


Final

6 décembre 2022 16:38

- À distance, durée = 3h 30 (dernier 30 min = préparer remise)
- Remise via Turnitin
 - ↳ fichier pdf
 - ↳ export Word, tex, etc. ou bien photo/scan de vos écrits
- Plagiat = 
- Assurez-vous de pouvoir remettre des dessins
- 5 questions obligatoires "faciles" (≈ 70%)

Q1: alignement multiple

- ↳ centre-étoile
- ↳ algo exact exponentiel
- ↳ **clustal** (avancé)

Q2: phylogénétique (distances)

- ↳ UPGMA (comprendre algo)
- ↳ Neighbor-Joining (comprendre avantage)
- ↳ dists ultra-métrique, additive

Q3: phylogénétique (caractères)

- ↳ Reconstruire états ancestraux

- min # de changements (algo de Fitch)
- max score branches (algo Sankoff-Rousseau)

- min # de changements (algo de Fitch)
- max score branches (algo Sankoff-Rousseau)
- extensions prog. dynamique
probabiliste

Q4: ARN

- ↳ max. appariements - comprendre + étendre
- ↳ optimisation des sous-structures (algo de Zuker)
 - compréhension générale

Q5: réarrangements

- ↳ concepts généraux
- ↳ représentation des gènes
 - signés ou non
 - extrémités $g^+ = g_d g_s$ $g^- = g_s g_d$
 - adjacences
- ↳ dist DCJ
 - graphe d'adjacence
 - calcul de distance
 - que fait l'opération

Questions avancées ($\approx 35\%$)

- Align multiple: Clustal
- Phyl: approche par caractères, min # changements
- ARN: nouvelles contraintes, représentation des appariements
- Réarrangements: algos pour distances, op DCJ + détaillée

