

Tests à Réaliser projet de simulation

~0,07 min/ génération (~7 min simulation de 100 générations)

Parametres variables :

- Taux d'acceptation de la fitness q
- Taux d'inversion, insertions, délétion $[v, s, d]$

Expériences sur les paramètres

1 – Effet du taux d'acceptation q des événements sur la vitesse de convergence et le maximum de fitness atteint

map(q : d(fitness)/dt : max_fitness ou fitness_finale)

3 * 9 simulations de 1000 générations → 3 * 10,5h = 31,5h

2.1 – Effet des taux d'indéliv sur la vitesse de convergence et le maximum de vitesse atteint

map($[v, s, d]$: d(fitness)/dt : max_fitness ou fitness_finale)

4 configurations de $[v, s, d]$

4 * 9 simulations de 1000 générations → ~4 * 10,5h = 42h

2.2 - Effet de la taille du génome

map(taille_genome : delta_fitness)

Expériences sur les positions des mutations

Proba d'être choisi au moins une fois sur n générations: $1 - (2999/3000)^n$

chaque position a 95 % de chance d'être choisi au moins une fois pour un génome de taille moyenne 3000

$1 - (2999/3000)^n = 0,95$

$(2999/3000)^n = 0,05$

$n * \ln(2999/3000) = \ln(0,05)$

$n = 8986$

nb de générations : ≥ 8986

Inversion : Qu'est-ce qu'une position affectée ? touchée ou entre les ciseaux ?

3.1 – Effet de l'emplacement d'une mutation sur la variation de fitness

map (pos : delta_fitness_moyen)

(Partir du génome de base à chaque fois)

9000 simulations d'une génération avec un q fitness qui accepte toutes les mutations ~10,5h

3.2 – Effet de l'emplacement d'une mutation sur son nb d'acceptations de mutations → correspondance avec l'évolution de fitness ?

map (pos : ratio_acceptation/propositions)

(Partir du génome de base à chaque fois)

9000 simulations d'une génération avec un q fitness qui accepte toutes les mutations ~10,5h

4 - Effet de la distance d'une mutation à une barrière (aux 2 ou à la plus proche ou à la précédente/suivante dans le processus de transcription)

Pour chaque inter-barrière : Somme des différences de fitness induites par une mutation dans cette zone

map (dist_mut : delta_fitness)

9 simulations de 1000 générations

Expériences sur les inter-barrières

Proba d'être choisi au moins une fois sur n générations = $1 - (9/10)^n \Rightarrow \text{nb_generation} \geq 44$ (99%)

5 - Effet de la taille de l'inter-barrière

A chaque mutation, indiquer la taille de l'inter-barrière où elle se situe et la différence de fitness induite en moyenne par cette taille

map taille_barrière : moy_delta_fitness (= 0 si mutation refusée)

9 simulations de 1000 générations

Expériences sur les taux d'expression des gènes

Proba d'être choisi au moins une fois sur n générations = $1 - (9/10)^n \Rightarrow \text{nb_generation} \geq 44$ (99%)

On gardera celui du prof pour les autres expériences

6 - Mesurer la vitesse d'évolution du taux d'expression de chaque gène

6.1

map (taux d'expression attendu : d(taux d'expression/taux attendu)/dt)

6.2

map (no gene : d(taux d'expression/taux attendu)/dt)

9 simulations de 1000 générations $\rightarrow 9 * 10 = 90$ taux d'expressions attendus au total

6.3 – Mesurer la convergence en fonction du taux d'expression attendus pour les gènes

Gènes également importants ou complètement différents ? [Diversité de Shannon](#)

map (Shannon : d(fitness)/dt : max_fitness ou fitness_finale)

A préciser dans le rapport :

Pour chaque événement non accepté, il faudrait idéalement relancer une transcription pour mettre à jour la fitness (présence de stochasticité dans la transcription)

On le fait pas parce que ça rallonge beaucoup le temps de simulation (si on a le temps on verra)

#PARAMS = [n°Experience, n°Simulation(défini par set de paramètres pour expériences taux d'expression) , q, taux_inv, taux_inser, taux_inver]