



REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPOLAIRE
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA
RECHERCHE SIENTIFIQUE

Université Elhadj Lakhdar, Batna
Faculté des sciences de l'ingénieur
Département d'informatique
Option : Informatique industrielle

Mémoire

Pour l'obtention du diplôme de magister

Systèmes bio-inspirés pour le traitement de l'information : *Application du DNA computing à la résolution de problèmes NP-complets*

Présenté et soutenu par

AKSA KARIMA

Le :

Directeur de Mémoire : Pr M.C.Batouche

Composition du JURY

Dr A.Zidani

Dr M.Benmohammed

Dr D.E.Saidouni

Maître de conférence

Maître de conférence

Maître de conférence

Président

Examinateur

Examinateur

Résumé

La solution d'un problème combinatoire, quand elle existe, peut être déterminée par l'énumération d'un ensemble fini E de possibilités. S'il y a un algorithme simple pour tester si un élément de cet ensemble est une solution, on dispose d'un algorithme pour trouver une solution au problème en testant toutes les possibilités. Mais le cardinal de E est souvent exponentiel par rapport à la taille des données, ce qui rend l'énumération impossible dans un temps raisonnable.

Il existe de très nombreux problèmes d'un grand intérêt pratique pour lesquels on ne connaît pas d'algorithme plus efficace qu'un test portant sur tous les sous ensembles d'un ensemble, ce qui implique un temps de calcul exponentiel par rapport à la taille de l'ensemble.

De nos jours, certains problèmes nécessitent, pour être résolue une capacité de calcul phénoménale. L'ordinateur actuel étant limité dans sa puissance de calcul constitue une barrière dans la résolution de tels problèmes. C'est dans cette optique que de nouveaux concepts d'ordinateurs sont développés. Ainsi on tente de mettre sur pied des ordinateurs quantiques et des ordinateurs moléculaires. Ces derniers représentent certainement l'alternative de demain aux ordinateurs actuels.

En utilisant l'ADN, contrairement aux ordinateurs actuels, cela permet de réaliser des opérations en parallèles (multitask) avec des vitesses de calculs phénoménales. De plus, l'ADN constitue un excellent moyen de stockage de données et ne demande qu'un apport infime en énergie.

L'expérience qui a éveillé le monde des ordinateurs à ADN est celle d'Adleman. En 1994, Adleman, qui est un mathématicien de l'université de Californie du sud et qui possède également des connaissances en biologie, à résolut grâce à un ordinateur moléculaire le problème de chemin hamiltonien (HPP : Hamiltonian Path Problem).

Depuis l'expérience originale d'Adleman, des inondations d'idées ont été proposées pour la résolution des différents problèmes NP-complets. Dans ce mémoire, deux nouveaux algorithmes ont été proposés pour résoudre deux problèmes NP-complets : le Problème de Voyageur de Commerce (TSP : Traveling Salesmen Problem), et celui de la Satisfaisabilité (SAT : Satisfiability problem). Théoriquement, ces deux algorithmes proposés et d'autres types d'algorithmes peuvent être exécutés également avec succès. Mais pratiquement ils seront très difficiles pour l'application, car ici on travaille avec la biologie qui nécessite la prudence pour appliquer des opérations biologiques, tel que la dénaturation, sur des molécules vivantes.

Malgré le fait que les ordinateurs moléculaires (ordinateurs d'ADN) semblent être très performants, ils possèdent de nombreux aspects négatifs. Ils ne peuvent résoudre que des problèmes combinatoires (pas de possibilité de traitement de texte ou de jeu sur de tels ordinateurs), ils peuvent être très lents dans la résolution de problèmes simples pour des ordinateurs classiques. Les réponses qu'ils fournissent peuvent être extrêmement compliquées. D'autre part la fiabilité de ces ordinateurs peut être remise en cause du fait de la capacité de la mutation de l'ADN.

MOTS CLES : Calcul moléculaire, Calcul de l'ADN, Ordinateur à l'ADN, Bio-calcul, Problèmes NP-complets, Bio-informatique, Systèmes bio-inspirés, Biologie moléculaire, ADN.

Abstract

The solution of a combinatorial problem, when it exists, can be determined by the enumeration of a finished set E of possibilities. If there is a simple algorithm to test if an element of this set is a solution, one has an algorithm to find a solution of the problem by testing all the possibilities. But the cardinal of E is often exponential with regard to the size of data, what returns impossible enumeration in a reasonable time.

There are very numerous problems of a big practical interest for which one does not know algorithm more effective than a test concerning all the sub-sets of a set, what implies a time of exponential calculation with regard to the size of the set.

Nowadays, certain problems require, to be resolved a phenomenal capacity of calculation. The current computer being limited in its power of calculation constitutes a barrier in the resolution of such problems. It is in this optics that new concepts of computers are developed. So one tries to set up quantum computers and molecular computers. These last ones represent certainly the alternative of tomorrow to the current computers.

By using the DNA, contrary to the current computers, it allows to realize operations in parallel (multitask) with phenomenal speeds of calculations. Furthermore, the DNA constitutes an excellent means of stocking of data and asks only for a tiny contribution in energy.

The experience which has to wake the world of computers to DNA is that of Adleman. In 1994, Adleman, who is a mathematician of the University of South California and who also possesses knowledge in biology, has resolved due to a molecular computer the Hamiltonian Path Problem (HPP).

Since the original experience of Adleman, floods of ideas were proposed for resolutions of various NP-complets problems. In this memoir, two new algorithms were proposed to resolve two NP-complets problems: Commercial traveller's problem Traveling Salesmen Problem (TSP), and that of Satisfiability problem (SAT). Theoretically, these two algorithms proposed and other types of algorithms can be executed successfully. But practically they will be very difficult for application, because here one works with biology which necessitates prudence to apply biologic operations, such as denaturation, on alive molecules.

In spite of the fact that the molecular computers (DNA computers) seem to be very successful, they possess numerous negative aspects. They can resolve only combinatorial problems (no possibility of text processing or game on such computers), they can be very slow in the resolution of simple problems for classic computers. The answers which they supply can be extremely complicated. On the other hand the reliability of these computers can be questioned because of the capacity of the DNA mutation.

WORD KEY : Molecular computing, DNA computing, DNA computer, Biocomputing, NP-completes problems, Bio-informatics, Bio-inspired systems, Molecular biology, DNA.

Table de matières

Résumé.....	1
Table des matières	3
Liste des figures	6
Liste des tableaux	9
Introduction générale	10
Chapitre1 : Les systèmes bio-inspirés	
1.1 Introduction	12
1.2 Intelligence artificielle	12
1.3 Vie artificielle.....	13
1.3.1 Les critères de la vie artificielle.....	13
1.3.2 Les domaines de la vie artificielle	14
1.4 Les systèmes bio-inspirés.....	14
1.4.1 Pourquoi étudier les systèmes biologiques ?.....	14
1.4.2 Les types principaux des systèmes bio-inspirés	15
1.4.2.1 L'intelligence d'essaim 'Swarm Intelligence'	15
1.4.2.1.1 L'optimisation par Colonies de fourmis	16
1.4.2.1.2 La communication et l'auto-organisation chez les colonies d'abeilles.....	21
1.4.2.2 Les boids de Reynolds	23
1.4.2.3 Les essaims de particule (Particle Swarm).....	25
1.4.2.4 Le calcul à l'ADN (DNA computing).....	26
1.4.2.5 Les réseaux de neurones artificiels (Artificial Neural Network).....	26
1.4.2.6 Algorithmes évolutionnaires (EA : Evolutionary Algorithms)	30
1.4.2.7 Système Immunitaire Artificielle (AIS : Artificial Immune System).....	34
1.4.2.8 Les automates cellulaires	36
1.4.2.9 L-système	38
1.5 Conclusion.....	39

Table de matières

Chapitre2 : L'étude biologique de l'ADN

2.1 Introduction	40
2.2 L'ADN, le miracle	40
2.3 Où trouve-t-on l'ADN dans les organismes?.....	41
2.4 La structure de l'ADN	43
2.5 Les outils de la biologie moléculaire	45
2.5.1 Les enzymes	45
2.5.1.1 Les polymérasées.....	46
2.5.1.2 Ligase	48
2.5.1.3 Enzymes de restrictions.....	48
2.5.2 Electrophorèse	50
2.5.3 PCR.....	51
2.5.4 L'ADN recombinant.....	53
2.5.5 Séquençage d'ADN	54
2.5.6 Synthèse d'ADN	55
2.6 Conclusion.....	56

Chapitre3 : L'expérience d'Adleman & les ordinateurs à l'ADN

3.1 Introduction	57
3.2 Le langage	57
3.3 Les machines de Turing et les systèmes d'insertion délétion	60
3.4 Les machines à l'ADN concrètes	63
3.4.1 L'expérience d'Adleman.....	63
3.4.1.1 Le problème du chemin hamiltonien (Hamiltonian path problem (HPP)).....	63
3.4.1.2 Algorithme d'Adleman	64
3.4.1.3 Exemple d'application de l'algorithme d'Adleman.....	67
3.4.2 Les travaux qui suivent le travail d'Adleman	73
3.4.3 Les limites actuelles des ordinateurs à l'ADN	74
3.5 Conclusion.....	75

Chapitre4 : Résolution des problèmes NP-complets par le calcul d'ADN

4.1 Introduction	76
4.2 Généralités sur la complexité des problèmes	76

Table de matières

4.2.1 Notion de complexité : Définition	76
4.2.2 Problèmes de décision et d'optimisation	77
4.2.3 Classement des problèmes	77
4.2.3.1 Problèmes « faciles », problèmes « difficiles »	77
4.2.3.2 Les classes P et NP	77
4.2.3.3 Classe NP-complet	78
4.2.3.4 Relation entre les classes	80
4.3 Les problèmes NP-complet les plus célèbres	80
4.3.1 Problème de satisfiabilité : SAT	80
4.3.2 Problème du voyageur de commerce	81
4.3.3 Problème de sac à dos (Knapsack problem)	82
4.3.4 Problèmes de 8 reines	82
4.4 Résolution de quelques problèmes NP-complet en utilisant le calcul d'ADN	83
4.4.1 Le problème de la satisfaisabilité	83
4.4.2 Le problème de voyageur de commerce (TSP : Traveling Salesman Problem)	85
4.5 Deux algorithmes proposés pour la résolution de TSP et SAT par le calcul d'ADN	88
4.5.1 Nouvel algorithme proposé pour la résolution du TSP	88
4.5.1.1 Etapes de l'algorithme	89
4.5.1.2 Exemple d'application	90
4.5.1.3 Discussion	93
4.5.2 Nouveaux algorithmes proposés pour la résolution de K-SAT	94
4.5.2.1 Algorithme1	94
4.5.2.1.1 Les étapes de l'algorithme1	94
4.5.2.1.2 Exemple d'application	95
4.5.2.1.3 Discussion	97
4.5.2.2 Algorithme2	98
4.5.2.2.1 Les étapes de l'algorithme2	98
4.5.2.2.2 Exemple d'application	99
4.5.2.3 Discussion	101
4.6 Conclusion	101
Conclusion générale.....	102

Bibliographie