

# Cours M2 BIM - Séance 1

## Repliement *in silico* de l'ARN

Yann Ponty

Bioinformatics Team  
École Polytechnique/CNRS/INRIA AMIB – France

<http://www.lix.polytechnique.fr/~ponty/index.php?page=bim2012>

6 Février 2012

...ou comment gagner 1 million de dollars en rendant la monnaie !!

**Problème** : Vous disposez de pièces de **1**, **20** et **50** centimes. Le client souhaite minimiser la monnaie reçue (en nombre de pièces).

Comment rendre **N** en monnaie sans perdre un client ?

**Stratégie 1** : Commencer par les *grosses* pièces puis compléter avec les *petites*.

$$21 = ??$$

. . . ou comment gagner 1 million de dollars en rendant la monnaie !!

**Problème** : Vous disposez de pièces de **1**, **20** et **50** centimes. Le client souhaite minimiser la monnaie reçue (en nombre de pièces).

Comment rendre **N** en monnaie sans perdre un client ?

**Stratégie 1** : Commencer par les *grosses* pièces puis compléter avec les *petites*.

$$21 = \text{€20} + \text{€1}$$

55??

...ou comment gagner 1 million de dollars en rendant la monnaie!!

**Problème** : Vous disposez de pièces de **1**, **20** et **50** centimes. Le client souhaite minimiser la monnaie reçue (en nombre de pièces).

Comment rendre **N** en monnaie sans perdre un client ?

**Stratégie 1** : Commencer par les *grosses* pièces puis compléter avec les *petites*.

$$21 = \text{€20} + \text{€1}$$

$$55 = \text{€50} + \text{€5} + \text{€5} + \text{€5} + \text{€5} + \text{€5}$$

60??

...ou comment gagner 1 million de dollars en rendant la monnaie !!

**Problème** : Vous disposez de pièces de **1**, **20** et **50** centimes. Le client souhaite minimiser la monnaie reçue (en nombre de pièces).

Comment rendre **N** en monnaie sans perdre un client ?

**Stratégie 1** : Commencer par les *grosses* pièces puis compléter avec les *petites*.

$$21 = \text{€}20 + \text{€}1$$

$$55 = \text{€}50 + \text{€}1 + \text{€}1 + \text{€}1 + \text{€}1 + \text{€}1 + \text{€}1$$

$$60 = \text{€}50 + \text{€}1 ??$$

...ou comment gagner 1 million de dollars en rendant la monnaie !!

**Problème** : Vous disposez de pièces de **1**, **20** et **50** centimes. Le client souhaite minimiser la monnaie reçue (en nombre de pièces).

Comment rendre **N** en monnaie sans perdre un client ?

**Stratégie 1** : Commencer par les *grosses* pièces puis compléter avec les *petites*.

$$21 = \text{€}20 + \text{€}1$$

$$55 = \text{€}50 + \text{€}1 + \text{€}1 + \text{€}1 + \text{€}1 + \text{€}1 + \text{€}1$$

$$60 = \text{€}50 + \text{€}1 ??$$

$$= \text{€}20 + \text{€}20 + \text{€}20 !$$

Problème *a priori* (?!) non-résolvable en général par une approche *gloutonne* car problème plus simple NP-complet (Existe t il même une façon efficace de rendre la monnaie ?  $\Rightarrow$  1M\$).

**Stratégie 2** : Il existe une récurrence donnant le nombre minimal de pièce :

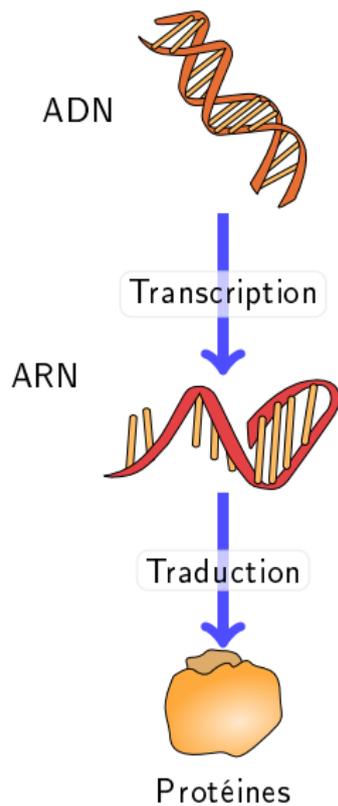
$$NbPieces(N) = \text{Min} \begin{cases} \text{€1} & \rightarrow 1 + NbPieces(N - 1) \\ \text{€20} & \rightarrow 1 + NbPieces(N - 20) \\ \text{€50} & \rightarrow 1 + NbPieces(N - 50) \end{cases}$$

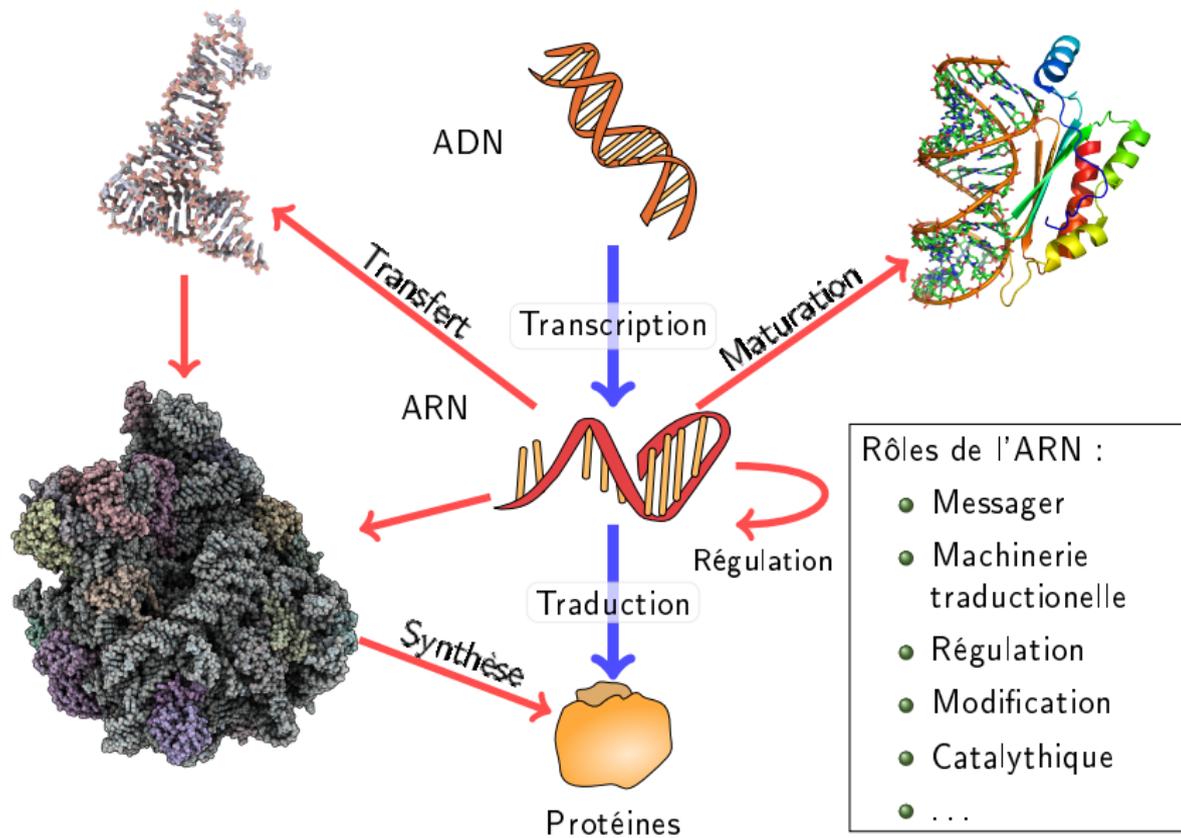
Avec un peu de mémoire ( $N$  résultats intermédiaires/cas à retenir), on peut alors répondre après  $N \times \#Pièces$  calculs.

**Remarque** : On n'a pas gagné le million, car  $N$  a une valeur **exponentielle sur son codage**. Cet algorithme est donc en temps **exponentiel** au regard de la théorie de la complexité.

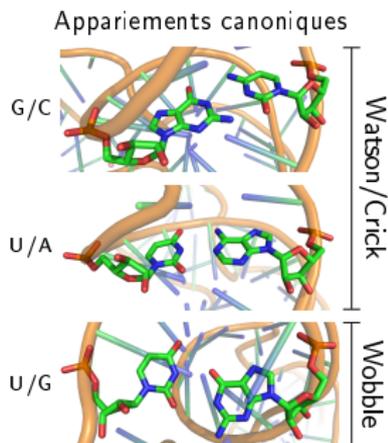
Mais on a **optimisé, en évitant un parcours exhaustif** de l'arbre des possibles :  
 $\Rightarrow$  Programmation dynamique.

- 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





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



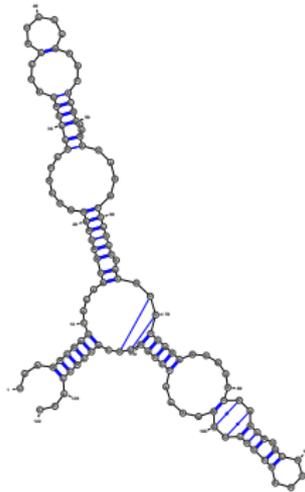
Repliement de l'ARN = Processus stochastique continu dirigé par (résultant en) un appariement des nucléotides.

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

Trois<sup>1</sup> niveaux de représentation :

```
UUAGCGGCCACAGC
GGUGGGGUUGCCUCC
CGUACCCAUCCCGAA
CACGGAAGUAAGCC
CACCAGCGUCCGGG
GAGUACUGGAGUGCG
CGAGCCUCUGGGAAA
CCCGGUUCGCCGCCA
CC
```

Structure primaire



Structure secondaire



Structure tertiaire

Source : 5s rRNA (PDB 1K73 :B)

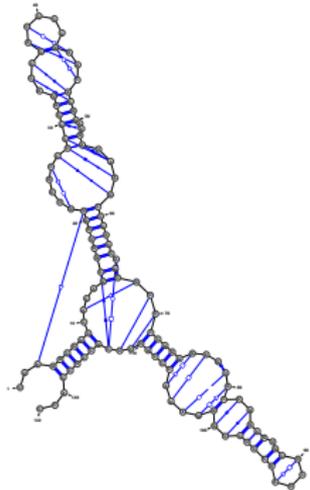
---

1. Enfin, presque ...

Trois<sup>1</sup> niveaux de représentation :

```
UUAGCGGCCACAGC
GGUGGGGUUGCCUCC
CGUACCCAUCCGAA
CACGGAAGUAAGCC
CACCAGCGUCCGGG
GAGUACUGGAGUGCG
CGAGCCUCUGGGAAA
CCCGGUUCGCCGCCA
CC
```

Structure primaire



Structure secondaire<sup>+</sup>



Structure tertiaire

Source : 5s rRNA (PDB 1K73 :B)

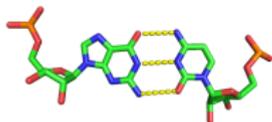
---

1. Enfin, presque ...

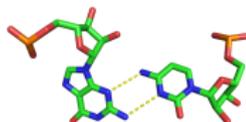
- Appariements non-canoniques

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 (Sucre/WC-Trans)

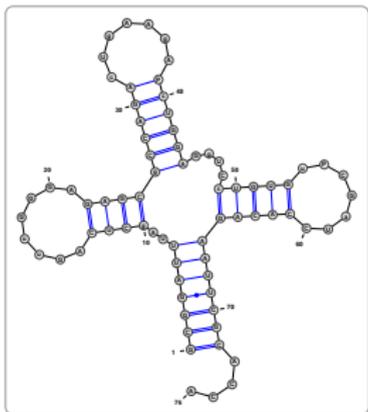
- Pseudonoeuds



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

Plus expressif, mais repliement général *in silico* avec pseudonoeud :

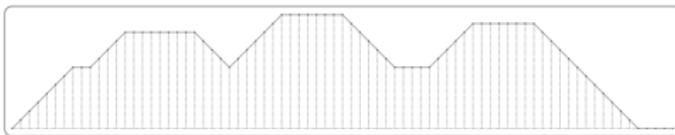
⇒ NP-Complexe [LP00] ... polynomial pour certaines classes [CDR<sup>+</sup>04].



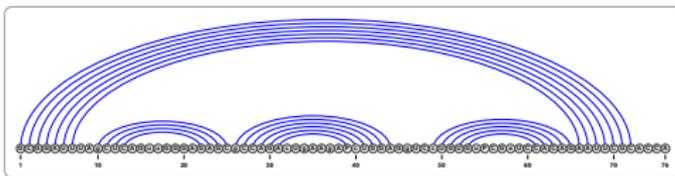
Graphe planaire (outer planar)

(((((((.....))))))((((.....)))).....((((.....)))))).....

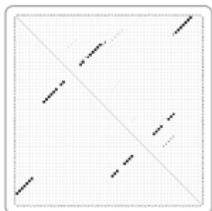
Expression bien parenthésée



Mountain view



Linéaire



Dot plot

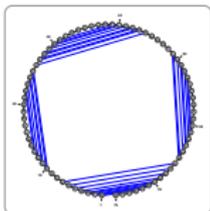
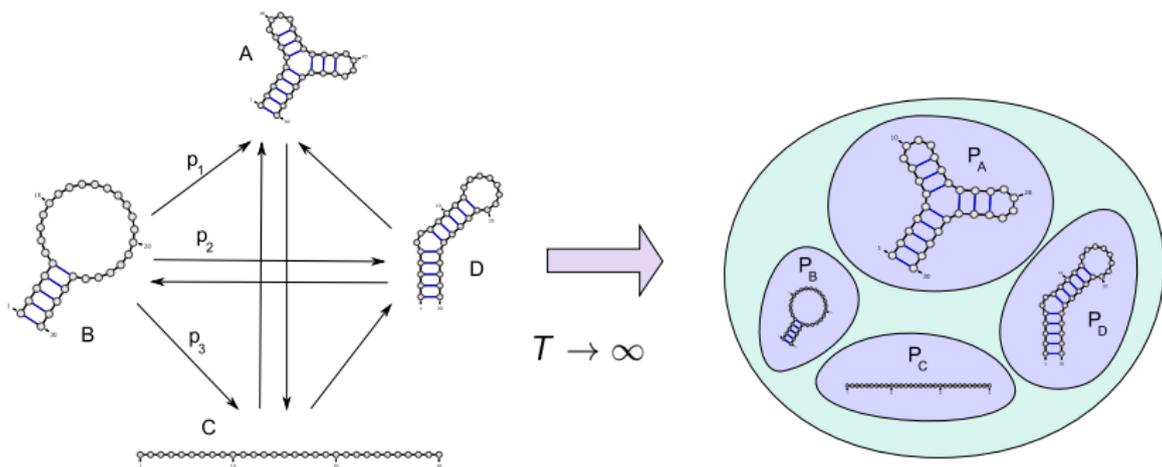


Diagramme de Feynman

Représentation différentes et équivalentes  
⇒ Aide l'intuition algorithmique  
+ Propriétés algébriques sympathiques  
⇒ Algorithmique efficace !

- 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

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.

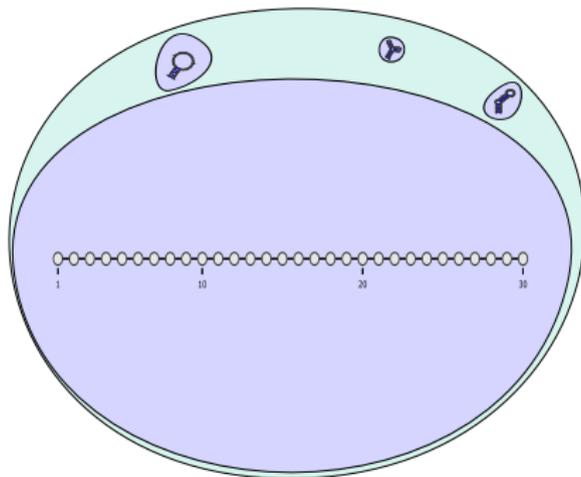
**Corollaire** : La conformation initiale est sans d'importance.

**Problèmes soulevés** :

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

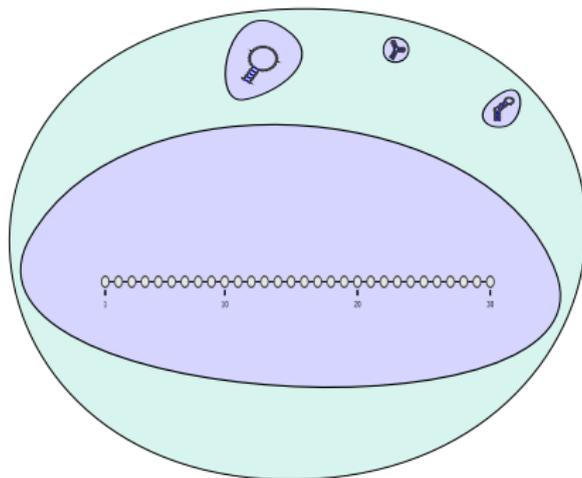
- Déterminer la structure la plus probable (= Energie libre minimale) à l'équilibre
- Déterminer des propriétés moyennes de l'ensemble de Boltzmann

Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



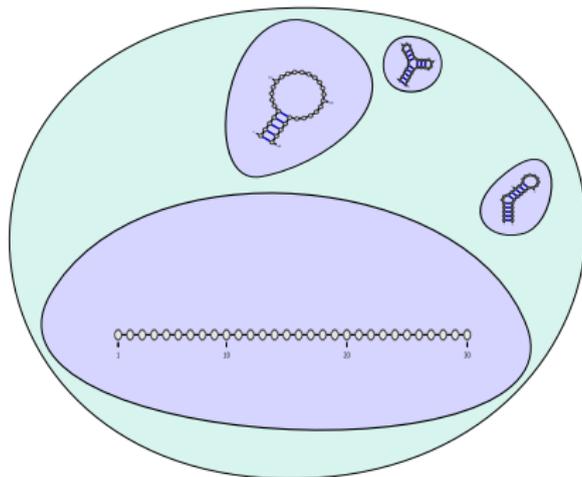
$T = 0$

Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



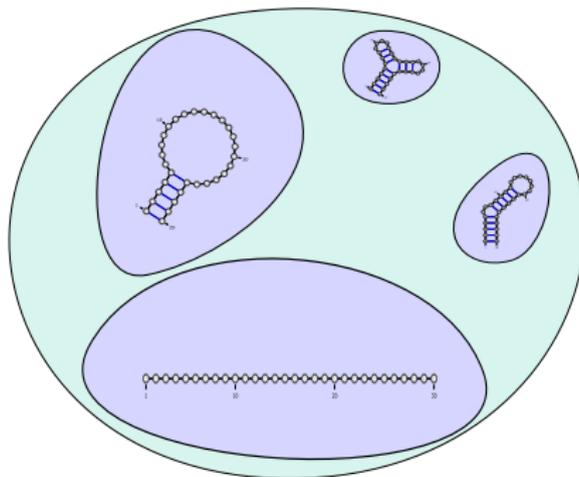
$T = 1h$

Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



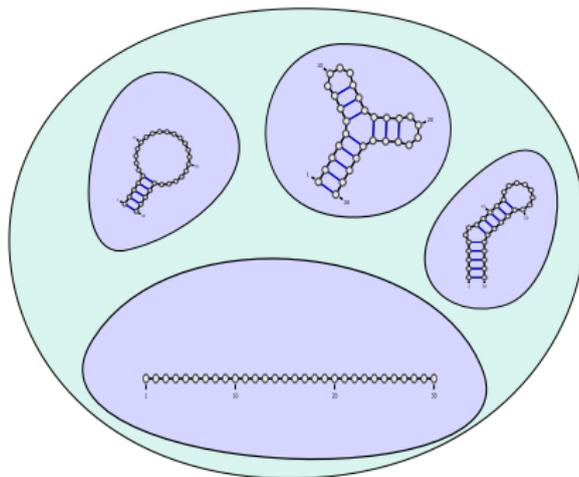
$$T = 2h$$

Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



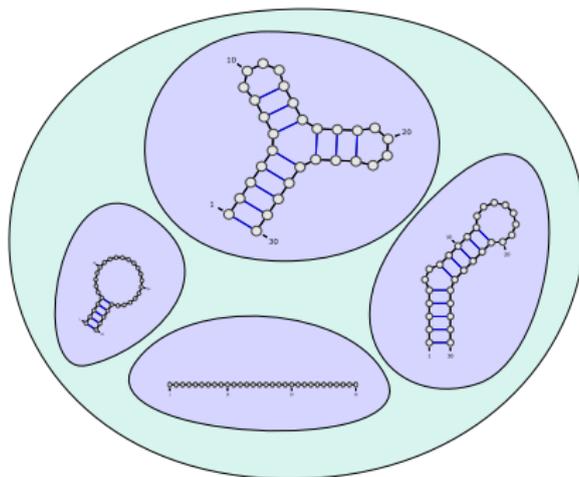
$$T = 5h$$

Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



$$T = 10h$$

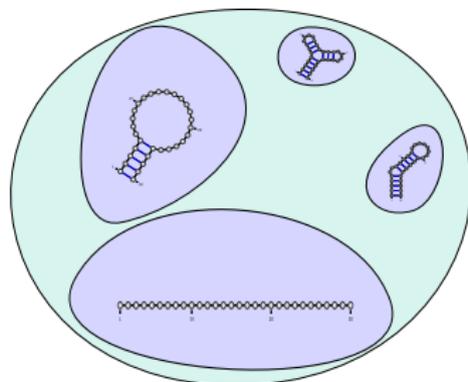
Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



$$T \rightarrow \infty$$

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

Transcription : ARN synthétisé sans appariement (Sauf exception)



$T = 10h$

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

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

- 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

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  $P$ .

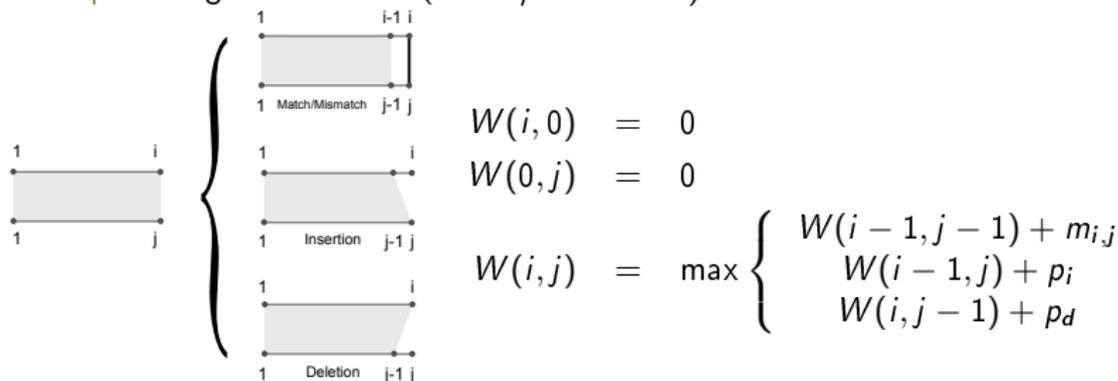
Bioinformatique :

Espace de solutions *discret* (alignements, repliements)

+ Fonction objectif *additive* (score, énergie)

⇒ Schéma de programmation dynamique efficace.

Exemple : Alignement local (Smith/Waterman)



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)

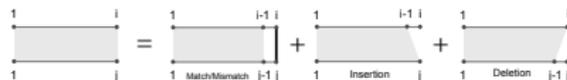
Exemple S/W :

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

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

Trois opération pour chaque sous-calcul

$\Rightarrow \Theta(m.n)$  temps/mémoire



Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

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

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

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

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

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

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

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

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

	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 : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

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

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

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

		A	C	A	C	A	C	T	A
0	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								

Diagram illustrating the dynamic programming table for local sequence alignment. The table shows the alignment of the sequences AGCACACA and ACACACTA. The value 2 is highlighted in the cell (A, C), indicating a match. Red arrows point from the 2 to the 1 in the same row, and from the 1 to the 0 in the row below, showing the path of the alignment.

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

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

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

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

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

Diagram illustrating the dynamic programming table for local sequence alignment. The table shows the alignment of the sequences AGCACACA and ACACACTA. The values in the table represent the maximum score for the alignment up to that point. Red arrows indicate the path of the optimal alignment: from (0,0) to (1,2) (A-C), then to (2,3) (G-C), and finally to (3,4) (A-A).

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

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

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

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

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

Diagram illustrating the dynamic programming table for local sequence alignment. The table shows the maximum score  $W(i, j)$  for aligning the prefix of sequence 1 (rows) with the prefix of sequence 2 (columns). Red arrows indicate the path of the optimal alignment: A (row 1) aligns with A (col 2), C (row 1) aligns with C (col 3), A (row 1) aligns with A (col 4), and C (row 1) aligns with C (col 5). A grey arrow points from the cell (1,5) to (1,4), and a vertical arrow points from (1,5) to (1,6).

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

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

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

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

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

Red arrows indicate the path of the dynamic programming algorithm: (0,0) to (1,1), (1,1) to (1,2), (1,2) to (1,3), (1,3) to (1,4), (1,4) to (1,5), (1,5) to (1,6), (1,6) to (1,7), (1,7) to (1,8), (1,8) to (1,9).

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

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

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

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

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

Red arrows in the original image indicate the path of the optimal alignment: (0,0) to (1,1) to (2,2) to (3,3) to (4,4) to (5,5) to (6,6) to (7,7) to (8,8) to (9,9).

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

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

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

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

		A	C	A	C	A	C	T	A
	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	2	1	2	1	2	1	0	2
G	0	1	1	1	1	1	1	0	1
C	0	0	3	2	3	2	3	2	1
A	0								
C	0								
A	0								
C	0								
A	0								

Diagram illustrating the dynamic programming table for local sequence alignment. The table shows the maximum score  $W(i, j)$  for aligning the prefix of sequence 1 (AGCACACA) of length  $i$  with the prefix of sequence 2 (ACACACTA) of length  $j$ . Red arrows indicate the path of the optimal alignment, showing matches (AGCACACA) and a gap (T) in the second sequence.

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

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

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

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

		A	C	A	C	A	C	T	A
	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	2	1	2	1	2	1	0	2
G	0	1	1	1	1	1	1	0	1
C	0	0	3	2	3	2	3	2	1
A	0	2	2	5	4	5	4	3	4
C	0								
A	0								
C	0								
A	0								

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

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

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

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

		A	C	A	C	A	C	T	A
	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	2	1	2	1	2	1	0	2
G	0	1	1	1	1	1	1	0	1
C	0	0	3	2	3	2	3	2	1
A	0	2	2	5	4	5	4	3	4
C	0	1	4	4	7	6	7	6	5
A	0	2	3	6	6	9	8	7	8
C	0	1	4	5	8	8	11	10	9
A	0	2	3	6	7	10	10	10	12

Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

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

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

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

		A	C	A	C	A	C	T	A
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	2	1	2	1	2	1	0	2
G	0	1	1	1	1	1	1	0	1
C	0	0	3	2	3	2	3	2	1
A	0	2	2	5	4	5	4	3	4
C	0	1	4	4	7	6	7	6	5
A	0	2	3	6	6	9	8	7	8
C	0	1	4	5	8	8	11	10	9
A	0	2	3	6	7	10	10	10	12

**Exemple :** Alignement local de séquences **AGCACACA** et **ACACACTA**

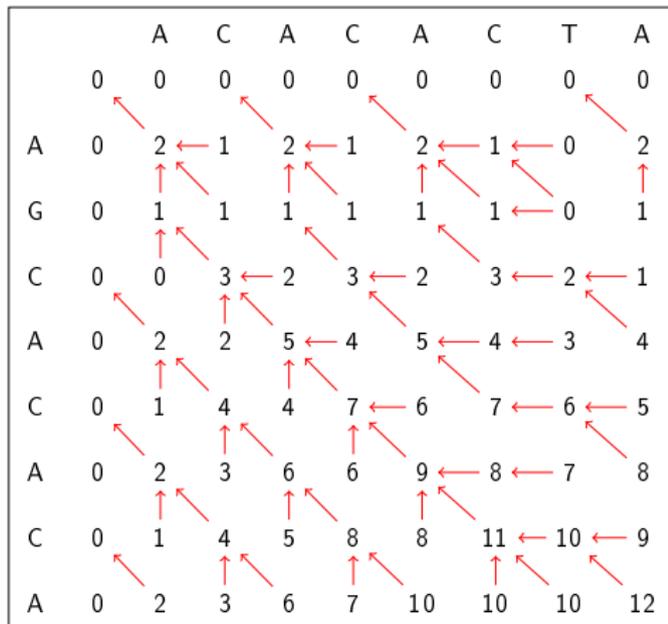
**Coûts :** Match  $m_{i,j} = +2$ , Insertion/Déletion  $p_i = p_j = -1$

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

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

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

Meilleur alignement



Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

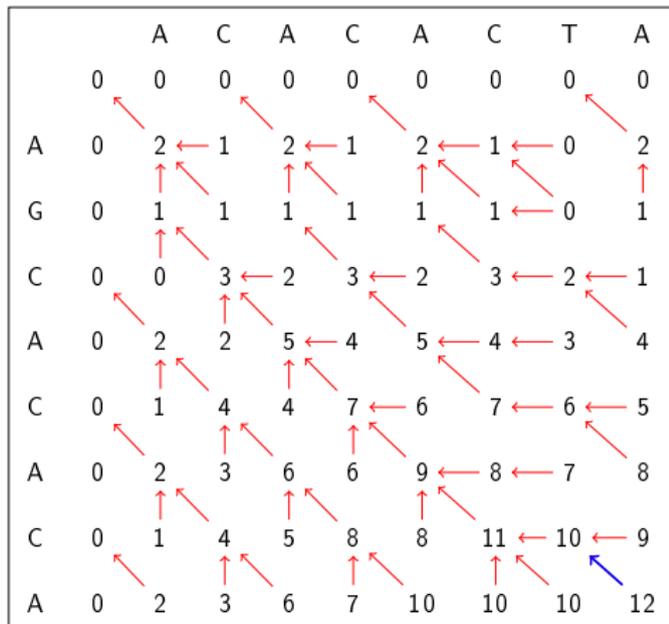
$$W(i, 0) = 0$$

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

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

Meilleur alignement

A  
A



Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

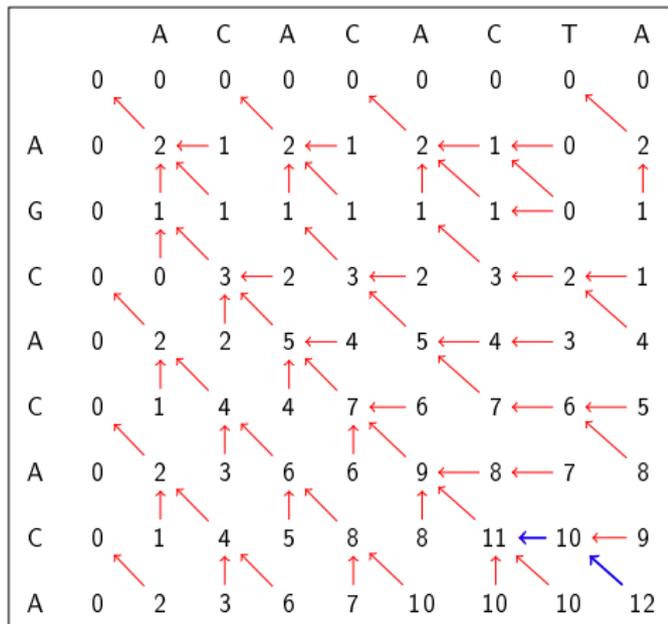
$$W(i, 0) = 0$$

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

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

Meilleur alignement

- A  
T A



Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

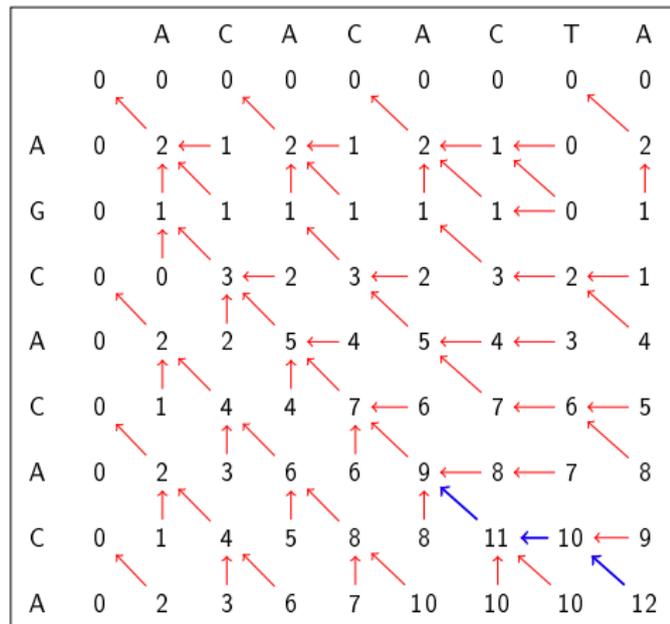
$$W(i, 0) = 0$$

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

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

Meilleur alignement

C - A  
C T A



Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

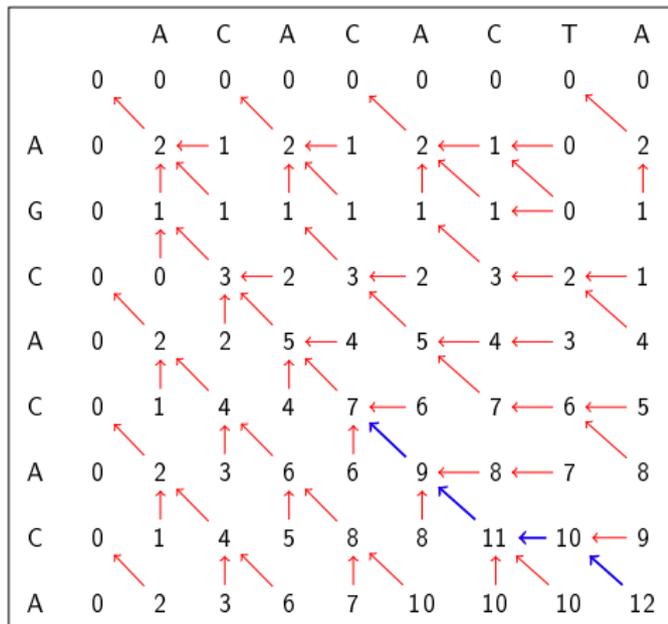
$$W(i, 0) = 0$$

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

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

Meilleur alignement

A C - A  
A C T A



Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

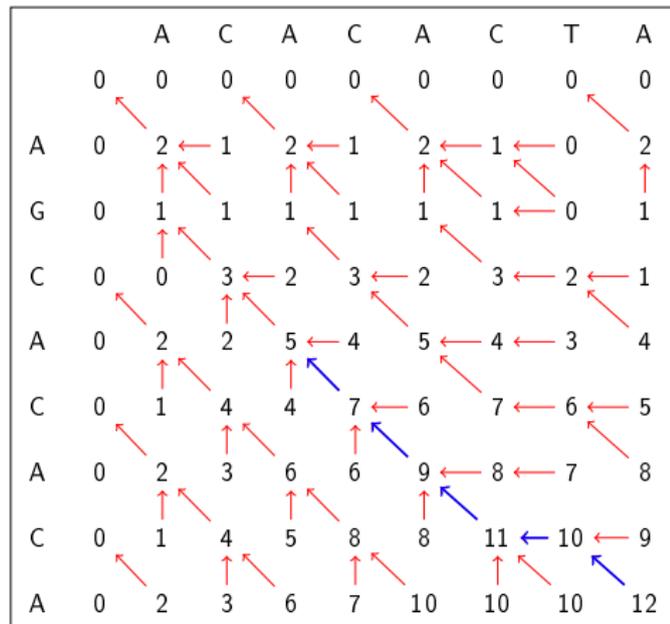
$$W(i, 0) = 0$$

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

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

Meilleur alignement

C A C - A  
C A C T A



**Exemple :** Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

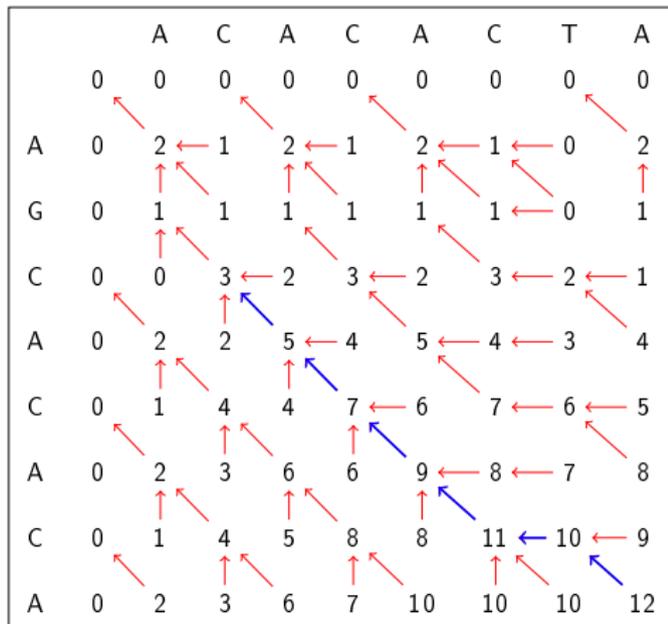
$$W(i, 0) = 0$$

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

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

Meilleur alignement

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



Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

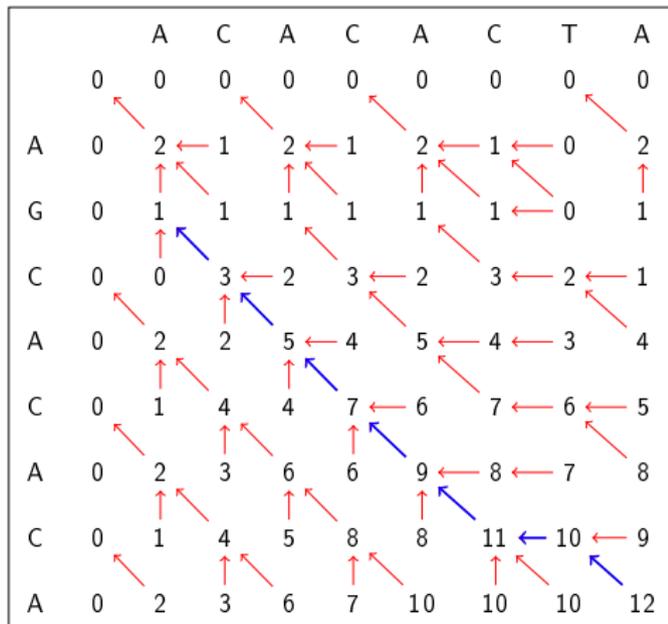
$$W(i, 0) = 0$$

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

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

Meilleur alignement

C A C A 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  $p_i = p_j = -1$

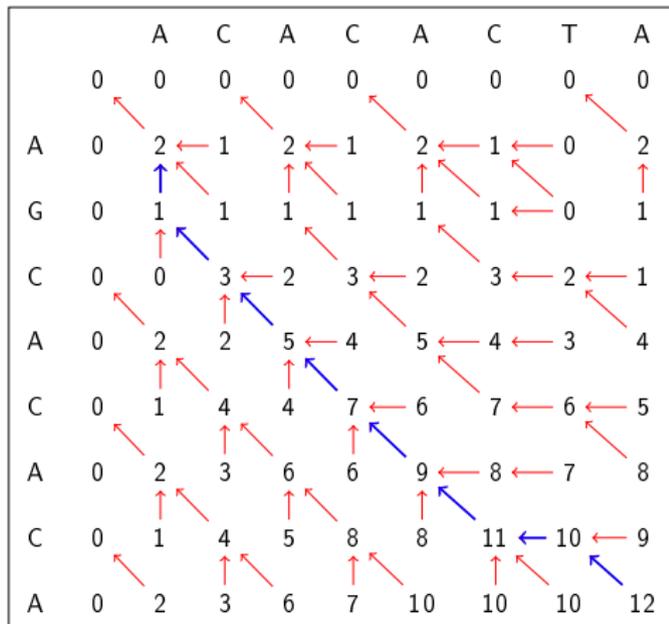
$$W(i, 0) = 0$$

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

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

Meilleur alignement

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



Exemple : Alignement local de séquences AGCACACA et ACACACTA

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

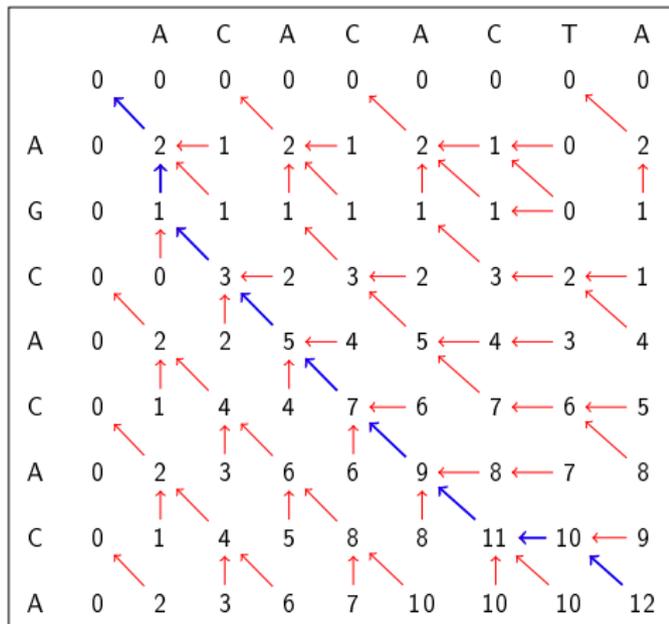
$$W(i, 0) = 0$$

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

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

Meilleur alignement

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



Propriétés 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-ambiguïté** : Chaque solution est *engendrée* au plus une fois.

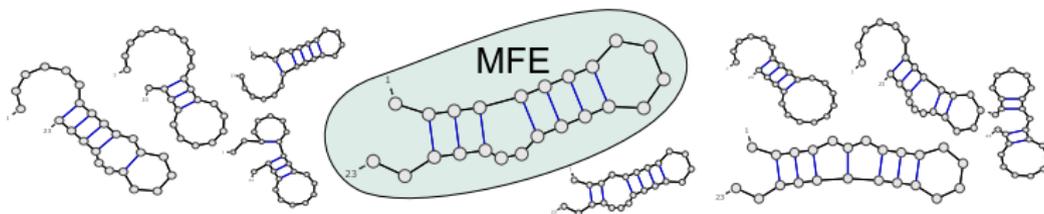
⇒ Possibilité d'**énumérer** l'espace des solutions.

- 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

## Problème A : Déterminer la structure d'énergie minimale.

Repliement *ab initio* =

Trouver structure d'un ARN  $\omega$  uniquement à partir de sa séquence.



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

Remarques :

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

## Modèle de Nussinov/Jacobson (NJ)

Plus proche voisins simple :

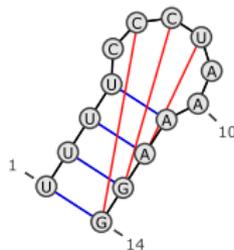
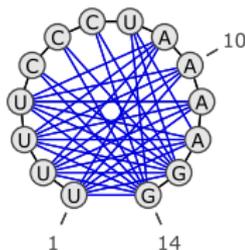
- Seuls les appariements contribuent à l'énergie
- Uniquement liaisons Watson/Crick (A/U,C/G) et Wobble (G/U)

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

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

Exemple :

UUUUCCCUAAAAGG

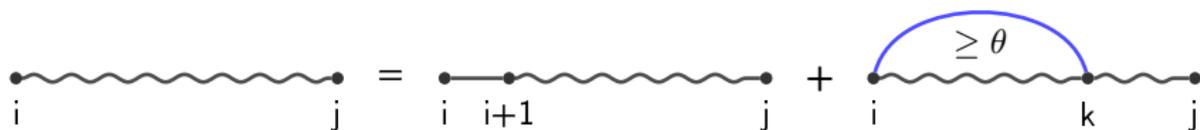


**Variante :** Pondérer les paires selon leur nombre de liaisons hydrogène

$$\Delta G(G \equiv C) = -3$$

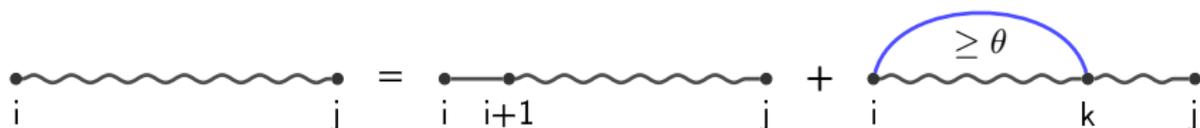
$$\Delta G(A = U) = -2$$

$$\Delta G(G - U) = -1$$



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

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



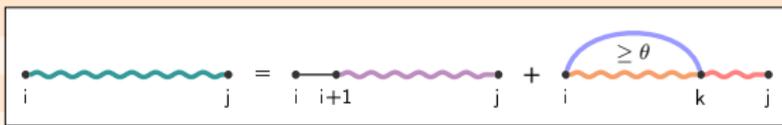
$$N_{i,t} = 0, \quad \forall t \in [i, i + \theta]$$

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

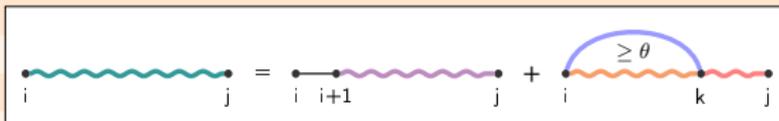
**Correction :** On cherche à montrer que l'énergie de la structure d'énergie la plus faible ( $MFE_{1,n}$ ) est bien calculée dans  $N_{1,n}$ . Dans toute structure secondaire restreinte à  $[i, j]$  la première position  $i$  est :

- **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**  $(i, k)$  (Pseudonoed).

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8	
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7	
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	0	1	2	
A													0	0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	0	
A															0	0	0	0	
C																0	0	0	
G																	0	0	
A																		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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	2	2	4	5	7	7	8	10	10
A						0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8	8
C							0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	8
U								0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	7
U									0	0	0	2	3	5	5	5	7	7
C										0	0	0	3	3	3	5	5	5
U											0	0	0	2	2	2	3	3
U												0	0	0	0	1	2	2
A													0	0	0	0	0	0
G														0	0	0	0	0
A															0	0	0	0
C																0	0	0
G																	0	0
A																		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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	2	2	4	5	7	7	8	10	
A						0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8	
C							0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	2	3	5	5	5	7	
C										0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	1	2	
A													0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	
A															0	0	0	0
C																0	0	0
G																	0	0
A																		0

$$\text{Sequence } [i, j] = \text{Sequence } [i, i+1] + \text{Sequence } [i+1, j] + \text{Sequence } [i, k] \text{ (loop } \geq \theta) + \text{Sequence } [k, j]$$

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	2	2	4	5	7	7	8	8	10
A						0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8	8
C							0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	8
U								0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	7
U									0	0	0	2	3	5	5	5	7	7
C										0	0	0	3	3	3	5	5	5
U											0	0	0	2	2	2	3	3
U												0	0	0	0	1	2	2
A													0	0	0	0	0	0
G														0	0	0	0	0
A															0	0	0	0
C																0	0	0
G																	0	0
A																		0

$$\text{Sequence } [i, \dots, j] = \text{Sequence } [i, i+1, \dots, j] + \text{Sequence } [i, \dots, k] \text{ with arc } (i, k) + \text{Sequence } [k, \dots, j]$$

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8	
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7	
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	0	1	2	
A													0	0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	0	
A															0	0	0	0	
C																0	0	0	
G																	0	0	
A																		0	

Diagram illustrating the Nussinov-Jacobson dynamic programming recurrence. It shows a sequence of nucleotides from index  $i$  to  $j$ . The sequence is partitioned into two parts: a subsequence from  $i$  to  $i+1$  and another from  $i+1$  to  $j$ . Alternatively, it shows a subsequence from  $i$  to  $k$  with a loop (arc) between  $i$  and  $k$ , and another subsequence from  $k$  to  $j$ . The arc is labeled with a greater-than-or-equal-to  $\theta$  symbol.

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5
U											0	0	0	0	2	2	2	3
U												0	0	0	0	0	1	2
A													0	0	0	0	0	0
G														0	0	0	0	0
A															0	0	0	0
C																0	0	0
G																	0	0
A																		0

Diagram illustrating the Nussinov-Jacobson dynamic programming recurrence. It shows a sequence of nucleotides from index  $i$  to  $j$ . The sequence is partitioned into two parts: a subsequence from  $i$  to  $i+1$  and another from  $i+1$  to  $j$ . A plus sign indicates the addition of a potential energy gain from a base pair between nucleotides  $i$  and  $k$ , where  $k$  is between  $i+1$  and  $j$ . A blue arc above the sequence from  $i$  to  $k$  is labeled with the inequality  $\geq \theta$ , representing the energy threshold for a base pair.

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	2	2	4	5	7	7	8	10		
A						0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8		
C							0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8		
U								0	0	0	0	2	3	5	5	6	7		
U									0	0	0	2	3	5	5	5	7		
C										0	0	0	3	3	3	5	5		
U											0	0	0	2	2	2	3		
U												0	0	0	0	1	2		
A													0	0	0	0	0		
G														0	0	0	0		
A															0	0	0		
C																0	0		
G																	0		
A																		0	

$$\text{Sequence } (i \dots j) = \max \left( \text{Sequence } (i \dots i+1) + \text{Sequence } (i+1 \dots j), \text{ Sequence } (i \dots k) + \text{Sequence } (k \dots j) \right)$$

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	2	2	4	5	7	7	8	10		
A						0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8		
C							0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8		
U								0	0	0	0	2	3	5	5	6	7		
U									0	0	0	2	3	5	5	5	7		
C										0	0	0	3	3	3	5	5		
U											0	0	0	2	2	2	3		
U												0	0	0	0	1	2		
A													0	0	0	0	0		
G														0	0	0	0		
A															0	0	0		
C																0	0		
G																	0		
A																		0	

Diagram illustrating the Nussinov-Jacobson dynamic programming recurrence. It shows a sequence of nucleotides from index  $i$  to  $j$ . The sequence is partitioned into two parts: a subsequence from  $i$  to  $i+1$  and a subsequence from  $i+1$  to  $j$ . A blue arc connects nucleotide  $i$  to nucleotide  $k$ , representing a base pair with energy  $\geq \theta$ . The equation is: sequence( $i..j$ ) = sequence( $i..i+1$ ) + sequence( $i+1..j$ ) + energy( $i..k$ ).

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8	
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7	
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	0	1	2	
A													0	0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	0	
A															0	0	0	0	
C																0	0	0	
G																	0	0	
A																		0	

$i \dots j = i \dots i+1 \dots j + i \dots k \dots j$

The second part of the sum represents a loop between nucleotides  $i$  and  $k$ , with the constraint  $k - i \geq \theta$ .

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8	
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7	
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	1	2		
A													0	0	0	0	0		
G														0	0	0	0		
A															0	0	0		
C																0	0		
G																	0		
A																		0	

Diagram illustrating the Nussinov-Jacobson algorithm's recurrence relation. It shows a sequence of nucleotides from index  $i$  to  $j$ . The sequence is split into two parts: a segment from  $i$  to  $i+1$  and a segment from  $i+1$  to  $j$ . The second part is further split into a segment from  $i+1$  to  $k$  and a segment from  $k$  to  $j$ . A blue arc connects nucleotide  $i$  to nucleotide  $k$ , with the label  $\geq \theta$  above it, representing a base pair. The equation is: sequence( $i..j$ ) = sequence( $i..i+1$ ) + sequence( $i+1..j$ ) + arc( $i..k$ ).

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	2	2	4	5	7	7	8	10	10	
A						0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8	8	
C							0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	8	
U								0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	7	
U									0	0	0	2	3	5	5	5	7	7	
C										0	0	0	3	3	3	5	5	5	
U											0	0	0	2	2	2	3	3	
U												0	0	0	0	1	2	2	
A													0	0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	0	
A															0	0	0	0	
C																0	0	0	
G																	0	0	
A																		0	

Diagram illustrating the Nussinov-Jacobson dynamic programming recurrence. It shows a sequence of nucleotides from index  $i$  to  $j$ . The sequence is partitioned into two parts: a subsequence from  $i$  to  $i+1$  and a subsequence from  $i+1$  to  $j$ . The second part is further partitioned into a subsequence from  $i+1$  to  $k$  and a subsequence from  $k$  to  $j$ . A blue arc connects nucleotide  $i$  to nucleotide  $k$ , representing a base pair. The energy contribution of this base pair is labeled as  $\geq \theta$ .

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	2	2	4	5	7	7	8	10	10	
A						0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8	8	
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	7	
U									0	0	0	2	3	5	5	5	7	7	
C										0	0	0	3	3	3	5	5	5	
U											0	0	0	2	2	2	3	3	
U												0	0	0	0	1	2	2	
A													0	0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	0	
A															0	0	0	0	
C																0	0	0	
G																	0	0	
A																		0	

$i \dots j = i \dots i+1 \dots j + i \dots k \dots j$ 
  
 $\geq \theta$

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5
U											0	0	0	0	2	2	2	3
U												0	0	0	0	0	1	2
A													0	0	0	0	0	0
G														0	0	0	0	0
A															0	0	0	0
C																0	0	0
G																	0	0
A																		0

$$\text{Wavy}(i, j) = \text{Wavy}(i, i+1) + \text{Wavy}(i+1, j) + \text{Loop}(i, k, j) \text{ where } k - i \geq \theta$$

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5
U											0	0	0	0	2	2	2	3
U												0	0	0	0	0	1	2
A													0	0	0	0	0	0
G														0	0	0	0	0
A															0	0	0	0
C																0	0	0
G																	0	0
A																		0

$i \text{---} j = i \text{---} i+1 \text{---} j + i \text{---} k \text{---} j$ 
  
 where  $k \geq i+1$

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5
U											0	0	0	0	2	2	2	3
U												0	0	0	0	0	1	2
A													0	0	0	0	0	0
G														0	0	0	0	0
A															0	0	0	0
C																0	0	0
G																	0	0
A																		0

$$\text{Sequence } i \dots j = \text{Sequence } i \dots i+1 + \text{Sequence } i \dots k + \text{Sequence } k \dots j$$

A blue arc above the sequence from  $i$  to  $k$  is labeled  $\geq \theta$ .

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5
U											0	0	0	0	2	2	2	3
U												0	0	0	0	0	1	2
A													0	0	0	0	0	0
G														0	0	0	0	0
A															0	0	0	0
C																0	0	0
G																	0	0
A																		0

Diagram illustrating the Nussinov-Jacobson dynamic programming recurrence. It shows a sequence of nucleotides from index  $i$  to  $j$ . The sequence is partitioned into two parts: a subsequence from  $i$  to  $i+1$  and a subsequence from  $i+1$  to  $j$ . The second part is further partitioned into a subsequence from  $i+1$  to  $k$  and a subsequence from  $k$  to  $j$ . A blue arc connects nucleotide  $i$  to nucleotide  $k$ , representing a base pair. The angle between the arc and the horizontal line is labeled as  $\geq \theta$ .

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8	
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7	
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	0	1	2	
A													0	0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	0	
A															0	0	0	0	
C																0	0	0	
G																	0	0	
A																		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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	2	2	4	5	7	7	8	10	
A						0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8	
C							0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	2	3	5	5	5	7	
C										0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	1	2	
A													0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	
A															0	0	0	
C																0	0	
G																	0	
A																		0

$$i \text{---} j = i \text{---} i+1 \text{---} j + i \text{---} k \text{---} j$$

$$\geq \theta$$

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8	
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7	
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	0	1	2	
A													0	0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	0	
A															0	0	0	0	
C																0	0	0	
G																	0	0	
A																		0	

$$\text{wavy}(i, j) = \text{wavy}(i, i+1) + \text{wavy}(i+1, j) + \text{wavy}(i, k) + \text{wavy}(k, j)$$

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5
U											0	0	0	0	2	2	2	3
U												0	0	0	0	0	1	2
A													0	0	0	0	0	0
G														0	0	0	0	0
A															0	0	0	0
C																0	0	0
G																	0	0
A																		0

$$\text{RNA}(i, j) = \text{RNA}(i, j) + \sum_{i < k < j, \text{loop} \geq \theta} \text{RNA}(i, k) + \text{RNA}(k, j)$$

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	2	2	4	5	7	7	8	10		
A						0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8		
C							0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8		
U								0	0	0	0	2	3	5	5	6	7		
U									0	0	0	2	3	5	5	7			
C										0	0	0	3	3	3	5	5		
U											0	0	2	2	2	3			
U												0	0	0	0	1	2		
A													0	0	0	0	0		
G														0	0	0	0		
A															0	0	0		
C																0	0		
G																	0		
A																		0	

Diagram illustrating the Nussinov-Jacobson dynamic programming recurrence:

$$\text{RNA}(i, j) = \text{RNA}(i, i+1) + \text{RNA}(i+1, j) + \max_{i < k < j} \text{RNA}(i, k) + \text{RNA}(k, j)$$

The diagram shows a wavy line representing an RNA segment from index  $i$  to  $j$ . This is equal to the sum of two cases: 1) a segment from  $i$  to  $i+1$  followed by a segment from  $i+1$  to  $j$ , and 2) a segment from  $i$  to  $k$  followed by a segment from  $k$  to  $j$ , with a blue arc above the segment from  $i$  to  $k$  labeled with the inequality  $\geq \theta$ .

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	2	2	4	5	7	7	8	10	
A						0	0	0	0	2	2	2	5	5	5	8	8	
C							0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	2	3	5	5	7		
C										0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	1	2	
A													0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	
A															0	0	0	
C																0	0	
G																	0	
A																		0

$$\text{wavy}(i, j) = \text{wavy}(i, i+1) + \text{wavy}(i, k) + \text{wavy}(k, j)$$

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5
U											0	0	0	0	2	2	2	3
U												0	0	0	0	0	1	2
A													0	0	0	0	0	0
G														0	0	0	0	0
A															0	0	0	0
C																0	0	0
G																	0	0
A																		0

$$\text{Sequence } i \dots j = \text{Sequence } i \dots i+1 + \text{Sequence } i \dots k \text{ (with loop } \geq \theta \text{)} + \text{Sequence } k \dots j$$

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8	
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7	
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	0	1	2	
A													0	0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	0	
A															0	0	0	0	
C																0	0	0	
G																	0	0	
A																		0	

$$\text{Sequence}(i, j) = \text{Sequence}(i, i+1) + \text{Sequence}(i+1, j) + \max_{i < k < j} (\text{Sequence}(i, k) + \text{Sequence}(k, j) + \mathbb{1}_{\text{pair}(i, k)} \geq \theta)$$

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8	
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7	
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	0	1	2	
A													0	0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	0	
A															0	0	0	0	
C																0	0	0	
G																	0	0	
A																		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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8	
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	8	8		
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7	
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	0	1	2	
A													0	0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	0	
A															0	0	0	0	
C																0	0	0	
G																	0	0	
A																		0	

Diagram illustrating the Nussinov-Jacobson dynamic programming recurrence. It shows a sequence of nucleotides from index  $i$  to  $j$ . The sequence is partitioned into two parts: a subsequence from  $i$  to  $i+1$  and a subsequence from  $i+1$  to  $j$ . The second part is further partitioned into a subsequence from  $i+1$  to  $k$  and a subsequence from  $k$  to  $j$ . A blue arc connects nucleotide  $i$  to nucleotide  $k$ , representing a base pair. The angle between the arc and the horizontal line is labeled as  $\geq \theta$ .

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8	
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7	
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	0	1	2	
A													0	0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	0	
A															0	0	0	0	
C																0	0	0	
G																	0	0	
A																		0	

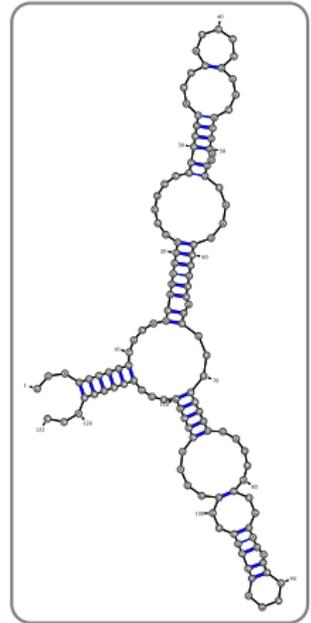
Diagram illustrating the Nussinov-Jacobson dynamic programming recurrence. It shows a sequence of nucleotides from index  $i$  to  $j$ . The sequence is partitioned into two parts: a subsequence from  $i$  to  $i+1$  and a subsequence from  $i+1$  to  $j$ . The second part is further partitioned into a subsequence from  $i+1$  to  $k$  and a subsequence from  $k$  to  $j$ . A blue arc connects nucleotide  $i$  to nucleotide  $k$ , representing a base pair. The energy contribution of this pair is labeled as  $\geq \theta$ .

	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	3	3	3	5	5	5	5	6	8	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	8	8	
C							0	0	0	0	0	0	2	5	5	5	8	8	
U								0	0	0	0	0	2	3	5	5	6	7	
U									0	0	0	0	2	3	5	5	5	7	
C										0	0	0	0	3	3	3	5	5	
U											0	0	0	0	2	2	2	3	
U												0	0	0	0	0	1	2	
A													0	0	0	0	0	0	
G														0	0	0	0	0	
A															0	0	0	0	
C																0	0	0	
G																	0	0	
A																		0	

Diagram illustrating the Nussinov/Jacobson algorithm for RNA folding. It shows a sequence from index  $i$  to  $j$ . The sequence is partitioned into two parts: a subsequence from  $i$  to  $i+1$  and a subsequence from  $i+1$  to  $j$ . A blue arc connects nucleotide  $i$  to nucleotide  $k$ , where  $k \geq i+1$ . The diagram is represented as: a wavy line from  $i$  to  $j$  = a wavy line from  $i$  to  $i+1$  + a wavy line from  $i+1$  to  $j$  with a blue arc from  $i$  to  $k$  labeled  $\geq \theta$ .

Basée sur décomposition **non-ambiguë** en **boucles** de la structure 2<sup>aire</sup> :



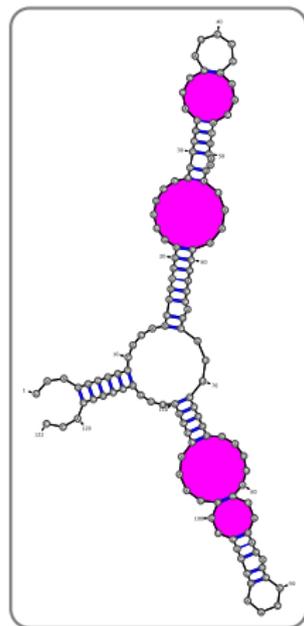
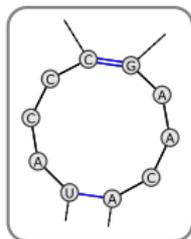
Énergies libres  $\Delta G$  des boucles dépendent des bases, asymétrie, bases *libres* (dangle) ...

Déterminées expérimentalement  
+ Interpolation pour grandes boucles.

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

Basée sur décomposition **non-ambiguë** en **boucles** de la structure 2<sup>aire</sup> :

- Boucles internes



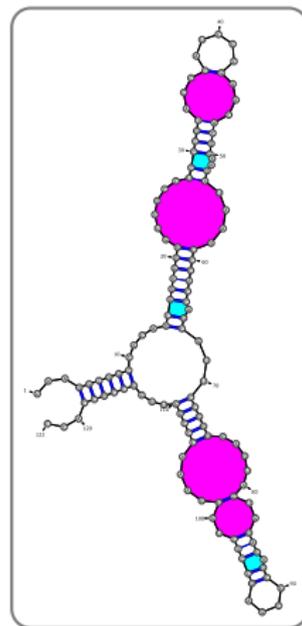
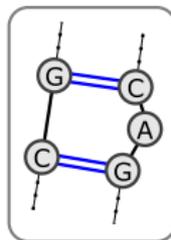
Énergies libres  $\Delta G$  des boucles dépendent des bases, asymétrie, bases *libres* (dangle) ...

Déterminées expérimentalement  
+ Interpolation pour grandes boucles.

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

Basée sur décomposition **non-ambiguë** en **boucles** de la structure 2<sup>aire</sup> :

- Boucles internes
- Renflements



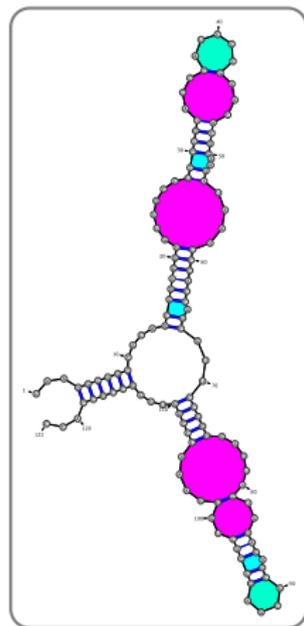
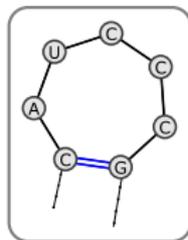
Énergies libres  $\Delta G$  des boucles dépendent des bases, asymétrie, bases *libres* (dangle) ...

Déterminées expérimentalement  
+ Interpolation pour grandes boucles.

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

Basée sur décomposition **non-ambiguë** en **boucles** de la structure 2<sup>aire</sup> :

- Boucles internes
- Renflements
- Boucles terminales



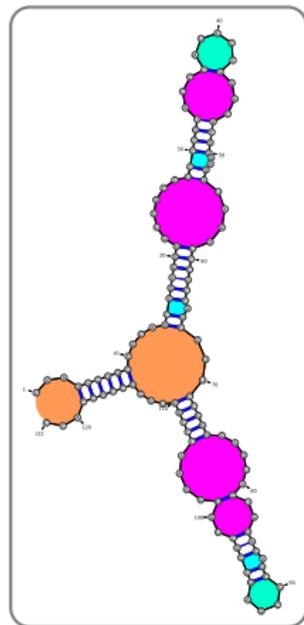
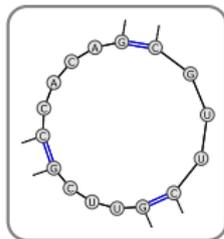
Énergies libres  $\Delta G$  des boucles dépendent des bases, asymétrie, bases *libres* (dangle) ...

Déterminées expérimentalement  
+ Interpolation pour grandes boucles.

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

Basée sur décomposition **non-ambiguë** en **boucles** de la structure 2<sup>aire</sup> :

- Boucles internes
- Renflements
- Boucles terminales
- Boucles multiples



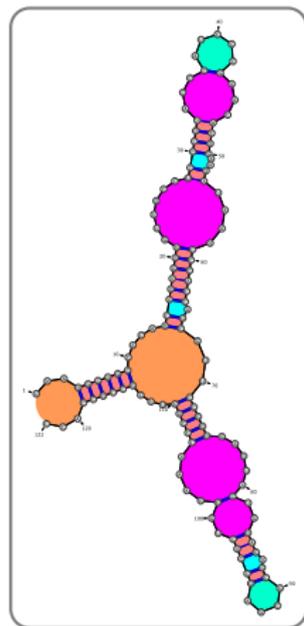
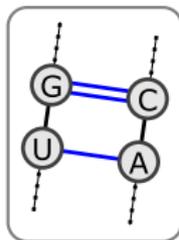
Énergies libres  $\Delta G$  des boucles dépendent des bases, asymétrie, bases *libres* (dangle) ...

Déterminées expérimentalement  
+ Interpolation pour grandes boucles.

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

Basée sur décomposition **non-ambiguë** en **boucles** de la structure 2<sup>aire</sup> :

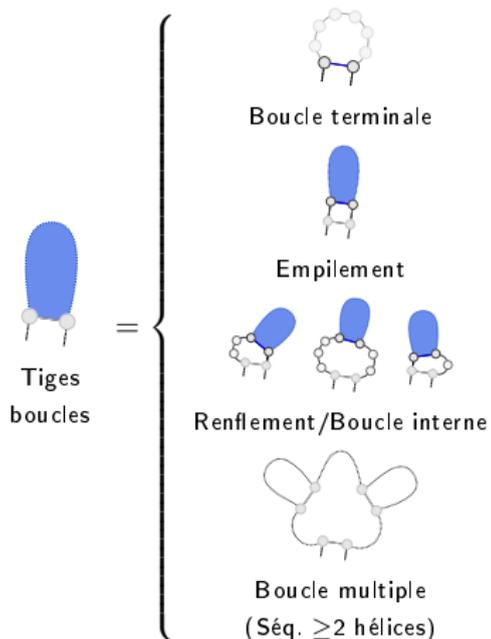
- Boucles internes
- Renflements
- Boucles terminales
- Boucles multiples
- Empilements

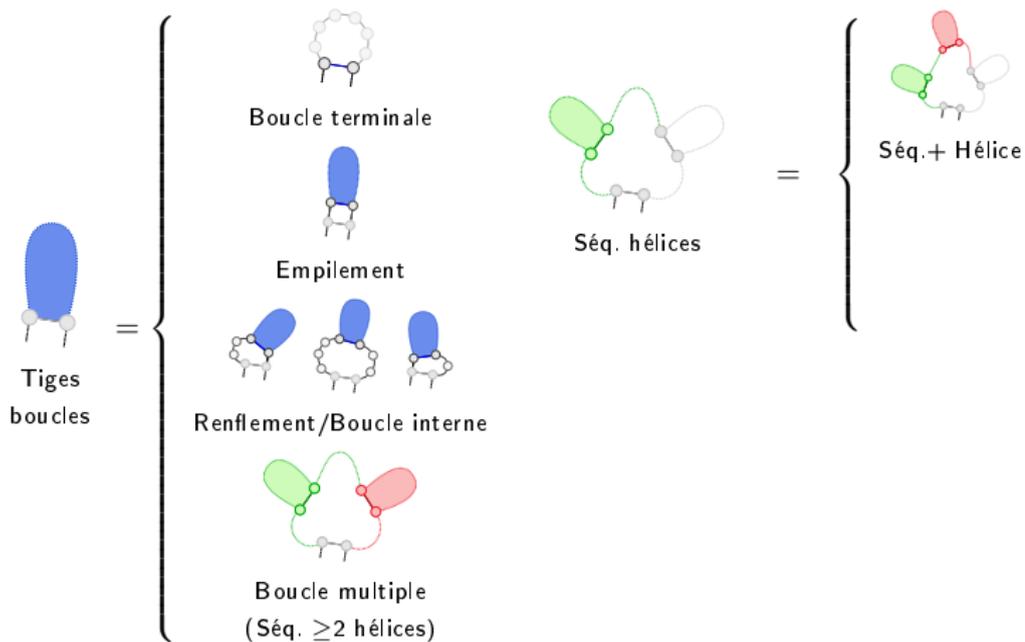


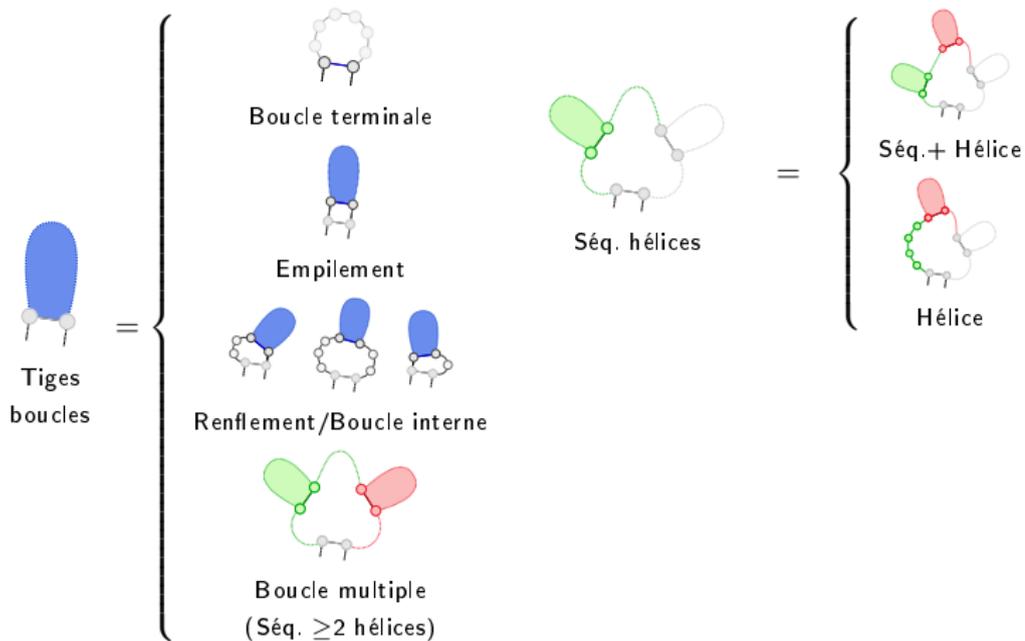
Énergies libres  $\Delta G$  des boucles dépendent des bases, asymétrie, bases *libres* (dangle) ...

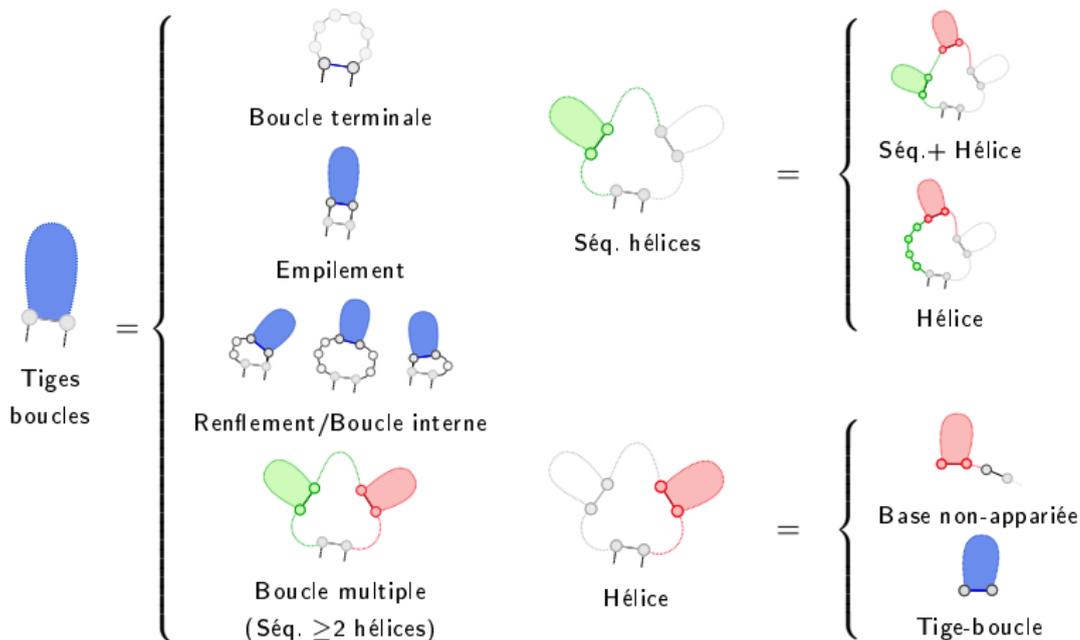
Déterminées expérimentalement  
+ Interpolation pour grandes boucles.

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

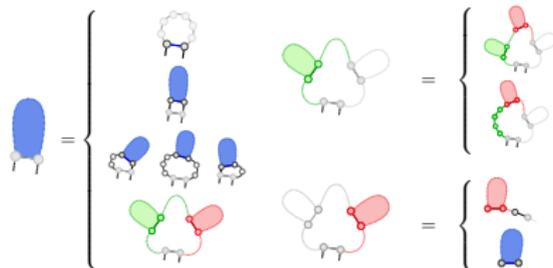








- $E_H(i, j)$  : Energie de boucle terminale *fermée* par une paire  $(i, j)$
- $E_{BI}(i, j)$  : Energie de renflement ou boucle interne *fermée* par une paire  $(i, j)$
- $E_S(i, j)$  : Energie d'empilement  $(i, j)/(i + 1, j - 1)$
- $a, c, b$  : Pénalité de boucle multiple, hélice et non-appariées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



## Calcul des matrices

$$\begin{aligned}
 \mathcal{M}'_{ij} &= \min \begin{cases} E_H(i, j) \\ E_S(i, j) + \mathcal{M}'_{i+1, j-1} \\ \text{Min}_{i', j'} (E_{BI}(i, i', j', j) + \mathcal{M}'_{i', j'}) \\ a + c + \text{Min}_k (\mathcal{M}_{i+1, k-1} + \mathcal{M}^1_{k, j-1}) \end{cases} \\
 \mathcal{M}_{ij} &= \text{Min}_k \{ \min (\mathcal{M}_{i, k-1}, b(k-1)) + \mathcal{M}^1_{k, j} \} \\
 \mathcal{M}^1_{ij} &= \text{Min}_k \{ b + \mathcal{M}^1_{i, j-1}, c + \mathcal{M}'_{ij} \}
 \end{aligned}$$

Reconstruction de la structure d'énergie minimale :

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

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

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

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

Reconstruction de la structure d'énergie minimale :

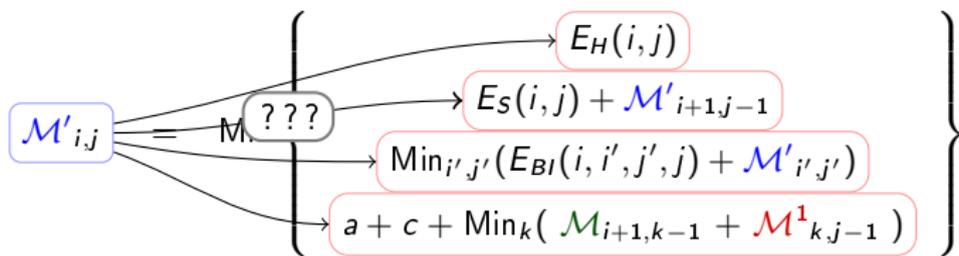
$$\mathcal{M}'_{i,j} \leftarrow \text{Min} \left\{ \begin{array}{l} E_H(i,j) \\ E_S(i,j) + \mathcal{M}'_{i+1,j-1} \\ \text{Min}_{i',j'} (E_{BI}(i,i',j',j) + \mathcal{M}'_{i',j'}) \\ a + c + \text{Min}_k ( \mathcal{M}_{i+1,k-1} + \mathcal{M}^1_{k,j-1} ) \end{array} \right\}$$

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

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

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

Reconstruction de la structure d'énergie minimale :



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

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

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

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

Reconstruction de la structure d'énergie minimale :

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

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

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

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

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

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

Complexités temps/mémoire en  $\mathcal{O}(n^3)/\mathcal{O}(n^2)$  pour le précalcul<sup>2</sup>

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

Reconstruction de la structure d'énergie minimale :

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

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

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

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

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

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

Complexités temps/mémoire en  $\mathcal{O}(n^3)/\mathcal{O}(n^2)$  pour le précalcul<sup>2</sup>

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

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

## 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 :

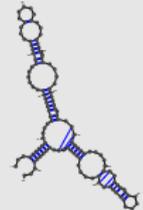
- Meilleures performances
- Affinement permanent

### Limites :

- Complexité élevée
- Exploration non-exhaustive

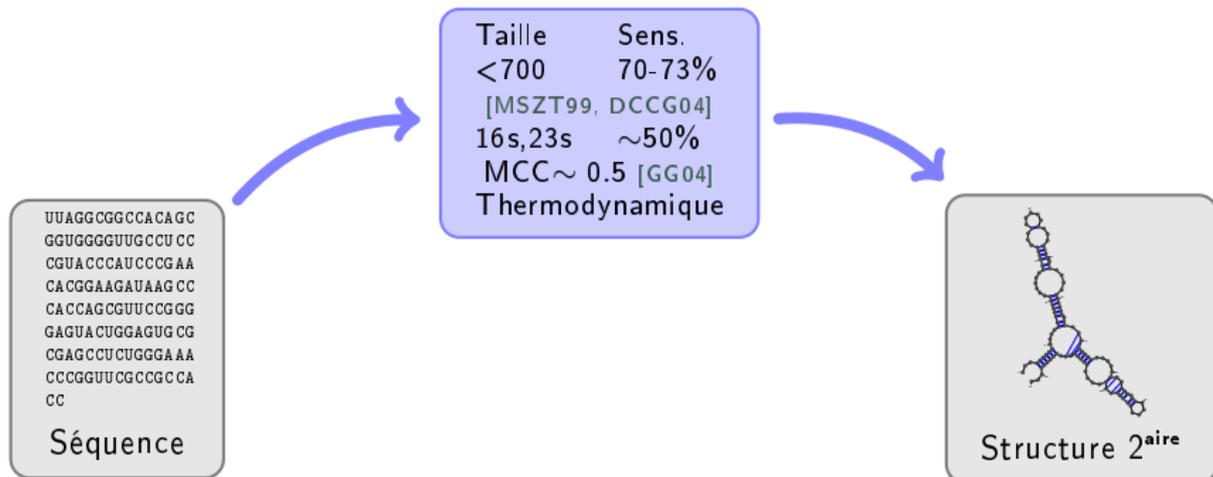
```
UUAGGCGGCCACGC  
GGUGGGUUGCCUCC  
CGUACCCAUCCGAA  
CACGGAAGAUAAAGCC  
CACCCAGCGUUCGGG  
GAGUACUGGAGUGCG  
CGAGCCUCUGGGAAA  
CCCUGUUCGCCCA  
CC
```

Séquence

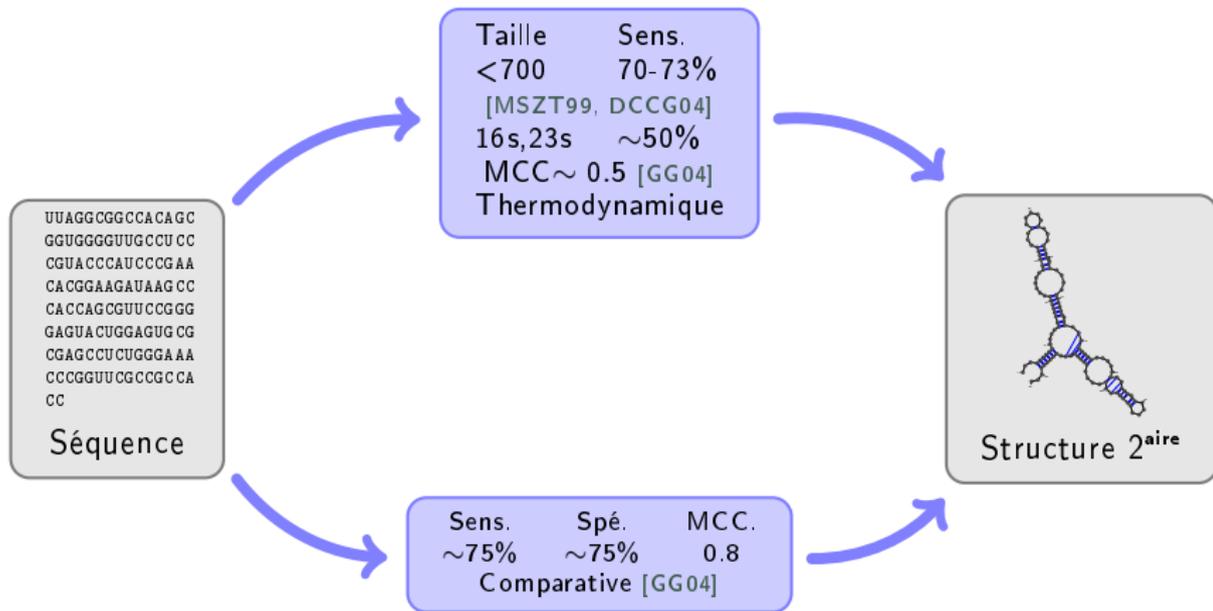


Structure 2<sup>aire</sup>

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



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



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

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

```
UUAGGCGGCCACGC  
GGUGGGGUUGCCUCC  
CGUACCCAUCCCGAA  
CACGGAAGAUAGCC  
CACCAAGCGUUCGGG  
GAGUACUGGAGUGCG  
CGAGCCUCUGGGAAA  
CCCGGUUCGCCCA  
CC
```

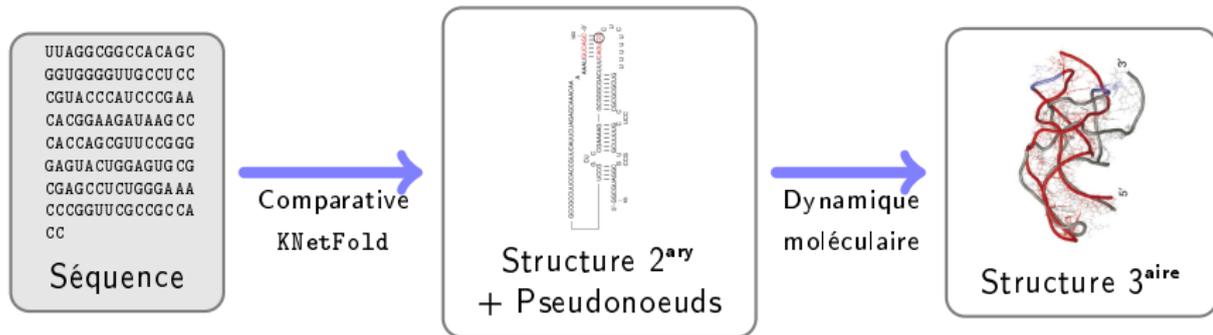
Séquence



Structure 3<sup>a</sup>ire

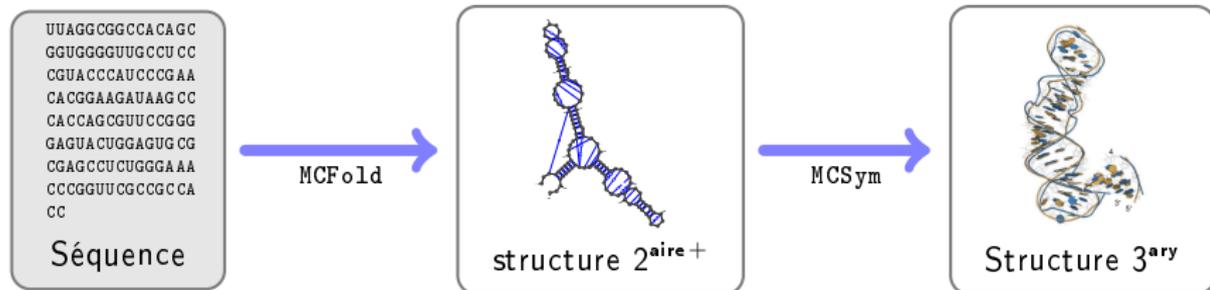
**But** : De la séquence à des modèles tri-dimensionnels!!!

- Modèles comparatifs + Dynamique moléculaires : RNA2D3D [SYKB07]



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

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





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. Cobaugh, 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.



D.H. Mathews, J. Sabina, M. Zuker, and D.H. Turner.

**Expanded sequence dependence of thermodynamic parameters improves prediction of RNA secondary structure.**  
*J Mol Biol*, 288 :911–940, 1999.



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.



**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 (Python)

[http://www.lix.polytechnique.fr/~ponty/enseignement/  
2012-01-BIM-TP1-RappelsPython.pdf](http://www.lix.polytechnique.fr/~ponty/enseignement/2012-01-BIM-TP1-RappelsPython.pdf)