



15
NOV.
2012

🕒 de 11h à 12h

SÉMINAIRE

Alignement statistique de séquences et évolution dépendant du contexte.

Catherine Matias

labo statistique et génome de l'université d'Evry

(travail en collaboration avec A. Arribas-Gil, Univ. Carlos III, Madrid) Dans cet exposé, je parlerai tout d'abord de l'alignement statistique de 2 séquences, qui permet d'aligner ces séquences sans choisir a priori les paramètres de l'alignement. Ces paramètres sont en fait déterminés par maximum de vraisemblance, dans un modèle d'évolution de ces deux séquences. Dans un second temps, je montrerai comment on peut modifier l'algorithme d'alignement statistique pour prendre en compte la non indépendance dans l'évolution des sites de la séquence. J'illustre ces résultats sur une paire de séquences "jouet" (alpha-globine humaine HBA1 et pseudo-gène HBPA1).