

2014- Stage 1 : Parallélisation d'une application de simulation d'évolution de population bactérienne

Mots-Clés

- Évolution expérimentale in silico
- Aevol
- MPI
- Générateurs pseudo-aléatoires parallèles

Niveau Requis

BAC +4 / BAC +5

Maîtres de stage

David Parsons

Description du stage

Durée

6 mois

Contexte

Les bactéries partagent une histoire évolutive commune. Pourtant, en fonction de leurs styles de vie, de leur milieu ou des conditions évolutives, elles présentent des structures génomiques et transcriptomiques très différentes. Ainsi, l'ensemble des endosymbiontes présente des génomes particulièrement compacts alors que leurs proches affiliés « libres » sont en général dotés de génomes beaucoup plus longs et comportent un nombre de gènes jusqu'à dix fois plus important.

L'origine évolutive de ces structures est aujourd'hui relativement mal connue et les outils classiques de la biologie évolutive et de la bioinformatique peinent à répondre à ces questions.

Aevol, développé dans l'équipe Beagle (<https://team.inria.fr/beagle/>), est une plateforme de simulation permettant de faire évoluer in silico des populations de bactéries virtuelles et d'explorer expérimentalement les mécanismes de structuration des génomes et des transcriptomes.

Objectifs du projet/stage

L'objectif du stage est de concevoir et implémenter une version parallèle d'Aevol en utilisant MPI, ce qui permettra aux utilisateurs de la plateforme d'avoir accès à une plage plus large de l'espace de paramètres. Une contrainte forte du projet est la reproductibilité exacte des simulations quel que soit le nombre de processus alloués, ce qui implique une gestion non triviale des générateurs pseudo-aléatoires.

Compétences

- Langage de programmation : C/C++ avec utilisation de MPI et éventuellement pthread
- Autonomie et esprit d'initiative, rigueur et méthodologie, organisation

Informations utiles

- Contact : david.parsons@[inria.fr](mailto:david.parsons@inria.fr)
- Rémunération : 436 €/mois