
ST2 (Théorie des Jeux) - EI Algorithmique Génétique
Projet final

3DNA Circular



Contexte Toutes les cellules qui constituent la vie sur Terre comportent en elles une ou plusieurs molécules d'ADN qui sont le support de l'information génétique. Ces molécules, plus ou moins longues, sont composées d'une succession de nucléotides (ou bases : A, C, G et T) qui interagissent avec de nombreux éléments cellulaires et dont le positionnement dans l'espace joue un rôle important dans l'adaptation de la cellule à son environnement (chaleur, famine, stress...). Si les séquences d'ADN sont aujourd'hui très largement étudiées à travers leur séquence textuelle (succession de A, C, G et T), il est très instructif de les étudier à partir de leur trajectoire tri-dimensionnelle. En 1993, des biophysiciens ont établi un modèle de conformation 3D qui permet de transformer une suite de nucléotides (sous forme de lettres) en une trajectoire tri-dimensionnelle. Dès lors, il est possible de représenter toute séquence textuelle d'ADN en une trajectoire 3D.

Problématique Ce modèle ayant été développé pour de courtes séquences d'ADN nu, il ne prend pas en compte toutes les caractéristiques d'une longue chaîne au sein de la cellule (surenroulements, nucléosomes, interactions longue distance...). Par exemple, si on observe un chromosome bactérien (longue séquence d'ADN constituant une bactérie) ou un plasmide (petite séquence présente au sein des bactéries), on s'aperçoit que ce chromosome ou ce plasmide est circulaire, i.e. les deux extrémités sont "collées" l'une à l'autre. Le modèle précédent ne prend pas compte de ce phénomène lorsque l'on représente la trajectoire 3D d'un chromosome bactérien ou d'un plasmide.

énoncé L'objectif de ce projet est de modifier le modèle de conformation 3D donné afin de rendre un plasmide circulaire. Pour cela, deux algorithmes seront comparés : un algorithme génétique et un algorithme type Monte-Carlo Tree Search. Les deux algorithmes seront développés en Python et structurés en classes (programmation orientée objet).

Le projet est à réaliser en groupes de maximum cinq personnes.

Livrables

- le **code source** du programme avec son manuel utilisateur,
- un **rapport** décrivant le fonctionnement global de l'algorithme, la structuration du code ainsi que les paramètres choisis et les stratégies mises en place.

évaluation Seront évalués :

- la pertinence des choix effectués pour concevoir l'algorithme (paramètres, stratégies),
- la qualité du code (structuration, optimisation, commentaires),
- les résultats (qualité de la fermeture du chromosome étudié, temps d'exécution moyen...),
- la qualité et la clarté de la présentation orale du projet.

Ressources Sont fournis :

- le fichier `Traj3D.py` implémentant le moteur de calcul d'une trajectoire 3D,
- le fichier `Rot_Table.py` contenant la table de rotations nécessaires au calcul d'une trajectoire 3D (ce fichier devra être modifié),
- le fichier `Main.py` illustrant un exemple d'utilisation de la classe `Traj3D`,
- deux fichiers `.fasta` contenant les séquences de deux plasmides de longueur différente (8 000 dans un cas et 180 000 dans l'autre).