

Alignement multiple

30 octobre 2023

Entrée: séquence $S = \{S_1, S_2, \dots, S_m\}$

Sortie: séquences S'_1, S'_2, \dots, S'_m

- toutes de la même longueur

- $\forall i=1 \dots m$, S'_i est obtenu de S_i par l'insertion de gaps " - "

- critères d'optimisation variable

Critère populaire: "sum-of-pairs" (SP)

Somme des paires

On additionne le score entre chaque paire de séquences alignées.

ex: S_1 CAACGAT
 S_2 CAAGGGAT
 S_3 GAACG
 S_4 CACGAT

match +2
autre -1
gap avec gap 0

-1 +2 +2 +2 +2 0 0 -1 -1

sol: S'_1 C A A C G - - A T [] 9 [] 5
 S'_2 C A A G G G G A T [] 1 [] 5
 S'_3 G A A C G - - - - A T [] 1 [] 5
 S'_4 C A - C G - - A T [] 1 [] 5

$$\text{score}(S'_i, S'_j) = \sum_{k=1}^{|S'_i|} M[S'_i[k], S'_j[k]]$$

$$SP(S'_1, S'_2, \dots, S'_m) = \sum_{i=1}^m \sum_{j=i+1}^m \text{score}(S'_i, S'_j)$$

- Trouver les S'_1, S'_2, \dots, S'_m qui minimisent le score SP est NP-complet - sûrement pas d'algorithme polynomial

- Heuristiques / approximation / algo exact exponentiel

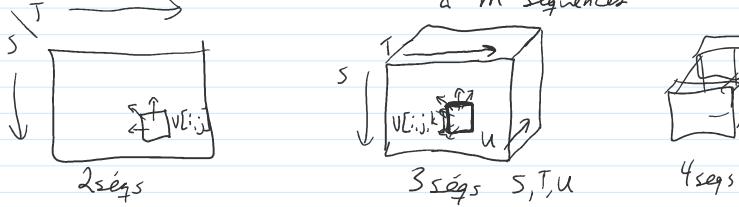
Algo exact exponentiel

Temps $O(n^m \cdot 2^m)$

$n =$ longueur max des S_i

$m =$ # de séquences

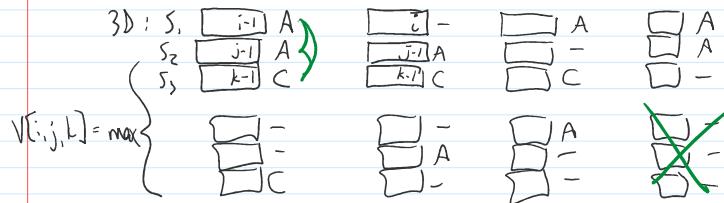
Généralisation de la proc. dynamique pour 2 séquences à m séquences



- $m=3$ (3 séquences S_1, S_2, S_3)

$V[i, j, k] =$ score optimal d'un alignement multiple entre $S_1[1..i], S_2[1..j], S_3[1..k]$

2D:



De façon plus générale

m séquences S_1, S_2, \dots, S_m

$$V[i_1, i_2, \dots, i_m] = \text{score opt entre } S_1[i_1, i_2], \dots, S_m[i_1, i_m]$$

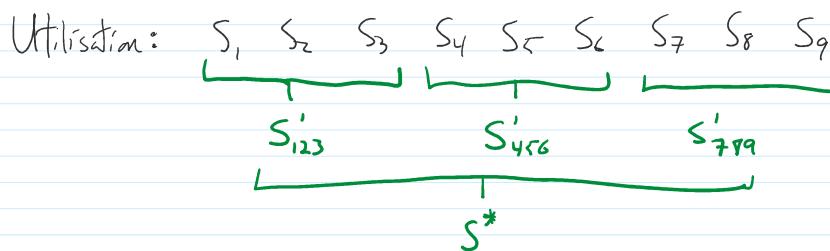
$$V[i_1, i_2, \dots, i_m] = \max \left\{ \begin{array}{l} \text{---} \\ \text{---} \\ \text{---} \\ \text{---} \\ \text{---} \end{array} \right. \begin{array}{l} \text{A ou - 2 choix} \\ \text{C ou - 2 choix} \\ \text{A ou - 2 choix} \\ \dots \\ \text{2 choix} \end{array}$$

ce max doit énumérer $2^m - 1$ combinaisons de gaps/non-gaps

$$V[i_1, i_2, \dots, i_m] = \max_{\substack{(b_1, b_2, \dots, b_m) \in \{0, 1\}^m \\ \text{vecteurs de } m \text{ bits}}} \left(V[i_1 - b_1, i_2 - b_2, \dots, i_m - b_m] + \text{Score}(b_1, b_2, \dots, b_m) \right)$$

Complexité: V est une table de dimension $|S_1| \cdot |S_2| \cdot \dots \cdot |S_m| \in O(n^m)$

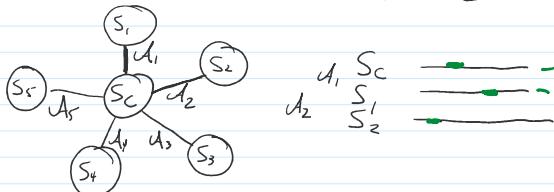
Chaque entrée prend un temps $O(2^m)$
 $\Rightarrow O(n^m \cdot 2^m)$



Approximation par centre-étoile

$S_1 =$ $S_2 =$ $S_m =$ • Idée: choisir S_c (séquence centrale)
 $\dots =$ $c \in \{1, 2, \dots, m\}$

Aligner tous les S_i en fonction de S_c .



Pour choisir S_c , on prend S_i qui maximise
 $\sum_{j=1}^m (r_{i,j}) \cdot \frac{1}{d_j} + \dots$

Pour choisir S_c , on prend S_i qui maximise

$$\sum_{j=1}^m \text{score}(S_i, S_j)$$

// score = alignement multiple entre 2 séqs

choisir $S_c (S_1, S_2, \dots, S_m)$

cur $S_c = \text{null}$, curmax = $-\infty$

$$n = \max_i |S_i|$$

$m = \# \text{ de séquences}$

m^2 iter

pour $i = 1 \dots m$

score = 0

pour $j = 1 \dots m$

score += alignGlobal(S_i, S_j) $\mathcal{O}(n^2)$

si score > curmax

cur $S_c = S_i$

curmax = score

return cur S_c

Complexité: $O(m^2 \cdot n^2)$

ex: S_1 A C A A T

On suppose que $S_c = S_1$

S_2 C C C T T

S_3 A A G A T

S_4 A G A

Ajout de S_2

Alignement opt $S_c - S_2$

S_c A C A - A T

S_2 - C C C T T

Ajout de S_3

S_c A C - A A T

S_3 A - G A - T

Ajout de S_4

S_c A C A A T

S_4 A G A - -

$A: S_c = S_1$

S_2	A	C	-	A	-	A	T
-	-	C	-	C	C	T	T
S_3	A	-	G	A	-	-	T
S_4	A	G	-	A	-	-	-

algo Centre Etoile (S_1, S_2, \dots, S_m)

$\mathcal{O}(n^2 m^2)$ $S_c = \text{choisir } S_c(S_1, \dots, S_m)$

$A = S_c$

$\mathcal{O}(m^2 n^2)$

$O(m)$ iter. pour chaque $S_i \neq S_c$

$O(1)$ $(S'_c, S'_i) = \text{alignementGlobal}(S_c, S_i)$

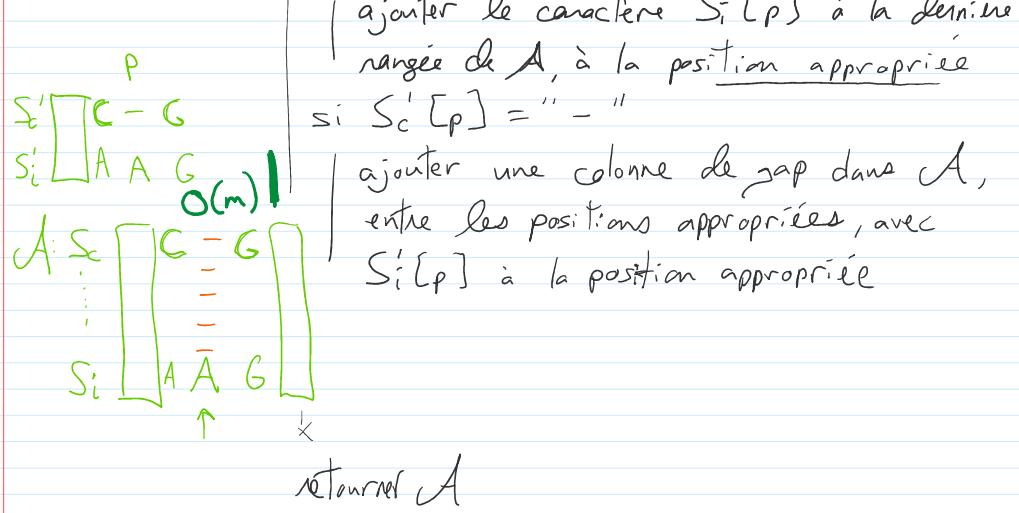
// Supposition: on stocke chaque align. global calculé dans // choisir S_c

$O(n)$ iter pour chaque position p de S'_c

si $S'_c[p] \neq "-"$

| ajouter le caractère $S'_i[p]$ à la dernière rangée de A , à la position appropriée

P



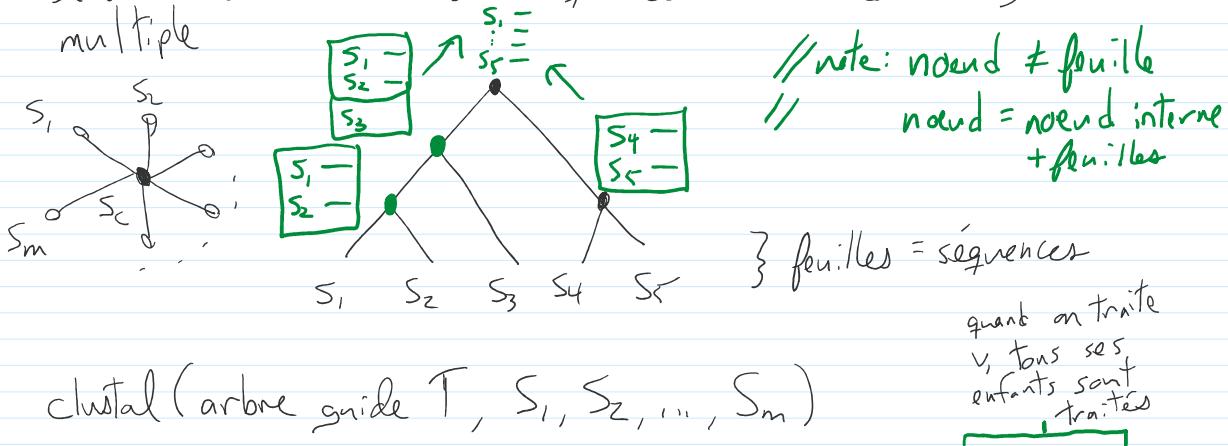
Complexité: $O(m^2n)$

Si on compte choisir S_c :

$$O(n^2 m^2 + m^2 n) = O(n^2 m^2)$$

Clustal

- Utilisation d'un arbre guide pour déterminer l'ordre d'insertion des séquences dans notre align. multiple

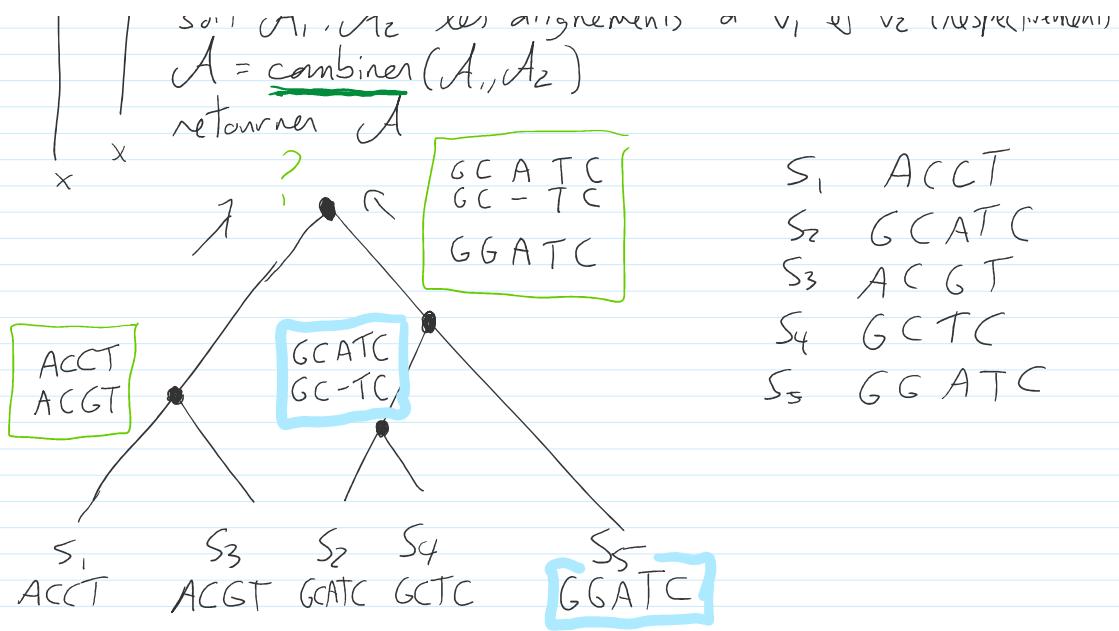


clustal (arbre guide T , S_1, S_2, \dots, S_m)

pour chaque noeud v de T dans un parcours post-ordre

si $v = \text{feuille}$,
 retourner la séquence S_i assignée à v
 sinon

soit v_1, v_2 les enfants de v
 soit A_1, A_2 les alignements à v_1 et v_2 (respectivement)
 $A = \underline{\text{combiner}}(A_1, A_2)$



Comment combiner deux alignements multiples?

Entrée: alignements A_1, A_2

Sortie: alignement \mathcal{A} avec les rangées de A_1 et A_2

$A_1:$

B ₁	B ₂	B ₃	B ₄
A	C	C	T
A	C	G	T

On traite B_1, B_2, B_3, B_4 comme des symboles d'un nouvel alphabet

$A_2:$

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

 D_1 D_2 D_3 D_4 D_5

Même chose avec les D_i .

On doit aligner deux séquences

A'_1 B_1, B_2, B_3, B_4

A'_2 D_1, D_2, D_3, D_4, D_5

On doit définir une matrice de scores sur ce nouvel alphabet

$$M[B_i, D_j] = ?$$

$$M[B_i, "-"] = ?$$

$$M["-", D_j] = ?$$

$$M[R, A, T] = \sum_{B_1}^{|B|} \sum_{D_1}^{|D|} M[R, B], A, [D] T$$

$$M[B_i, D_j] = \sum_{b=1}^{10,1} \sum_{d=1}^{10,1} M[B_i[b], D_j[d]]$$

ex: $M[B_1, D_1] = M\left[\begin{array}{c} A \\ A \end{array}, \begin{array}{c} G \\ G \end{array}\right] = M[A, G] + M[A, G] + \dots + M[A, G]$

$\underbrace{\qquad\qquad\qquad}_{2 \times 3 = 6 \text{ fois}}$

$$M[B_3, D_3] = M\left[\begin{array}{c} C \\ G \end{array}, \begin{array}{c} A \\ -A \end{array}\right] = M[C, A] + M[C, -] + M[-, A] \\ + M[G, A] + M[G, -] + M[G, A]$$

Une fois que $M[B_i, D_j]$ est calculé, $\forall i, j$,
on exécute Needleman-Wunsch avec ce M et
les B_i, D_j

ex: $B_1, B_2 - B_3, B_4$
 D_1, D_2, D_3, D_4, D_5

A	C	-	C	T	S,
A	C	-	G	T	S ₂
G	C	A	T	C	S ₃
G	C	-	T	C	S ₄
G	C	A	T	C	S ₅

Autres approches: MUSCLE, MAFFT, ...

Séquences S_1, S_2, \dots, S_m

