

Cours M2 BIBS - Séance 1

Repliement *in silico* de l'ARN

Yann Ponty

Bioinformatics Team
École Polytechnique/CNRS/INRIA AMIB – France

6 Décembre 2010

1 Introduction

- Fonction(s) de l'ARN
- Repliement et structure
- Représentations de la structure secondaire

2 Formalisation du repliement et outils disponibles

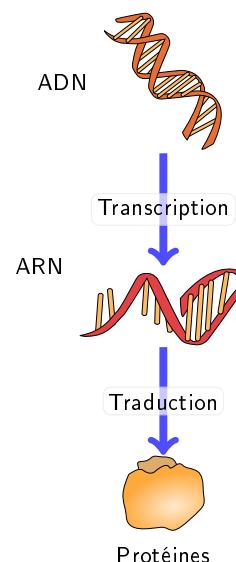
- Aparté thermodynamique
- Programmation dynamique : Rappels

3 Minimisation de l'énergie libre

- Modèle de Nussinov
- Modèle de Turner
- MFold/Unafold
- Performances et approches comparatives
- Vers une prédition ab-initio 3D

Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

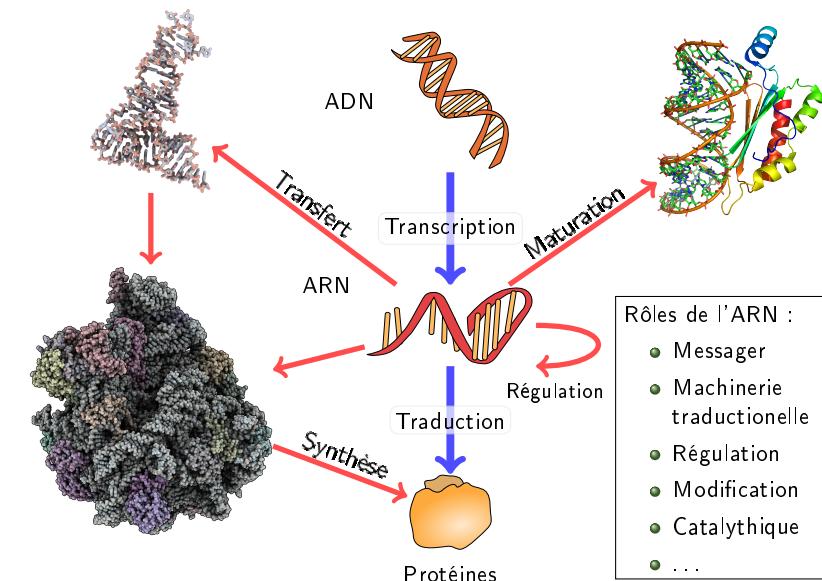
Dogme fondamental de la biologie moléculaire



Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

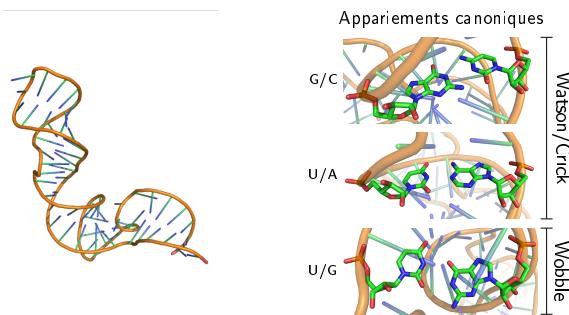
Dogme fondamental de la biologie moléculaire



Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Repliement de l'ARN

ARN = Biopolymère composé de nucléotides A,C,G et U
A : Adénosine, C : Cytosine, G : Guanine et U : Uracile



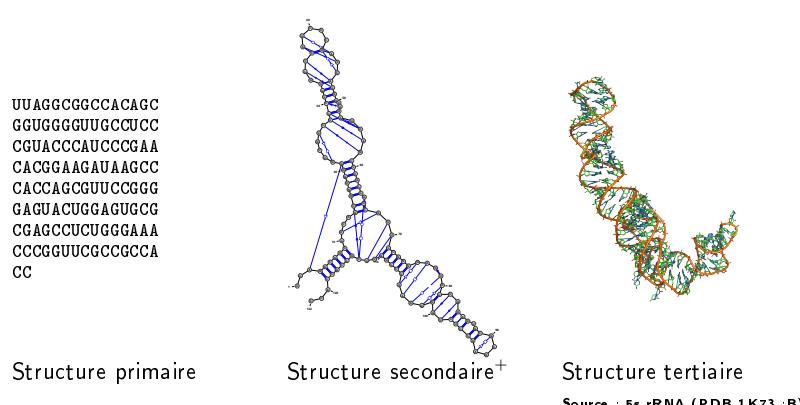
Repliement de l'ARN = Processus stochastique continu dirigé par (résultant en) un appariement des nucléotides.

Comprendre le repliement des ARN aide à comprendre et prédire leur fonction.

Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Structure de l'ARN

Trois¹ niveaux de représentation :



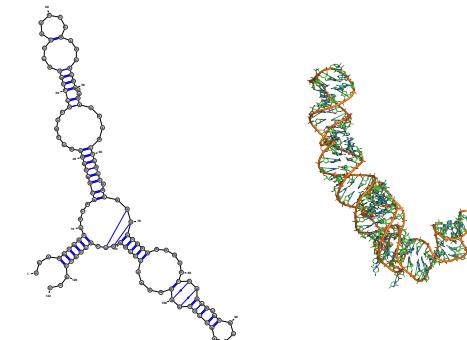
1. Enfin, presque ...

Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Structure de l'ARN

Trois¹ niveaux de représentation :

UUAGGGGGCCACAGC
GGUGGGGUUGCCUCC
CGUACCAUCGGAA
CACGGAAGAUAGCC
CACCAAGGGUUCGGG
GAGUACUGGAGUGCG
CGAGCCUCUCGGAA
CCCGGUUCGCCGCCA
CC



Structure primaire Structure secondaire Structure tertiaire
Source : 5s rRNA (PDB 1K73 :B)

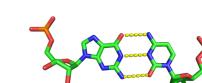
1. Enfin, presque ...

Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Ignorés par la structure secondaire

• Appariements non-canoniques

Toute paire de base autre que {(A-U), (C-G), (G-U)}
Ou interagissant sur un bord non-standard (WC/WC-Cis) [LW01].

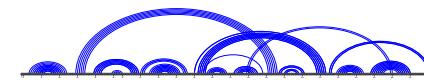


Paire CG canonique (WC/WC-Cis)



Paire CG non canonique (Sucré/WC-Trans)

• Pseudonoeuds



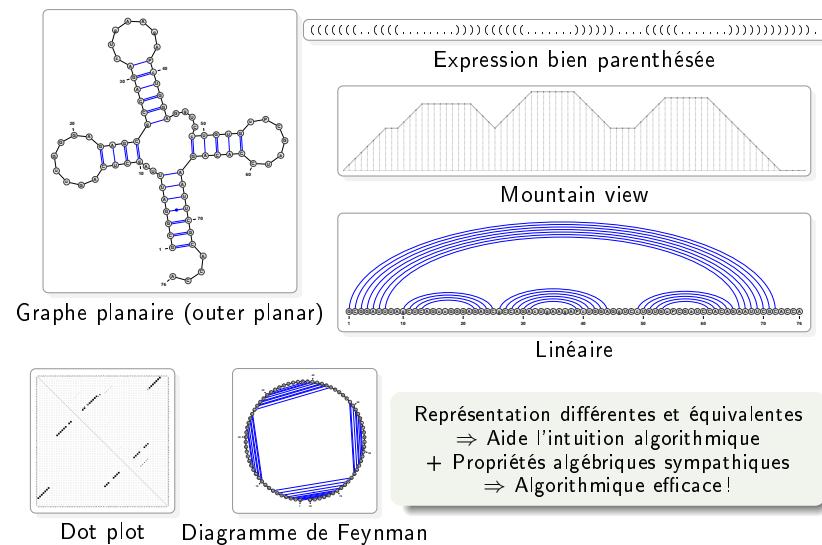
Structure pseudonoeud d'un Ribozyme du Groupe I (PDBID : 1Y0Q :A)

Plus expressif, mais repliement général *in silico* avec pseudonoeud :
⇒ NP-Complet [LP00] ... polynomial pour certaines classes [CDR⁺⁰⁴].

1. Enfin, presque ...

Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

**1 Introduction**

- Fonction(s) de l'ARN
- Repliement et structure
- Représentations de la structure secondaire

2 Formalisation du repliement et outils disponibles

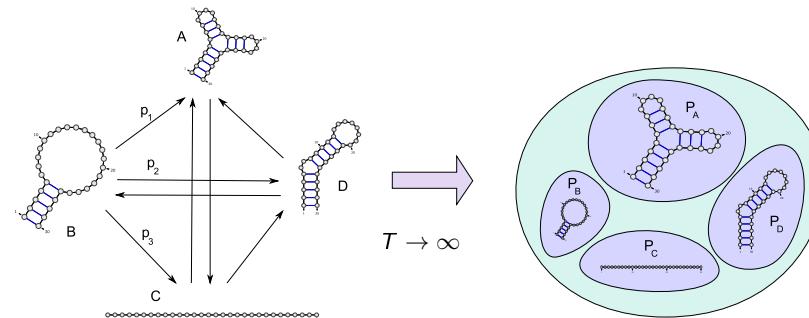
- Aparté thermodynamique
- Programmation dynamique : Rappels

3 Minimisation de l'énergie libre

- Modèle de Nussinov
- Modèle de Turner
- MFold/Unafold
- Performances et approches comparatives
- Vers une prédition ab-initio 3D

Aparté thermodynamique

A l'échelle nanoscopique, la structure de l'ARN *fluctue*.



Convergence vers une **distribution stationnaire** de probabilité, l'équilibre de **Boltzmann**, où la probabilité est exponentiellement faible sur l'énergie libre.
Corollaire : La conformation initiale est sans d'importance.

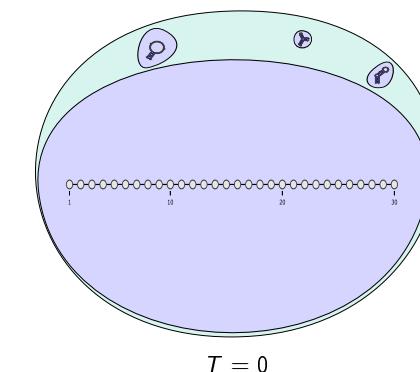
Problèmes soulevés :

Étant donnés des modèles pour l'**ensemble des conformations** et l'**énergie libre**.

- Déterminer la structure la plus probable (= Energie libre minimale) à l'équilibre
- Déterminer des propriétés moyennes de l'ensemble de Boltzmann

Hors de l'équilibre

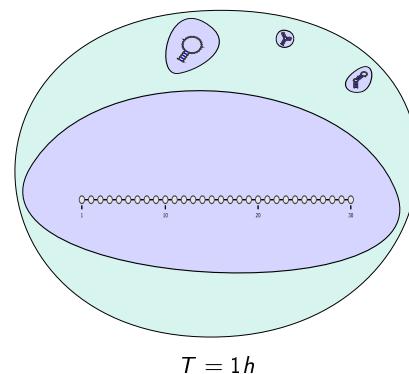
Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



$T = 0$

Hors de l'équilibre

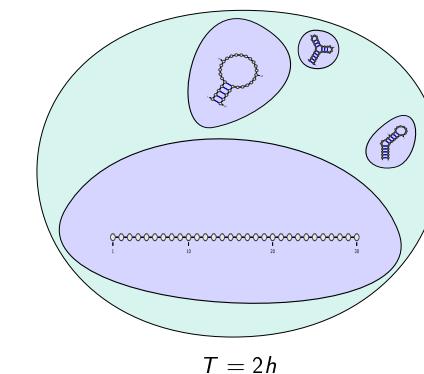
Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



$T = 1h$

Hors de l'équilibre

Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



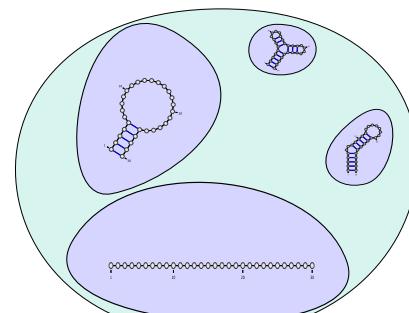
$T = 2h$

Yann Ponty

Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Hors de l'équilibre

Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



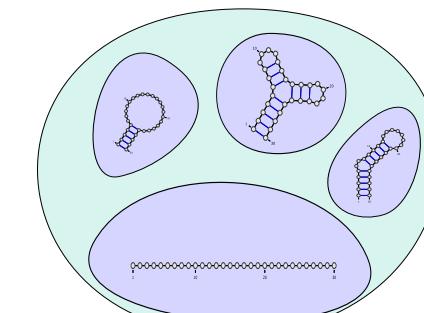
$T = 5h$

Yann Ponty

Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Hors de l'équilibre

Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



$T = 10h$

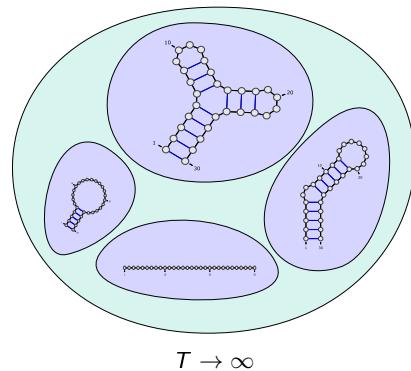
Yann Ponty

Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Yann Ponty

Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



Mais majorité des ARNm dégradés avant 7h (Org. : Souris [SSN⁺⁰⁹]).

Résumé

1 Introduction

- Fonction(s) de l'ARN
- Repliement et structure
- Représentations de la structure secondaire

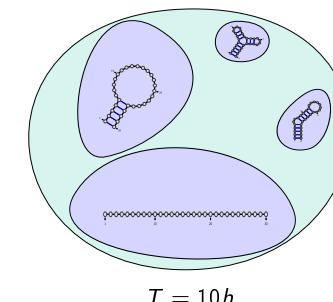
2 Formalisation du repliement et outils disponibles

- Aparté thermodynamique
- Programmation dynamique : Rappels

3 Minimisation de l'énergie libre

- Modèle de Nussinov
- Modèle de Turner
- MFold/Unafold
- Performances et approches comparatives
- Vers une prédiction ab-initio 3D

Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



Mais majorité des ARNm dégradés avant 7h (Org. : Souris [SSN⁺⁰⁹]).

- Déterminer la structure la plus probable (= Energie libre min.) à l'équilibre
- Déterminer des propriétés moyennes de l'ensemble de Boltzmann
- Déterminer la structure la plus probable à temps T .
(c.f. H. Isambert par simulation, NP-complet en déterministe [MTSC09])

Programmation dynamique : Principe général

Programmation dynamique = Technique générale pour l'optimisation.

Condition : Solution optimale pour P peut être reconstruite à partir de solutions pour des sous-problèmes strictes de P .

Bioinformatique :

Espaces de solutions *discrets* (alignements, repliements)

+ Fonctions Objectif *additives* (score, énergie)

⇒ Schémas de programmation dynamique souvent efficaces.

Exemple : Alignement local (Smith/Waterman)

$$\begin{aligned}
 & \text{Diagramme d'alignement local :} \\
 & \text{Deux séquences } i \text{ et } j \text{ sont alignées.} \\
 & \text{Les positions } i \text{ et } j \text{ sont marquées.} \\
 & \text{Les positions } n \text{ et } m \text{ sont marquées.} \\
 & \text{Les états possibles sont :} \\
 & \quad W(i, 0) = 0 \\
 & \quad W(0, j) = 0 \\
 & \quad W(i, j) = \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right.
 \end{aligned}$$

Détails algorithmiques

Un schéma fait intervenir des *classes* de sous-problèmes dont on sait calculer le score du *champion*.

Étant donné un schéma, deux étapes :

- **Calcul matrices** : Sauvegarde des meilleurs scores sur classes de sous-problèmes (Ordre inverse de celui induit par les dépendances).
- **Remontée** : Reconstitue le parcours ayant mené au meilleur score.
(Parcours = Instance)

Complexité du calcul dépend alors :

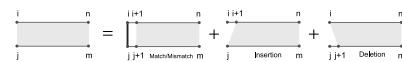
- Taille de l'espace des sous-problèmes
- Nombres de sous-problèmes considérés (#Termes décomposition)

Exemple S/W :

$$i : 1 \rightarrow n+1 \Rightarrow \Theta(n)$$

$$j : 1 \rightarrow m+1 \Rightarrow \Theta(m)$$

Trois opération pour chaque sous-calcu
 $\Rightarrow \Theta(m.n)$ temps/mémoire



Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA
 Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

	A	C	A	C	A	C	T	A
A	0	0	0	0	0	0	0	0
G	0							
C	0							
A	0							
C	0							
A	0							

Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

	A	C	A	C	A	C	T	A
0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0 → 2							
G	0							
C	0							
A	0							
C	0							
A	0							
C	0							
A	0							

Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

	A	C	A	C	A	C	T	A
0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0 → 2 → 1							
G	0							
C	0							
A	0							
C	0							
A	0							
C	0							
A	0							

Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

	A	C	A	C	A	C	T	A
A	0	2 → 1	1 → 2					
G	0							
C	0							
A	0							
C	0							
A	0							
C	0							
A	0							

Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

	A	C	A	C	A	C	T	A
A	0	2 → 1	2 → 1	2 → 1	2 → 1	2 → 1	2 → 1	2 → 1
G	0							
C	0							
A	0							
C	0							
A	0							
C	0							
A	0							

Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

	A	C	A	C	A	C	T	A
A	0	2 → 1	2 → 1	2 → 1	2 → 1	2 → 1	2 → 1	2 → 1
G	0							
C	0							
A	0							
C	0							
A	0							
C	0							
A	0							

Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

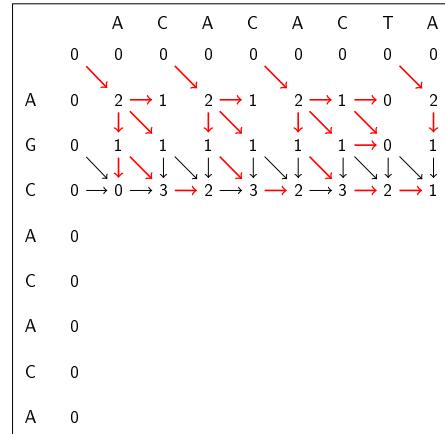
	A	C	A	C	A	C	T	A
A	0	2 → 1	2 → 1	2 → 1	2 → 1	2 → 1	2 → 1	2 → 1
G	0 → 1	1 → 1	1 → 1	1 → 1	1 → 1	1 → 1	1 → 1	1 → 1
C	0							
A	0							
C	0							
A	0							
C	0							
A	0							

Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACCA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

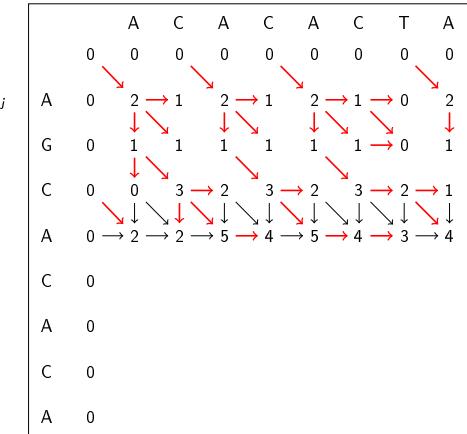


Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACCA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

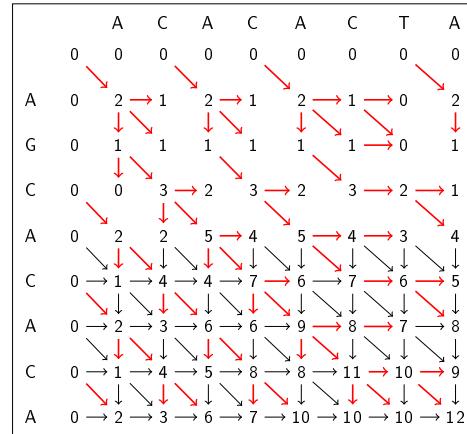


Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACCA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

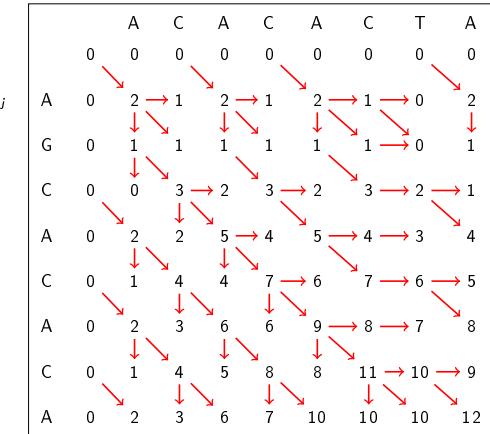


Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACCA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$



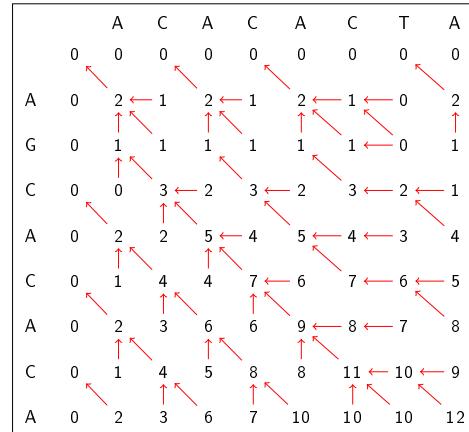
Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

Meilleur alignement



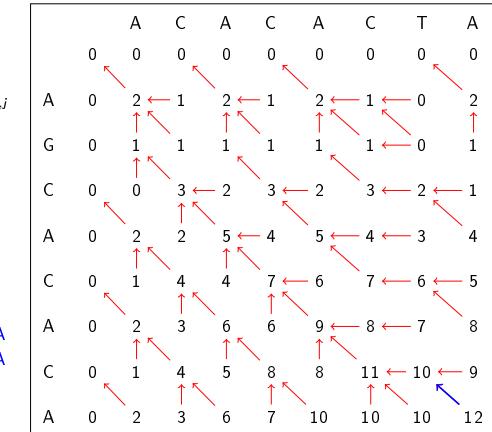
Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

Meilleur alignement



Exemple complet

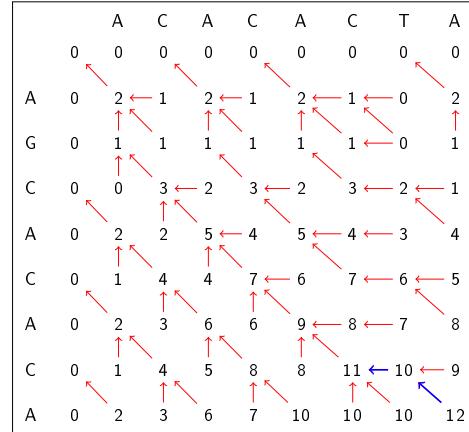
Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

Meilleur alignement

- A
T A



Exemple complet

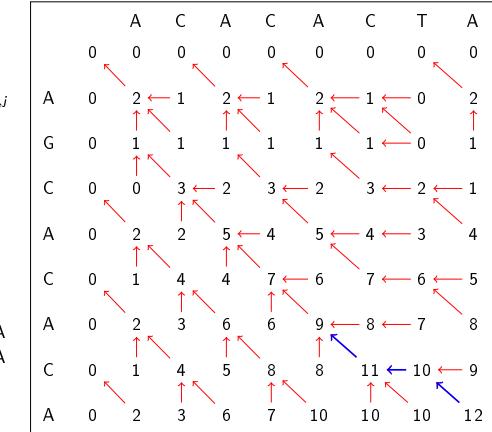
Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

Meilleur alignement

C - A
C T A



Exemple complet

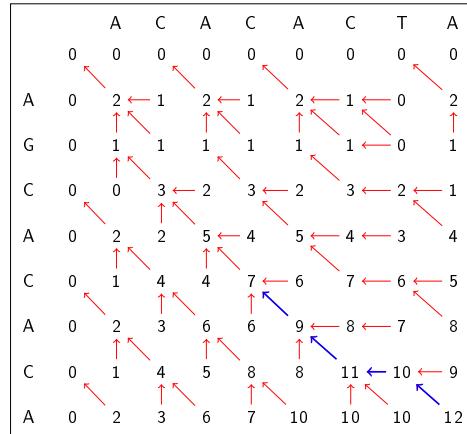
Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

Meilleur alignement

A C - A
A C T A



Exemple complet

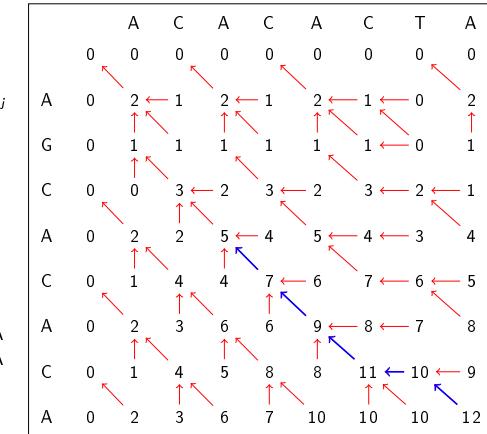
Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

Meilleur alignement

C A C - A
C A C T A



Exemple complet

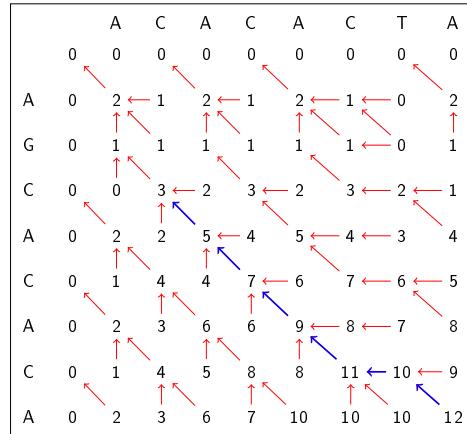
Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

Meilleur alignement

A C A C - A
A C A C T A



Exemple complet

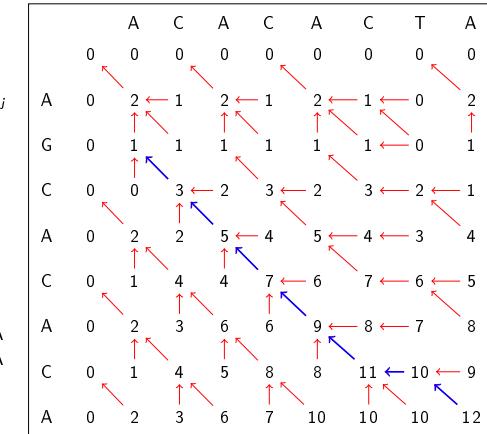
Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$\begin{aligned} W(i,0) &= 0 \\ W(0,j) &= 0 \\ W(i,j) &= \max \left\{ \begin{array}{l} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{array} \right. \end{aligned}$$

Meilleur alignement

C A C A C - A
C A C A C T A



Exemple complet

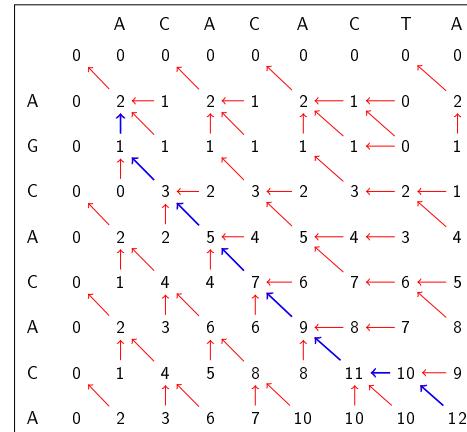
Exemple : Alignement local de séquences AGCACACCA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

$$W(i,0) = 0$$

$$W(0,j) = 0$$

$$W(i,j) = \max \begin{cases} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{cases}$$



Meilleur alignement

G C A C A C - A
- C A C A C T A

Exemple complet

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACCA et ACACACTA

Coûts : Match $m_{i,j} = +2$, Insertion/Déletion $p_i = p_j = -1$

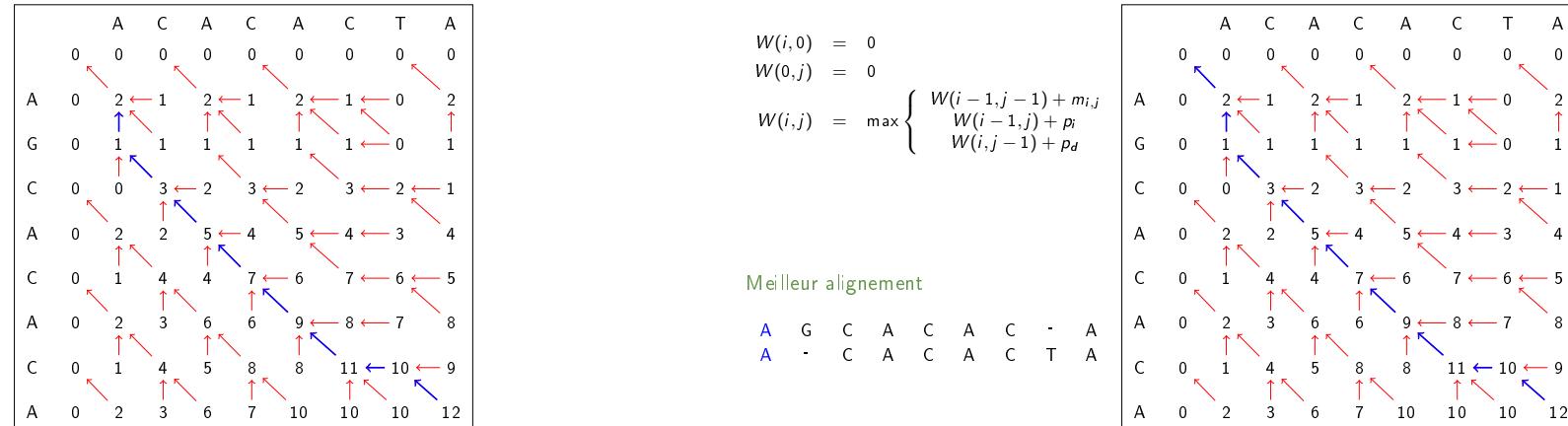
$$W(i,0) = 0$$

$$W(0,j) = 0$$

$$W(i,j) = \max \begin{cases} W(i-1, j-1) + m_{i,j} \\ W(i-1, j) + p_i \\ W(i, j-1) + p_d \end{cases}$$

Meilleur alignement

A G C A C A C - A
A - C A C A C T A



Propriétés des schémas

Propriétés requise d'un schéma :

- **Validité** : \forall sous-problème, la valeur obtenue doit être celle de la fonction objectif.

Preuve souvent assez technique.

Propriétés souhaitables d'un schéma :

- **Complétude** : Espace des solutions engendré par la décomposition.
Des astuces algorithmiques peuvent couper des branches...
- **Non-ambiguité** : Chaque solution est engendrée au plus une fois.

\Rightarrow Possibilité d'énumérer l'espace des solutions.

Résumé

1 Introduction

- Fonction(s) de l'ARN
- Repliement et structure
- Représentations de la structure secondaire

2 Formalisation du repliement et outils disponibles

- Aparté thermodynamique
- Programmation dynamique : Rappels

3 Minimisation de l'énergie libre

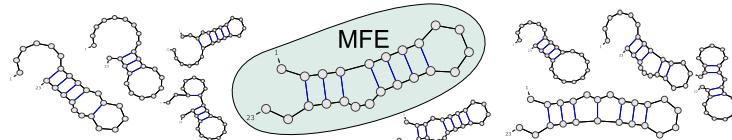
- Modèle de Nussinov
- Modèle de Turner
- MFold/Unafold
- Performances et approches comparatives
- Vers une prédition ab-initio 3D

Repliement par minimisation d'énergie

Problème A : Déterminer la structure d'énergie minimale.

Repliement ab initio =

Trouver structure d'un ARN ω uniquement à partir de sa séquence.



- Conformations : Ensemble S_ω des structures secondaires compatibles avec la structure primaire ω (contrainte d'appariements).
- Fonction d'énergie Énergie libre associant une valeur numérique $E_{\omega,S}$ ($\text{KCal} \cdot \text{mol}^{-1}$) à tout couple séquence/conformation (ω, S) .
- Structure native : Conformation fonctionnelle de la molécule.

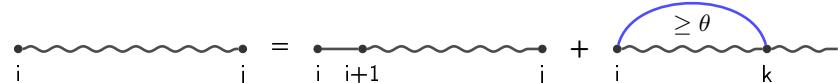
Remarques :

- Pas nécessairement unique (Cinétique ou structures bi-stables)
- Présence de pseudo-noeuds : Ambiguité, quelle est la structure native ?

Yann Ponty

Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Décomposition de Nussinov/Jacobson



$$N_{i,t} = 0, \quad \forall t \in [i, i + \theta]$$

$$N_{i,j} = \min \begin{cases} N_{i+1,j} & i \text{ non apparié} \\ \min_{k=i+\theta+1}^j E_{i,k} + N_{i+1,k-1} + N_{k+1,j} & i \text{ apparié à } k \end{cases}$$

Modèle de Nussinov/Jacobson

Modèle de Nussinov/Jacobson (NJ)

Plus proche voisins simple :

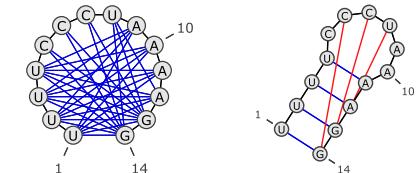
- Seuls les appariements contribuent à l'énergie
- Uniquement liaisons Watson/Crick (A/U,C/G) et Wobble (G/U)

$$\Rightarrow E_{\omega,S} = -\# \text{Paires}(S)$$

Repliement dans NJ \Leftrightarrow Maximisation du nombre de paires de bases.

Exemple :

UUUUUCCCUAAAAGG

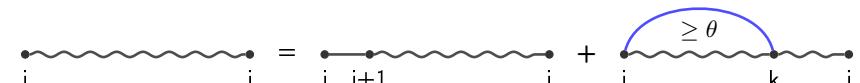


Variante : Pondérer les paires selon leur nombre de liaisons hydrogène
 $\Delta G(G \equiv C) = -3$ $\Delta G(A=U) = -2$ $\Delta G(G-U) = -1$

Yann Ponty

Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Décomposition de Nussinov/Jacobson



$$N_{i,t} = 0, \quad \forall t \in [i, i + \theta]$$

$$N_{i,j} = \min \begin{cases} N_{i+1,j} & i \text{ non apparié} \\ \min_{k=i+\theta+1}^j E_{i,k} + N_{i+1,k-1} + N_{k+1,j} & i \text{ apparié à } k \end{cases}$$

Correction : On cherche à montrer que l'énergie de la structure d'énergie la plus faible ($MFE_{1,n}$) est bien calculée dans $N_{1,n}$. Dans toute structure secondaire restreinte à $[i, j]$ la première position i est :

- Soit non-appariée : $MFE_{i,j}$ est constituée des appariements de $MFE_{i+1,j}$.
- Soit appariée à k : $MFE_{i,j}$ contient l'appariement (i, k) et l'union des appariements de $MFE_{i+1,k-1}$ et de $MFE_{k+1,j}$. En effet, tout appariement entre les régions $[i+1, k-1]$ et $[k+1, j]$ croiserait (i, k) (Pseudonoeud).

Yann Ponty

Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Yann Ponty

Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
.
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	0	2	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	10	10
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8	8	8	8
C	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	5	8	8	8	8	8	8
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	6	7	7	8	10	10
U	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7	7	7	8	10	10	10
C	0	0	0	0	0	3	3	3	5	3	3	5	5	5	5	8	8	8
U	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8	8	8
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	i	j	j	i	i+1	j	i	j	k	j	i	j	k	j	$\geq \theta$	0	0	0

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
.
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	2	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	10	10	10
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8	8	8
C	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	5	8	8	8	8	8
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	6	7	7	8	10	10
U	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7	7	8	10	10	10
C	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	8	8	8	8
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10	10	10
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	i	j	j	i	i+1	j	i	j	k	j	i	j	k	j	$\geq \theta$	0	0	0

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
.
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	6	7	9	11	11
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	2	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	10	10	10
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8	8	8
C	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	5	8	8	8	8	8
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	6	7	7	8	10	10
U	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7	7	8	10	10	10
C	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	8	8	8
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10	10	10
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	i	j	j	i	i+1	j	i	j	k	j	i	j	k	j	$\geq \theta$	0	0	0

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
.
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	0	2	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	10	10
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8	8	8
C	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	5	8	8	8	8	8
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	6	7	7	8	10	10
U	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7	7	8	10	10	10
C	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	8	8	8
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	10
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	i	j	j	i	i+1	j	i	j	k	j	i	j	k	j	$\geq \theta$	0	0	0

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(.)	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	11
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	0	2	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10		
U	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10			
A	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8				
C	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8					
U	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7						
U	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	7							
C	0	0	0	0	0	3	3	3	5	3	5	5						
U	0	0	0	0	0	2	2	2	2	4	5	7						
U	0	0	0	0	0	0	0	1	2									
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0									
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0									
A	i	j	j	i	i+1	j	j	+ i	k	j	j	j	$\geq \theta$	j				

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(.)	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	11
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	2	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10			
U	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	8	10				
A	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8				
C	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8					
U	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7						
U	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	7							
C	0	0	0	0	0	3	3	3	5	3	5	5						
U	0	0	0	0	0	2	2	2	2	4	5	7						
U	0	0	0	0	0	0	0	1	2									
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0									
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0									
A	i	j	j	i	i+1	j	j	+ i	k	j	j	j	$\geq \theta$	j				

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(.)	.		
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	11
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	2	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10			
U	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	8	10				
A	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8				
C	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8					
U	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7						
U	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	7							
C	0	0	0	0	0	3	3	3	5	3	5	5						
U	0	0	0	0	0	2	2	2	2	4	5	7						
U	0	0	0	0	0	0	0	1	2									
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0									
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0									
A	i	j	j	i	i+1	j	j	+ i	k	j	j	j	$\geq \theta$	j				

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(.)	.		
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	11
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	0	2	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10		
U	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	8	10				
A	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8				
C	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8					
U	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7						
U	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	7							
C	0	0	0	0	0	3	3	3	5	3	5	5						
U	0	0	0	0	0	2	2	2	2	4	5	7						
U	0	0	0	0	0	0	0	1	2									
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0									
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0									
A	i	j	j	i	i+1	j	j	+ i	k	j	j	j	$\geq \theta$	j				

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(.)	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	11
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	2	2	2	2	4	4	5	7	7	7	8	10		
U	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	7	8	10			
A	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8				
C	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8					
U	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7						
U	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7							
C	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5						
U	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	7	8	10			
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2						
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0						
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0						
A	i		=	i		+	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	11

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(.)	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	11
G	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	10	10
A	0	0	0	0	2	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10			
U	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	8	10				
A	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8			
C	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	5	8	8				
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7					
U	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7					
C	0	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5					
U	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10			
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	i		=	i		+	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	11

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(.)	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	11
G	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	10	10
A	0	0	0	0	2	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10			
U	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	8	10				
A	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8			
C	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8				
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7					
U	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7					
C	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5				
U	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10			
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	i		=	i		+	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	11

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(.)	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	11
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	10
A	0	0	0	0	2	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10			
U	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	8	10				
A	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8				
C	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8				
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7					
U	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7					
C	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5			
U	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10			
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	i		=	i		+	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	11

Nussinov/Jacobson

Nussinov/Jacobson

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(((.	.	.	.)))	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10		
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8			
C	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8					
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7					
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	7					
C	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5					
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10		
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	8	8	
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0				
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0				
A	i		j	=	i		j	+	i		k	j						
C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(((.	.	.	.)))	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10		
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8			
C	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8				
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7					
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	7					
C	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5					
U	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	8	8	
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	i		j	=	i		j	+	i		k	j						
C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(((.	.	.	.)))	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10		
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8			
C	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8				
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7					
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	7					
C	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5					
U	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	8	8	
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	i		j	=	i		j	+	i		k	j						
C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(((.	.	.	.)))	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	10		
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8			
C	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8				
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7					
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	7					
C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	5					
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	5	7	7	8	
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	8	8	
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	i		j	=	i		j	+	i		k	j						
C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(((.	.	.	.).))	.	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	7	8	10		
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8		
C	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	5	8	8	8	8		
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	6	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7	7	8	10	
C	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	3	5	5	5	5	5	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	3	
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	i	j	i	i+1	j	j	i	j	k	j	i	j	$\geq \theta$	i	j	j	i	

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(((.	.	.	.).))	.	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	7	8	10		
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8		
C	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	5	8	8			
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	6	7	7	8		
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7	7	8		
C	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	3	5	5	5	5	5	
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	3	
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	i	j	i	i+1	j	j	i	j	k	j	i	j	$\geq \theta$	i	j	j	i	

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(((.	.	.	.).))	.	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	7	8	10		
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8		
C	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	5	8	8			
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	6	7	7	8		
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	7	7	8			
C	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	3	5	5	5	5	5	
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	3	
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	i	j	i	i+1	j	j	i	j	k	j	i	j	$\geq \theta$	i	j	j	i	

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(((.	.	.	.).))	.	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	7	8	10		
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8		
C	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	3	5	5	5	5	5	
U	0	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	6	7	7		
U	0	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	7	7	8		
C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	3	5	5	5	5	
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	3	
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	i	j	i	i+1	j	j	i	j	k	j	i	j	$\geq \theta$	i	j	j	i	

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(((.	.	.	.)	.	(.	.	.	.)))	.	
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	5	6	8	10	10	10
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	7	8	10		
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8		
C	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	5	8	8				
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	6	7				
U	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7					
C	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	3	5	5	5				
U	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	2	2	2	3	5	5	7
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2		
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	i	j	i	i+1	j	j	i	j	k	j	=	i	j	j	+ $\geq \theta$	i	k	j

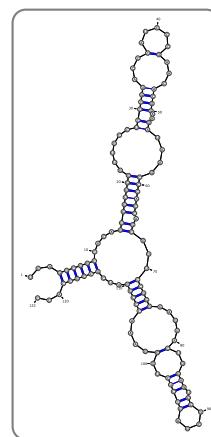
	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(((.	.	.	.)	.	(.	.	.)))	.		
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	5	6	8	10	10	10
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	7	8	10		
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8		
C	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	5	8	8			
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	6	7				
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7				
C	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	3	5	5				
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	2	3	5	5	2	3
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	i	j	i	i+1	j	j	i	j	k	j	=	i	j	j	+ $\geq \theta$	i	k	j

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(((.	.	.	.)	.	(.	.	.)))	.		
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	7	8	10		
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8		
C	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	5	8				
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	6	7				
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7				
C	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	3	5	5				
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	2	3	5	5	2	3
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	i	j	i	i+1	j	j	i	j	k	j	=	i	j	j	+ $\geq \theta$	i	k	j

	C	G	G	A	U	A	C	U	U	C	U	U	A	G	A	C	G	A
(((.	.	.	.)	.	(.	.	.)))	.		
C	0	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	9	9	11	14	14
G	0	0	0	0	0	3	4	4	6	6	6	6	7	9	11	11	11	
G	0	0	0	0	0	3	3	3	5	5	5	5	6	8	10	10	10	
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	7	7	8	10	
U	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4	5	7	7	7	8	10		
A	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	5	8	8		
C	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	5	8				
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	6	7				
U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	5	5	5	5	7				
C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	3	5				
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	2	3	5	5	2	3
U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	i	j	i	i+1	j	j	i	j	k	j	=	i	j	j	+ $\geq \theta$	i	k	j

Modèle de Turner

Basée sur décomposition non-ambiguë en boucles de la structure 2^{aire} :



Énergies libres ΔG des boucles dépendent des bases, assymétrie, bases *libres* (dangle) ...

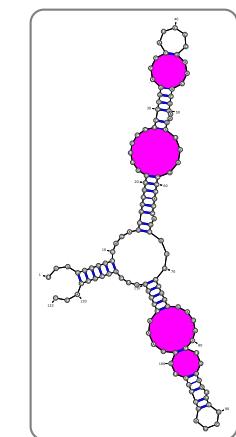
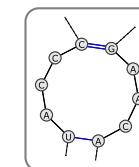
Déterminées expérimentalement
+ Interpolation pour grandes boucles.

Meilleure résultats grâce à la prise en compte de l'empilement.

Modèle de Turner

Basée sur décomposition non-ambiguë en boucles de la structure 2^{aire} :

- Boucles internes



Énergies libres ΔG des boucles dépendent des bases, assymétrie, bases *libres* (dangle) ...

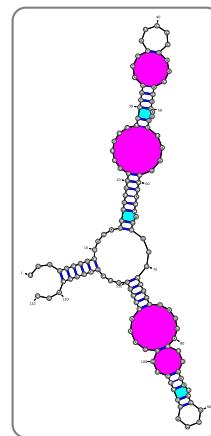
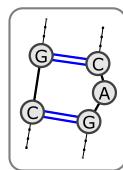
Déterminées expérimentalement
+ Interpolation pour grandes boucles.

Meilleure résultats grâce à la prise en compte de l'empilement.

Modèle de Turner

Basée sur décomposition non-ambiguë en boucles de la structure 2^{aire} :

- Boucles internes
- Renflements



Énergies libres ΔG des boucles dépendent des bases, assymétrie, bases *libres* (dangle) ...

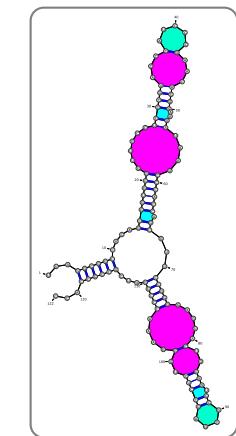
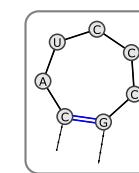
Déterminées expérimentalement
+ Interpolation pour grandes boucles.

Meilleure résultats grâce à la prise en compte de l'empilement.

Modèle de Turner

Basée sur décomposition non-ambiguë en boucles de la structure 2^{aire} :

- Boucles internes
- Renflements
- Boucles terminales



Énergies libres ΔG des boucles dépendent des bases, assymétrie, bases *libres* (dangle) ...

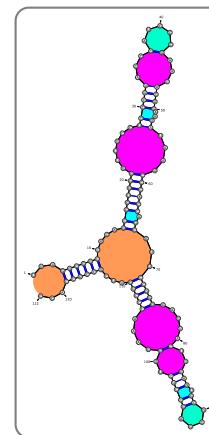
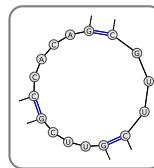
Déterminées expérimentalement
+ Interpolation pour grandes boucles.

Meilleure résultats grâce à la prise en compte de l'empilement.

Modèle de Turner

Basée sur décomposition non-ambiguë en boucles de la structure 2^{aire} :

- Boucles internes
- Renflements
- Boucles terminales
- Boucles multiples



Énergies libres ΔG des boucles dépendent des bases, assymétrie, bases *libres* (dangle) ...

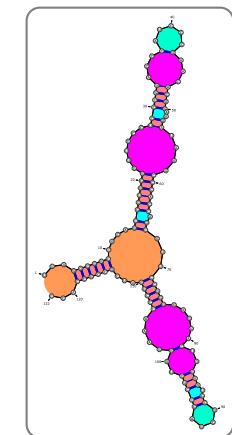
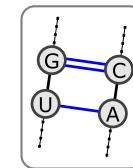
Déterminées expérimentalement
+ Interpolation pour grandes boucles.

Meilleure résultats grâce à la prise en compte de l'empilement.

Modèle de Turner

Basée sur décomposition non-ambiguë en boucles de la structure 2^{aire} :

- Boucles internes
- Renflements
- Boucles terminales
- Boucles multiples
- Empilements

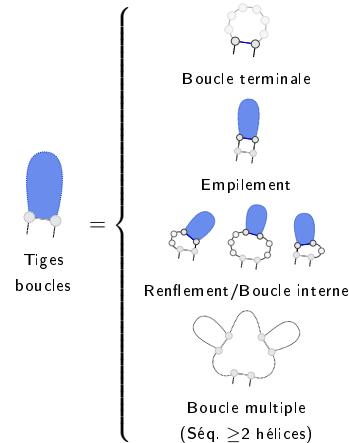


Énergies libres ΔG des boucles dépendent des bases, assymétrie, bases *libres* (dangle) ...

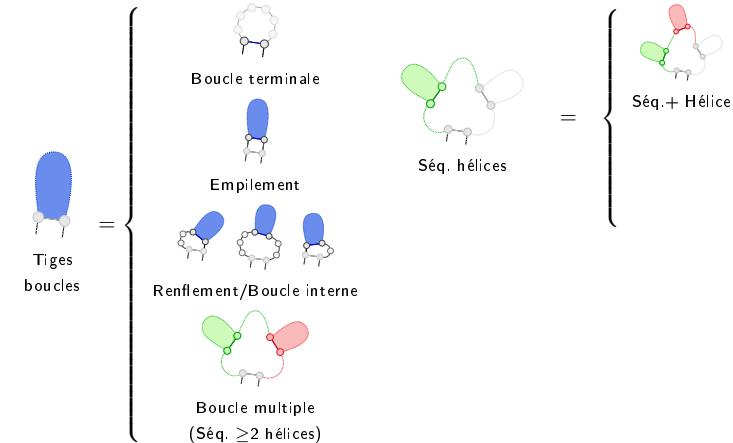
Déterminées expérimentalement
+ Interpolation pour grandes boucles.

Meilleure résultats grâce à la prise en compte de l'empilement.

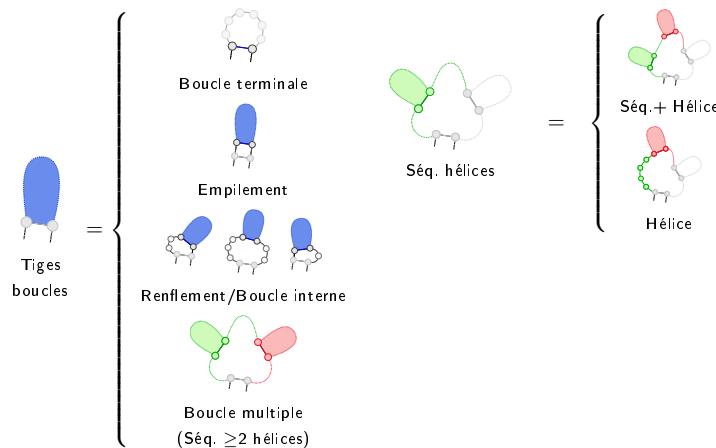
MFE DP equations



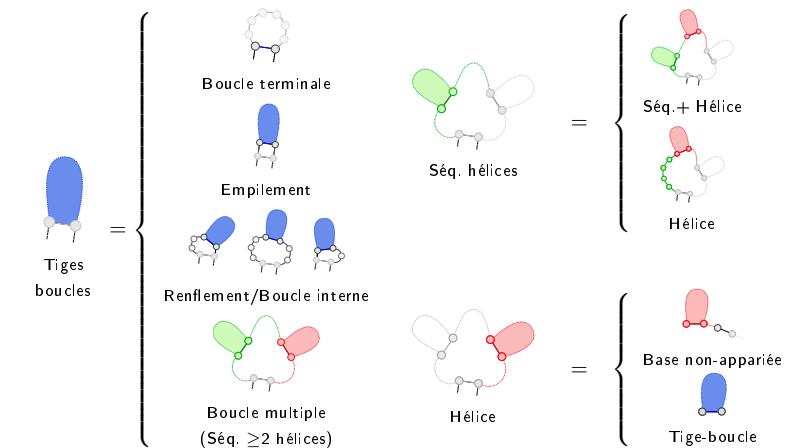
MFE DP equations



MFE DP equations



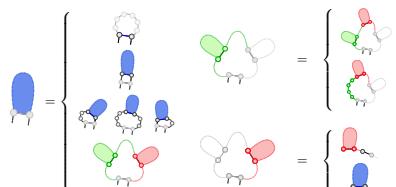
MFE DP equations



Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

MFold Unafold

- $E_H(i, j)$: Énergie de boucle terminale fermée par une paire (i, j)
- $E_{BI}(i, j)$: Énergie de renflement ou boucle interne fermée par une paire (i, j)
- $E_S(i, j)$: Énergie d'empilement $(i, j)/(i+1, j-1)$
- a, c, b : Pénalité de boucle multiple, hélice et non-appariées dans multiboucle.



Calcul des matrices

$$\begin{aligned} \mathcal{M}'_{i,j} &= \min \left\{ \begin{array}{l} E_H(i,j) \\ E_S(i,j) + \mathcal{M}'_{i+1,j-1} \\ \min_{i',j'} (E_{BI}(i,i',j') + \mathcal{M}'_{i',j'}) \\ a + c + \min_k (\mathcal{M}_{i+1,k-1} + \mathcal{M}^1_{k,j-1}) \end{array} \right\} \\ \mathcal{M}_{i,j} &= \min_k \{ \min (\mathcal{M}_{i,k-1}, b(k-1)) + \mathcal{M}^1_{k,j} \} \\ \mathcal{M}^1_{i,j} &= \min_k \{ b + \mathcal{M}^1_{i,j-1}, c + \mathcal{M}'_{i,j} \} \end{aligned}$$

Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Remontée (Backtracking)

Reconstruction de la structure d'énergie minimale :

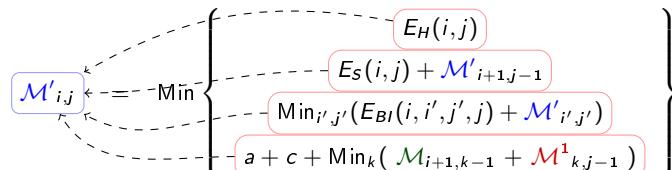
$$\begin{aligned} \mathcal{M}'_{i,j} &= \text{Min} \left\{ \begin{array}{l} E_H(i,j) \\ E_S(i,j) + \mathcal{M}'_{i+1,j-1} \\ \min_{i',j'} (E_{BI}(i,i',j') + \mathcal{M}'_{i',j'}) \\ a + c + \min_k (\mathcal{M}_{i+1,k-1} + \mathcal{M}^1_{k,j-1}) \end{array} \right\} \\ \mathcal{M}_{i,j} &= \min_k \{ \min (\mathcal{M}_{i,k-1}, b(k-1)) + \mathcal{M}^1_{k,j} \} \\ \mathcal{M}^1_{i,j} &= \min_k \{ b + \mathcal{M}^1_{i,j-1}, c + \mathcal{M}'_{i,j} \} \end{aligned}$$

2. Avec une astuce pour les bulges/boucles internes ...

Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Remontée (Backtracking)

Reconstruction de la structure d'énergie minimale :

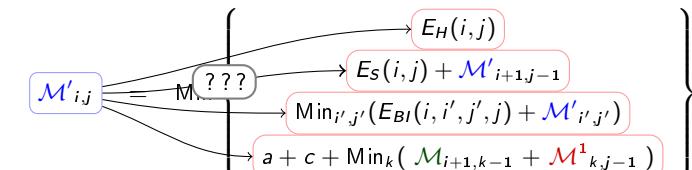


$$M_{i,j} = \text{Min}_k \{ \min(M_{i,k-1}, b(k-1)) + M^1_{k,j} \}$$

$$M^1_{i,j} = \text{Min}_k \{ b + M^1_{i,j-1}, c + M'_{i,j} \}$$

Remontée (Backtracking)

Reconstruction de la structure d'énergie minimale :



$$M_{i,j} = \text{Min}_k \{ \min(M_{i,k-1}, b(k-1)) + M^1_{k,j} \}$$

$$M^1_{i,j} = \text{Min}_k \{ b + M^1_{i,j-1}, c + M'_{i,j} \}$$

$\mathcal{O}(n)$ contributeurs potentiels au Min :

\Rightarrow Complexité au pire en $\mathcal{O}(n^2)$ pour un backtrack naïf.

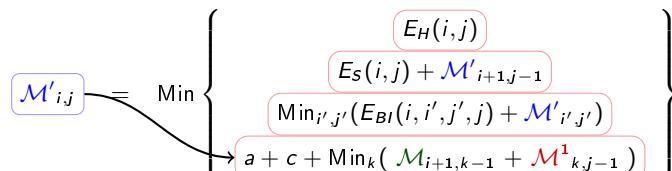
2. Avec une astuce pour les bulges/boucles internes ...

Yann Ponty

Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Remontée (Backtracking)

Reconstruction de la structure d'énergie minimale :



$$M_{i,j} = \text{Min}_k \{ \min(M_{i,k-1}, b(k-1)) + M^1_{k,j} \}$$

$$M^1_{i,j} = \text{Min}_k \{ b + M^1_{i,j-1}, c + M'_{i,j} \}$$

$\mathcal{O}(n)$ contributeurs potentiels au Min :

\Rightarrow Complexité au pire en $\mathcal{O}(n^2)$ pour un backtrack naïf.

Garder les meilleures contributions aux Min \Rightarrow Backtrack en $\mathcal{O}(n)$

Complexités temps/mémoire en $\mathcal{O}(n^3)/\mathcal{O}(n^2)$ pour le précalcul²

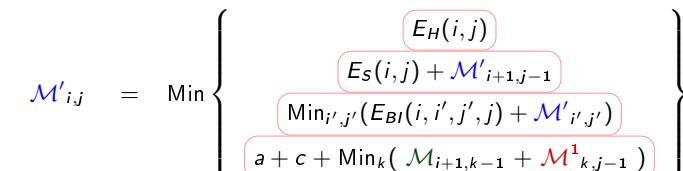
2. Avec une astuce pour les bulges/boucles internes ...

Yann Ponty

Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Remontée (Backtracking)

Reconstruction de la structure d'énergie minimale :



$$M_{i,j} \leftarrow \text{Min}_k \{ \min(M_{i,k-1}, b(k-1)) + M^1_{k,j} \}$$

$$M^1_{i,j} \leftarrow \text{Min}_k \{ b + M^1_{i,j-1}, c + M'_{i,j} \}$$

$\mathcal{O}(n)$ contributeurs potentiels au Min :

\Rightarrow Complexité au pire en $\mathcal{O}(n^2)$ pour un backtrack naïf.

Garder les meilleures contributions aux Min \Rightarrow Backtrack en $\mathcal{O}(n)$

Complexités temps/mémoire en $\mathcal{O}(n^3)/\mathcal{O}(n^2)$ pour le précalcul²

\Rightarrow UnaFold [MZ08] calcule la structure secondaire d'énergie minimale.

2. Avec une astuce pour les bulges/boucles internes ...

Yann Ponty

Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

2. Avec une astuce pour les bulges/boucles internes ...

Yann Ponty

Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Deux approches

Definition (Repliement ab initio)

Partant de la séquence, trouver la conformation minimisant une fonction d'énergie.

Avantages :

- Explication mécanique
- Complexité raisonnable $\mathcal{O}(n^3)/\mathcal{O}(n^2)$ temps/mémoire
- Exploration exhaustive

Limites :

- Pas de cinétique
- Pas d'info évolutive
- Performances limitées

Definition (Approche comparative)

Partant de plusieurs séquences homologues ou d'un alignement, trouver une conformation de score (énergie+alignement) élevé.

Avantages :

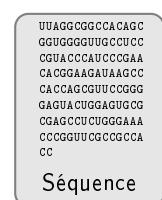
- Meilleures performances
- Affinement permanent

Limites :

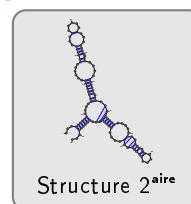
- Complexité élevée
- Exploration non-exhaustive

Performances

Performances

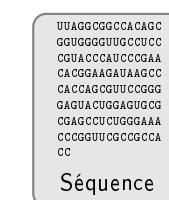


Taille
<700 Sens.
70-73%
[?, DCCG04]
16s,23s ~50%
MCC~ 0.5 [GG04]
Thermodynamique



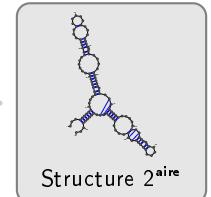
$$\text{Rappel : } MCC = \frac{t^+ t^- - f^+ f^-}{\sqrt{(t^+ + f^+)(t^+ + f^-)(t^- + f^+)(t^- + f^-)}}$$

Performances



Taille
<700 Sens.
70-73%
[?, DCCG04]
16s,23s ~50%
MCC~ 0.5 [GG04]
Thermodynamique

Sens. ~75% Spé. ~75% MCC. 0.8
Comparative [GG04]



$$\text{Rappel : } MCC = \frac{t^+ t^- - f^+ f^-}{\sqrt{(t^+ + f^+)(t^+ + f^-)(t^- + f^+)(t^- + f^-)}}$$

Futur (proche) : Vers une prédition 3D

But : De la séquence à des modèles tri-dimensionnels !!!

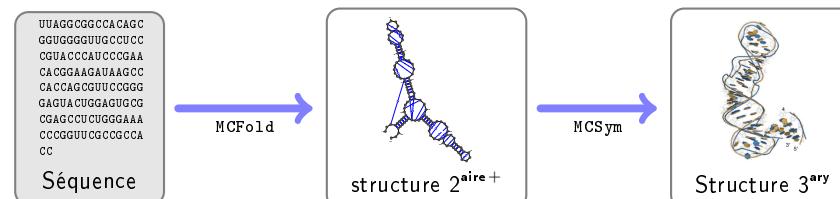


Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Futur (proche) : Vers une prédition 3D

But : De la séquence à des modèles tri-dimensionnels !!!

- Pipeline MC-Fold/MC-sym [PM08]

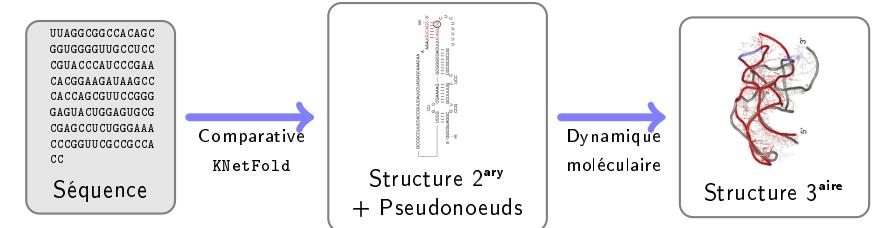


Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

Futur (proche) : Vers une prédition 3D

But : De la séquence à des modèles tri-dimensionnels !!!

- Models comparatifs + Dynamique moléculaires : RNA2D3D [SYKB07]



Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

References |

- A. Condon, B. Davy, B. Rastegari, S. Zhao, and F. Tarrant. *Classifying RNA pseudoknotted structures.* *Theoretical Computer Science*, 320(1) :35–50, 2004.
- K. Doshi, J. J. Cannone, C. Cobough, and R. R. Gutell. *Evaluation of the suitability of free-energy minimization using nearest-neighbor energy parameters for rna secondary structure prediction.* *BMC Bioinformatics*, 5(1) :105, 2004.
- P. Gardner and R. Giegerich. *A comprehensive comparison of comparative rna structure prediction approaches.* *BMC Bioinformatics*, 5(1) :140, 2004.
- R. B. Lyngsø and C. N. S. Pedersen. *RNA pseudoknot prediction in energy-based models.* *Journal of Computational Biology*, 7(3-4) :409–427, 2000.
- N. Leontis and E. Westhof. *Geometric nomenclature and classification of RNA base pairs.* *RNA*, 7 :499–512, 2001.
- Ján Maňuch, Chris Thachuk, Ladislav Stacho, and Anne Condon. *Np-completeness of the direct energy barrier problem without pseudoknots.* pages 106–115, 2009.
- N. R. Markham and M. Zuker. *Bioinformatics*, chapter UNAFold, pages 3–31. Springer, 2008.
- M. Parisien and F. Major. *The MC-Fold and MC-Sym pipeline infers RNA structure from sequence data.* *Nature*, 452(7183) :51–55, 2008.

Yann Ponty | Cours M2 BIBS - Séance 1 - Repliement de l'ARN

-  Lioudmila V Sharova, Alexei A Sharov, Timur Nedorezov, Yulan Piao, Nabeebi Shaik, and Minoru S H Ko.
Database for mrna half-life of 19 977 genes obtained by dna microarray analysis of pluripotent and differentiating mouse embryonic stem cells.
DNA Res., 16(1) :45–58, Feb 2009.
-  B. A. Shapiro, Y. G. Yingling, W. Kasprzak, and E. Bindewald.
Bridging the gap in rna structure prediction.
Curr Opin Struct Biol., 17(2) :157–165, Apr 2007.

Exercice : Parsing/repliement des structures secondaires en Python