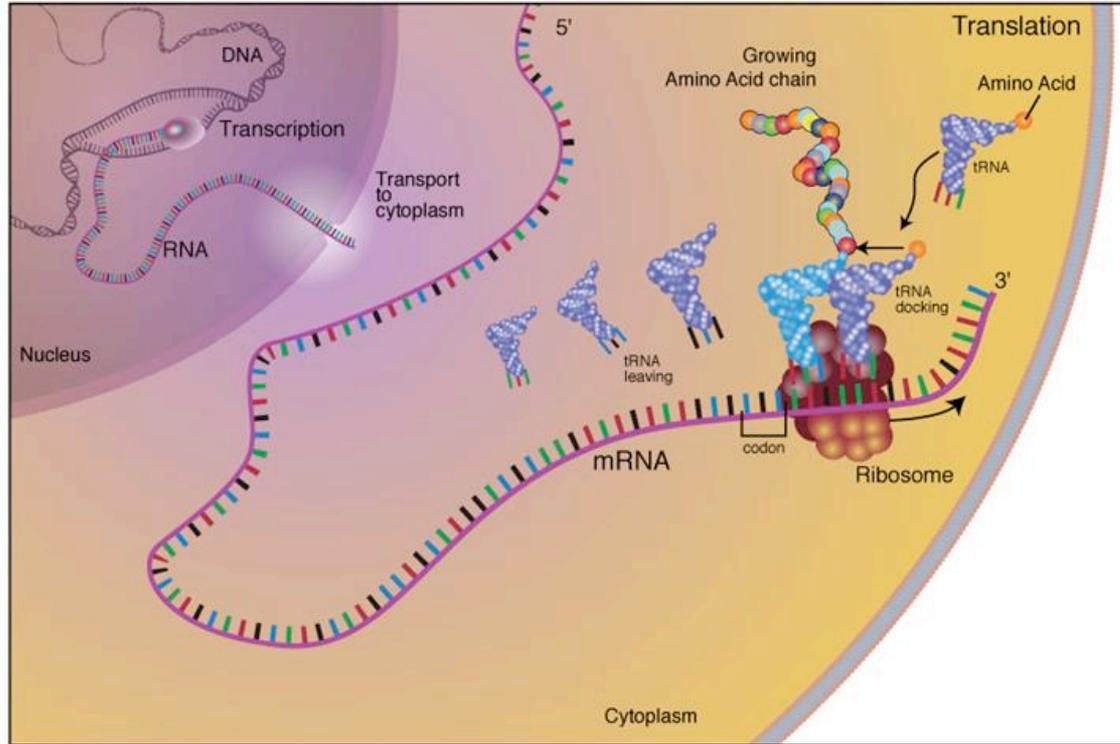


# 3. Prédiction des gènes

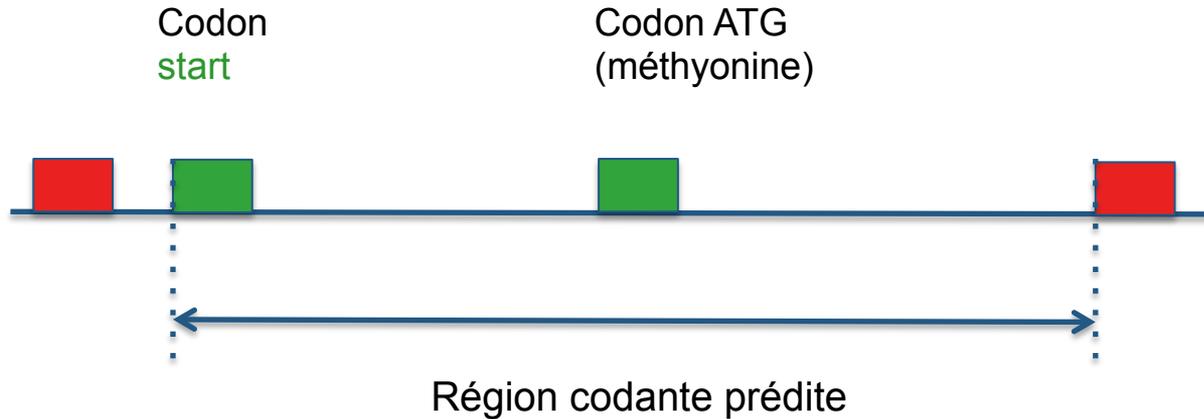
- Tous les gènes se terminent sur un codon stop
- Un algorithme simple de prédiction de gènes
- À la recherche des codons start et stop
- Prédiction de tous les gènes d'une séquence
- **Comment améliorer la qualité des prédictions ?**
- L'algorithme de Boyer-Moore
- Index et arbre des suffixes
- Des méthodes probabilistes à la rescousse
- Comment évaluer la qualité de prédiction des méthodes ?
- La prédiction de gènes dans les génomes eucaryotes

# Les ribosomes : têtes de lecture de l'ARNm



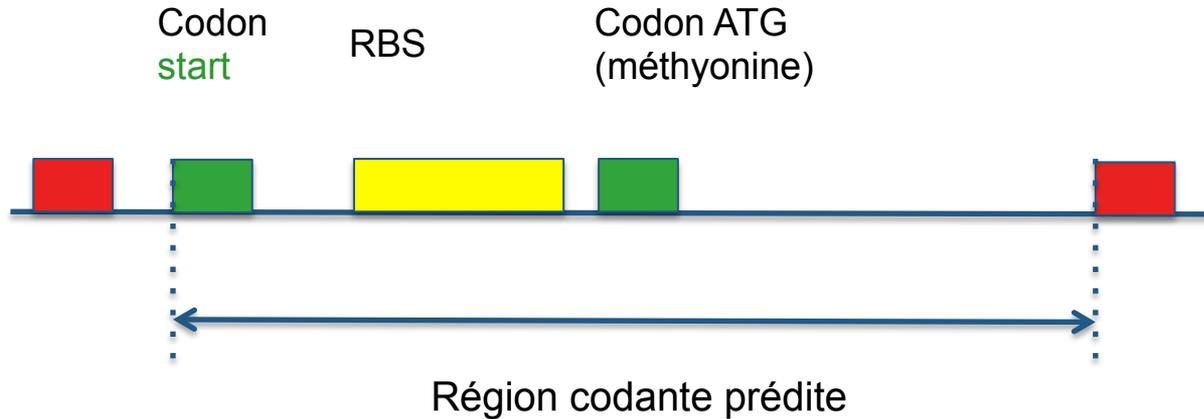
# Recherche des sites de fixation des ribosomes

- RBS: *Ribosome Binding Site*
- La position du codon **start** d'une région codante prédite peut être reconsidérée après qu'un RBS a été localisé



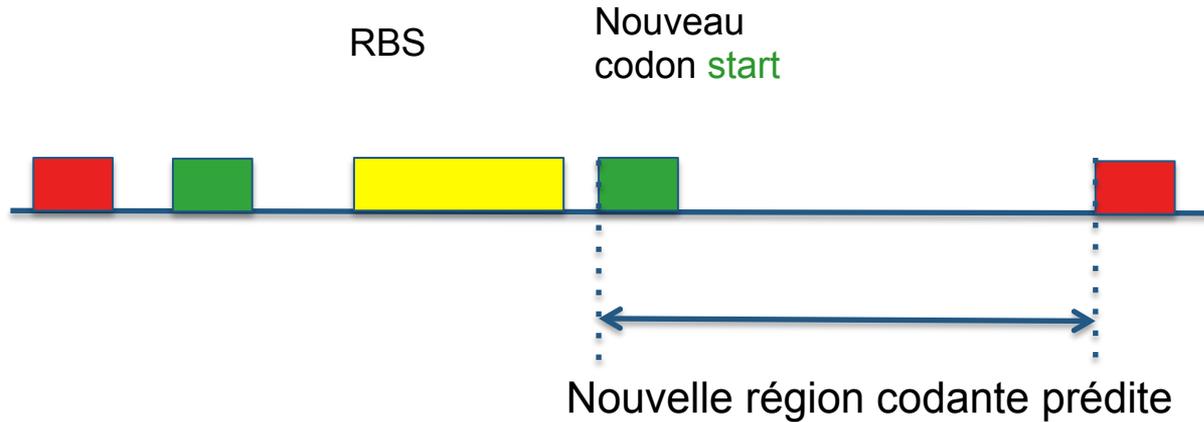
# Recherche des sites de fixation des ribosomes

- RBS: *Ribosome Binding Site*
- La position du codon **start** d'une région codante prédite peut être reconsidérée après qu'un RBS a été localisé



# Recherche des sites de fixation des ribosomes

- RBS: *Ribosome Binding Site*
- La position du codon **start** d'une région codante prédite peut être reconsidérée après qu'un RBS a été localisé



# Les motifs RBS sont hautement variables

- Le motif de RBS varie d'un organisme à l'autre
- **Au sein même d'un génome**, le motif n'est pas toujours conservé
  - Des algorithmes de recherche adaptés doivent être mis en oeuvre

...AUAAGGAGGUAAAUAUG→

...AUAAGGAAUAAAUAUG→

...AUAACAGAGGUAAAUAUG→

...AUAACAGGAGUAAAUAUG→

- **Certains gènes ne sont pas précédés d'un motif RBS**

# Illustrations & photos : crédits

p. 2 : National Human Genome Research Institute's Talking Glossary (<http://www.genome.gov/glossary/>).