

1. Quelles sont les contraintes sous lesquelles on conçoit habituellement des algorithmes pour la bioinformatique ?

- Le réalisme biologique des processus modélisés
- La complexité des problèmes algorithmiques
- Les capacités des ordinateurs
- Les ressources naturelles
- Le carbone rejeté dans l'atmosphère
- Le temps d'une vie humaine
- La taille et la quantité des données biologiques disponibles

2. Que contient une table des suffixes construite sur un mot de n lettres ?

- n lettres
- n^2 lettres
- n nombres
- n mots
- n suffixes
- n indices

3. Que contient la transformée de Burrows-Wheeler construite sur un mot de n lettres ?

- n lettres
- n^2 lettres
- n nombres
- n mots
- n suffixes
- n indices

4. Quelle est la table des suffixes associée au mot EXAM ?

- AEMX
- 3 1 4 2
- EXAM XAM AM M
- \$AEMX
- MX\$AE

5. Quelle est la transformée de Burrows-Wheeler associée au mot EXAM ?

- AEMX
- 3 1 4 2
- EXAM XAM AM M
- \$AEMX
- MX\$AE

6. Quel est le mot associé à la transformée de Burrows-Wheeler BBB\$AAAA ?

- AAAA\$BBB
- ABAABAB
- \$AAAABBB
- ABABABA\$
- ABAABAB\$

7. Combien y a-t-il de préfixes dans un mot de taille n ?

- n
- $n+1$
- n^2
- $n*(n+1)/2$
- $2n$
- 2^n

8. Vous venez de séquencer un nouveau gène, et vous voulez connaître les homologues connus dans une base de données. Quel usage faites-vous des algorithmes de recherche exacte d'un mot dans un texte ?

- Aucun, les homologues n'auront pas exactement la même séquence
- Aucun, j'utilise un logiciel de recherche de séquence similaire
- Je recherche des correspondances exactes entre des séquences de la base et des morceaux de mon gène
- Je génère des séquences similaires à mon gène et je recherche ces séquences dans la base.
- J'utilise un logiciel de recherche de séquence similaire qui fera une recherche exacte sur des parties de mon gène, ou sur des séquences similaires générées automatiquement.

9. Que contient $l[m,t]$ à la fin de cet algorithme ?

Entrée : Deux séquences M et T , de tailles respectives m et t

Pour i de 0 à m :

$$l[i,0] = 0$$

Pour j de 0 à t :

$$l[0,j] = 0$$

Pour i de 1 à m , j de 1 à t :

Si $M[i] = T[j]$:

$$l[i,j] = 1 + l[i-1,j-1]$$

Sinon, si $l[i-1,j] < l[i,j-1]$:

$$l[i,j] = 1 + l[i,j-1]$$

Sinon :

$$l[i,j] = 1 + l[i-1,j]$$

- La plus longue sous-séquence commune
- La taille de la plus longue sous-séquence commune
- La taille de la plus courte séquence, dont M et T sont des sous-séquences
- $m+t$
- $(m+t)$ - la taille de la plus longue sous-séquence commune

10. Quelle est la complexité de l'algorithme de la question 9 ?

- $O(m+t)$
- $O(m*t)$
- $O(2^{(m+t)})$
- $O(m*\log(t))$
- $O(l[m,t])$