

# Projet : GENETIC<sup>2</sup>

Construction de réseaux génétiques  
artificiels par programmation génétique

Coordinateur du projet : Morgan Madec

ICube, Université de Strasbourg, CNRS

API 2015

# Projet : GENETIC<sup>2</sup>

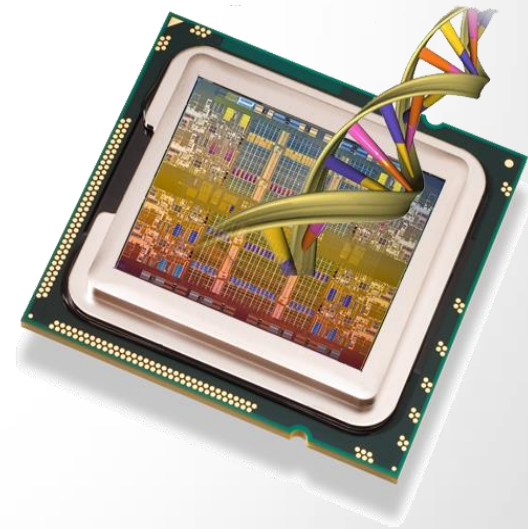
## Résumé du projet

- **Résumé :**

La **biologie synthétique** est une science émergente visant à concevoir de **nouvelles fonctions biologiques** par assemblage rationnel de gènes naturels ou artificiels. Comme pour les autres domaines de l'ingénierie, le passage de systèmes simples à des systèmes complexes nécessite le développement de **nouveaux outils de CAO dédiés**.

La biologie synthétique étant, par ses concepts, proche de **l'électronique**, **l'adaptation d'outils** ayant déjà fait leurs preuves en électronique est une voie prometteuse.

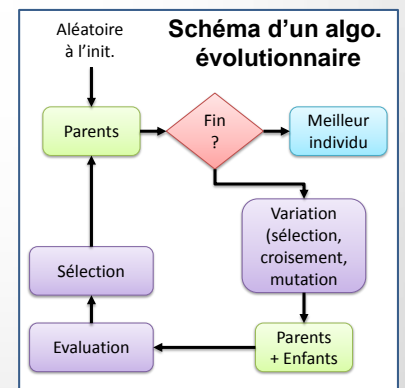
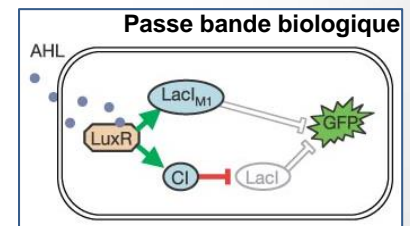
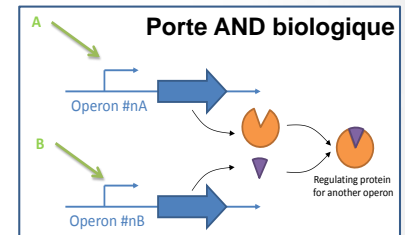
- **Mots clés :** Biologie synthétique, réseaux génétiques, programmation génétique, CAO, synthèse logique et analogique



# Projet : GENETIC<sup>2</sup>

## Problématiques scientifiques

- **Objectifs scientifiques** : Mise au point d'un outil de synthèse automatisé de réseaux génétiques pour répondre à un cahier des charge donné.
- **Approche envisagée** :
  - Etape 1 : Interface des outils développés par SMH avec la plateforme EASEA de l'équipe BFO, étude de faisabilité sur des cas simples.
  - Etape 2 : Optimisation de l'algorithme et déploiement sur GPU.
  - Etape 3 : Application (signal calcium intercellulaire, réseaux génétiques distribués sur plusieurs cellules)
- **Originalité** : Adaptation d'un d'outil existant, ce qui rend l'approche moins risquée et permettra à terme une intégration plus simple de la biologie dans des systèmes hétérogènes (ex : laboratoires sur puce)



# Projet : GENETIC<sup>2</sup>

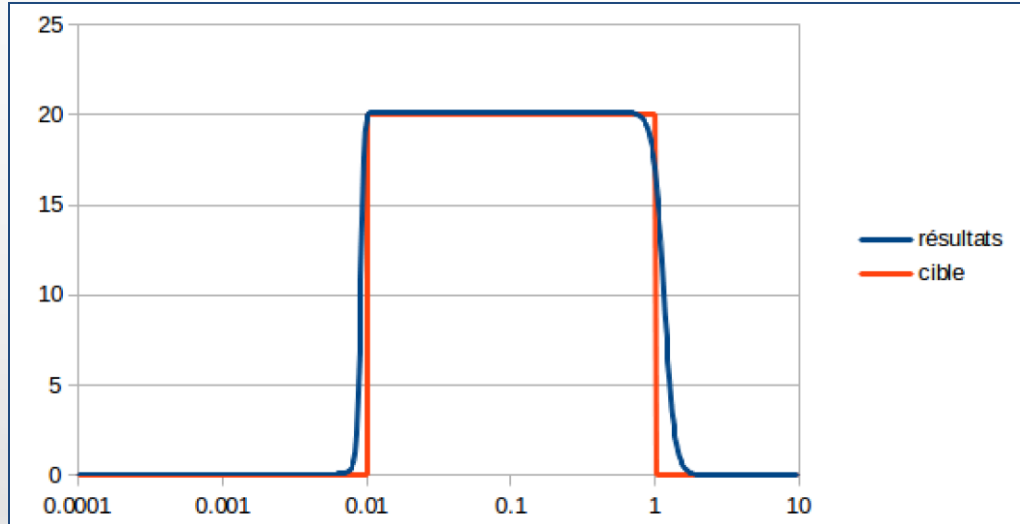
## Participants

- **Nom(s) du ou des coordinateurs** : Morgan MADEC (MCF)
- **Noms des participants** :
  - Christophe LALLEMENT (PR),
  - Pierre COLLET (PR),
  - Abir REZGUI (MCF),
  - Elise ROSATI (doctorante),
  - Nicolas TOUSSAINT (Master 1 ILC),
  - Quentin COLMAN (TPS 1A),
  - Steven DUPARD (ESBS 1A).
- **Équipes impliquées** :
  - Systèmes et Microsystèmes Hétérogènes (SMH)
  - Bioinformatique théorique, Fouille de données et Optimisation (BFO)
- **Axes transverses concernés** : Calcul Scientifique et Masses de Données

# Projet : GENETIC<sup>2</sup>

## Résultats préliminaires (planche facultative)

- Choix des paramètres optimaux des briques de base d'un système existant (passe-bande) par optimisation stochastique en utilisant la plateforme EASEA de l'équipe BFO.
- Etude de l'influence des méthodes de variation et de sélection, de la taille de la population, du nombre de génération et des propriétés des paramètres (gamme de valeur, corrélation, etc.) sur le résultat.



- 22 paramètres
- 1000 individus
- 2000 générations
- Mutation : 20%
- Croisement : 50%
- Sélection par tournoi
- Elitisme faible