Université du Havre

Modélisation informatique de systèmes à base d'interactions et détection d'organisations. Modèles du vivant

Dossier

Version provisoire

pour l'obtention de l'

Habilitation à Diriger des Recherches de l'Université du Havre

(Spécialité Informatique)

par

Damien OLIVIER

Composition du jury

Rapporteurs :	Luca Maria Gambardella	Professeur à l'Université de Lugano
	Gérard Duchamp	Professeur à l'Université Paris XIII
	Cyrille Bertelle	Professeur à l'Université du Havre
Examinateurs :	Pascal Bouvry	Professeur à l'Université du Luxembourg
	Stéphane Canu	Professeur à l'INSA de Rouen
	Frédéric Guinand	Professeur à l'Université du Havre
	Michel Cotsaftis	Directeur de Recherche à l'ECE

Laboratoire Informatique, Traitement de l'Information et Systèmes

Mis en page avec la classe thloria.

Remerciements

Me voici donc face à la page la plus lue et sans doute celle comportant le plus de fautes d'orthographes parce que paradoxalement c'est par elle que l'on termine et c'est donc celle que l'on relit le moins[1]. Grâce à elle, on peut agacer un futur lecteur et se fâcher avec un collègue. Lorsqu'on la rédige, le travail ne vous appartient déjà plus il sera dans peu de temps entre les mains des rapporteurs puis des examinateurs pour qui les jurys se suivent avec leurs suites infinies de remerciements usés par les usages. Les remerciements se déclinent suivant un ordre inéluctable : il y a d'abord le directeur, puis les rapporteurs et les autres membres du jury et enfin les autres. Telle le veut la hiérarchie. Les membres du jury comprendront, j'en suis sûr, que je déroge à la règle, puisqu'avant moi, ils sont passés par là et je ne fais que suivre leurs voies.

Le travail de recherche que je défends est le résultat de nombreuses interactions avec mes collègues, Cyrille Bertelle et Frédéric Guinand. Chacun à leur manière sont indispensables et font un travail remarquable trop souvent ignoré de tous. Il n'est pas nécessaire d'en dire plus, je crois qu'ils savent la profonde estime que j'ai pour eux. Je n'oublie pas également Alain Cardon qui a une part essentielle dans ce travail, car il est de ceux qui donnent envie de faire de la recherche grace à son travail et ses idées. C'est un pionnier dans ses travaux et c'est un bâtisseur, il est à l'origine de la genèse du laboratoire auquel j'appartiens et de sa dynamique, et ce n'est pas rien ! Merci de m'avoir accordé ta confiance en me permettant d'encadrer des thèses.

Une organisation au sens des sociologues est souvent vue comme une fiction, c'est toi Pierrick puriste à l'excès toujours prêt à relever mes billevesées, Guillaume le seul thésard soumettant ses papiers en intégrant les commentaires de travail, Sylvain qui a supprimé le S de GASP et Antoine dit Fourmi One, qui l'avez rendue crédible. Avec un peu de coquetterie je dirais que le système que nous formions a {*tissé ensemble*}[2] en grande partie le travail présenté ici. J'espère pouvoir continuer de près ou de loin avec vous. Antoine, cher collègue je compte sur toi, afin de poursuivre le travail avec Guilhem, Julien, Michel et d'autres encore. J'aurai toujours un regret, Sylvain, celui de ne pas t'avoir convaincu de continuer la route avec nous, merci de la part des enfants handicapés qui jouent avec tes jeux. Yoann tu as ta place dans ces remerciements, ton sens du collectif et ta bonne humeur te rendent indispensable pour BC&PP et grâce à nous le B à un sens sinon il aurait sans doute fallu sinon mettre CC.

Je souhaite également remercier ceux avec qui j'ai collaboré ou je collabore, Krister, Harry et leurs équipes respectives, Erika, Glenn, Shigui et le très envahissant Pierre qui tente de transformer le «bricolicien» que je suis en un scientifique rigoureux. Une mention très spéciale à mon ami Dominique, du fond du cœur merci, j'espère que nous monterons ensemble d'autres projets dans le futur.

[1] Peut-être devrais-je dire : que l'on fait le moins relire !

[2] Complexus en latin !

Je n'oublie pas tous ceux qui accompagnent mon quotidien d'enseignant-chercheur, sans eux beaucoup de choses ne seraient pas possibles, je pense tout particulièrement à (Sainte) Véronique, Jean-Luc un maître dans le bon goût et Stéfan qui amène une touche d'exotisme et de rigueur dans les conversations que j'entends ou que je partage, j'ai des progrès à faire en bulgare.

Il y a aussi tous ceux qui sont mes amis, ils se reconnaîtront, qui font que même lorsqu'une bourse vous passe sous le nez, ou qu'un projet ANR est retoqué vous retournez le lendemain avec plaisir à l'université pour y partager un café, un repas ou même des soucis.

Une démarche scientifique n'a de valeur que si elle est évaluée. Je tiens à remercier tous ceux qui y ont participée, Moulay Aziz Alaoui et Gérard Duchamp pour leur avis concernant mon inscription en HDR, Gérard Duchamp une nouvelle fois, Maria Luca Gambardella et Cyrille Bertelle pour leur rapport Frédéric Guinand, Pascal Bouvry, Michel Cotsaftis et Stéphane Canu pour leur participation au jury.

Il y a ceux que j'ai oubliés volontairement, mais aussi tous ceux que j'ai oubliés involontairement, trop pressé d'en finir. Pardonnez-moi de vous avoir, par ma négligence, associé, vous ne le méritiez pas.

Les K^n, vous lirez peut être un jour cette page et même peut être-plus, soyez indulgentes, je vous ai volé beaucoup de temps.

Aux K_{i-2}, K_{i-1}, K_i^n.

Souvenons-nous que l'avenir n'est pas nôtre, ni absolument non nôtre, afin que nous ne l'attendions pas absolument comme à venir, et que nous n'espérions pas l'éviter comme non à venir.
Epicure

Table des matières

Partie I Contexte Scientifique **1**

Chapitre 1 Introduction générale **3**

1.1 Introduction 4
1.2 Problématique 5
1.3 Le tas de sable et le fourmilion 7
1.3.1 Un modèle 9
1.3.2 Propriétés 13
1.3.3 Vers une utilisation de la métaphore 13

Chapitre 2 Positionnement **17**

2.1 Système 18
2.1.1 Système fermé - système ouvert 19
2.1.2 Système autonome - Système dissipatif - Système vivant 20
2.2 Complexité 22
2.2.1 Systèmes complexes 22
2.2.2 Organisation, structure et forme 24
2.2.3 Auto-organisation 26
2.3 Émergence 30
2.3.1 Causalité 32
2.3.2 Phénomènes émergents synchroniques et diachroniques 33

2.3.3 Types d'émergence 34
2.3.4 Mesure de la complexité 35
2.4 Typologie de l'émergence 37
2.4.1 Émergence simple 37
2.4.2 Émergence faible 38
2.4.3 Émergence forte 40
2.5 Intelligence collective 41
2.5.1 Interactions, auto-organisation et stigmergie 43
2.6 Conclusion 44

Partie II Contributions **45**

Chapitre 3 Écosystèmes **47**
3.1 Introduction 48
3.2 Distribution dynamique à l'aide de mécanismes d'intelligence collective 50
3.3 Modélisation de l'écoulement et détection d'organisation 51
3.3.1 Représentation particulaire 51
3.3.2 Détection des organisations 54
3.3.3 Gestion des organisations 55
3.3.4 Changement d'échelle 63
3.4 Simulation du biotope et de la biocénose 68
3.4.1 Modèle hybride holarchique compartimental 69
3.4.2 Ontologie du modèle 73
3.4.3 Mise en œuvre et résultat 77
3.4.4 Détection et gestion des organisations 84
3.4.5 Changement d'échelle 86
3.5 Conclusion 91

Chapitre 4 Détection d'organisations par des techniques de collaboration et de compétition **93**
4.1 Introduction . . . 94
4.2 Détection d'organisations par un algorithme fourmi . . . 95
4.2.1 Le graphe comme environnement et solution . . . 96
4.2.2 Graphe dynamique coloré . . . 98
4.2.3 Recherche d'organisations ou de communautés dans les réseaux 100
4.3 Distribution dynamique adaptative . . . 106
4.3.1 Le modèle . . . 109
4.3.2 Gestion de Population et démographie . . . 112
4.3.3 Conditions initiales . . . 114
4.3.4 Ajouts de couleurs . . . 114
4.3.5 Gestion de conditions particulières et mécanismes supplémentaires 115
4.3.6 Architecture et implémentation . . . 119
4.3.7 Expérimentations et résultats . . . 123
4.4 Modification du modèle . . . 134
4.5 Conclusion . . . 135

Chapitre 5 Bioinformatique **137**
5.1 Introduction . . . 138
5.2 Séquençage par hybridation . . . 138
5.2.1 Mécanisme d'hybridation . . . 138
5.2.2 Le modèle . . . 140
5.2.3 Recherche de la séquence d'origine . . . 141
5.3 Modélisation du système immunitaire . . . 142
5.3.1 Les différents modèles . . . 149
5.3.2 Simulation d'un réseau idiotypique . . . 153
5.3.3 Principes généraux du modèle . . . 155
5.4 Épidémiologie et résistance aux antibiotiques . . . 161
5.4.1 Mécanismes de résistance . . . 161
5.4.2 Le modèle . . . 163
5.4.3 Résultats . . . 167
5.5 Informatique destinée à un public handicapé . . . 174
5.5.1 Interfaces multimodales . . . 174
5.5.2 Méthodologie . . . 174

5.5.3 Architecture 177
5.6 Conclusion et perspectives 177

Partie III Contexte universitaire 179

Chapitre 6 Curriculum vitæ 181
6.1 Diplômes 182
6.2 Parcours professionnel 182
6.3 Situation actuelle 182
6.4 Préambule 183
6.5 Participation au développement de l'informatique et de l'UFR ST . . . 184
6.5.1 Enseignements de 2003 à 2006 185
6.6 Activités de recherche 186
6.6.1 De 1991 à 1999 186
6.6.2 De 1999 à 2006 186
6.6.3 Responsabilités au sein du LIH puis du LITIS 190
6.6.4 Collaborations et animation scientifique 191
6.6.5 Valorisation, gestion de la recherche 192
6.6.6 Encadrements de stage de DEA et Master recherche 192
6.6.7 Co-directions de thèses 193
6.7 Thématique de recherche : Interactions et systèmes complexes 194

Partie IV Conclusion 197

Chapitre 7 En guise de conclusion **199**
7.1 Et pour finir 200
7.2 Perspectives 200

Partie V Bibliographie **203**

Chapitre 8 Bibliographie **205**
8.1 Références bibliographiques 206
8.2 Publications 214
8.2.1 Revues et Ouvrages collectifs 214
8.2.2 Publications internationales avec actes et comité de lecture . . . 215
8.2.3 Conférences nationales avec actes et comité de lecture 217
8.2.4 Rapports européens IST 218
8.2.5 Rapports régionaux 218
8.2.6 Rapports internes - Séminaires 218
8.2.7 Quelques travaux encadrés 219

Table des figures

1.1 Interaction et auto-organisation au sein d'une colonie de bactéries. 5
1.2 Positionnement scientifique et informatique 6
1.3 Différents stades d'évolution d'un fourmilion 8
1.4 Pièges de la larve de fourmilion 9
1.5 Modèle du tas de sable 10
1.6 Tas de sable 10
1.7 Auto-organisation d'un tas de sable 11
1.8 Mécanisme de chute 12
1.9 Exemple d'évolution de l'automate cellulaire 12
1.10 Criticalité auto-organisée 13

2.1 Vue schématique d'un système 18
2.2 Système ouvert - système fermé 19
2.3 Allée de Von Karman 21
2.4 Complexité organisationnelle et phénoménologique 24
2.5 Choux romaneco montrant une forme et une organisation fractale 26
2.6 Régulation de la fonction de reproduction chez l'homme 29
2.7 Dynamique de l'auto-organisation 31
2.8 Causalité circulaire 33
2.9 Émergence simple avec pro-action. 38
2.10 Émergence faible. 39
2.11 Vol d'étourneaux sansonnets 39
2.12 Émergence faible multiple 40

3.1 Modèle organisationnel émergent et implémentation associée 48
3.2 Projet de recherche global 49
3.3 Simulation de l'écoulement avec détection de structure. 52
3.4 Formation de tourbillons dans un écoulement turbulent. 54
3.5 Détection des structures tourbillonnaires dans un écoulement turbulent . . 55
3.6 Transducteur codant un comportement d'éco-résolution 57
3.7 Différents cas de perception de gêne 58
3.8 Fuite d'un tourbillon 59
3.9 Agrégation de particules à une structure 60
3.10 Collision entre deux tourbillons 60
3.11 Triangulation de Delaunay sur deux structures en collision 61

3.12 Différents cas de perception de gêne . . . 61
3.13 Obstacles . . . 62
3.14 Division du plan sous la forme d'un 4-Tree de l'ensemble de particules . . . 64
3.15 4-Tree de l'ensemble de particules . . . 64
3.16 Exemple de N-Tree . . . 65
3.17 Voisinage à l'aide d'un N-Tree . . . 66
3.18 Détection de structure dense à l'aide d'un N-Tree . . . 67
3.19 Les producteurs-consommateurs-décomposeurs et les relations les unissant 70
3.20 Les divers compartiments de l'estuaire de la Seine . . . 71
3.21 Écosystème holarchique composé de trois compartiments . . . 72
3.22 Classe holon . . . 73
3.23 Rapport d'un modèle de comportement avec les autres concepts de l'ontologie 75
3.24 Placement des modèles d'espace dans notre ontologie . . . 75
3.25 La classe éléments temporels et ses classes filles. . . . 76
3.26 Tracé classique d'un modèle proie-prédateur de type lotka-volterra montrant la phase entre effectif de proies et de prédateurs. . . . 79
3.27 Modèle proies-prédateurs spatialisé avec une contrainte environnementale. . 80
3.28 Producteurs-consommateurs . . . 81
3.29 Les trois compartiments et leur évolution . . . 83
3.30 Régime alimentaire du gobie tacheté Pomatoschistus microps dans l'estuaire de la Seine et de l'Ythan ainsi que de celui du bouquetin palaemon longirostris dans l'estuaire de la Seine et de la Loire . . . 85
3.31 Évolution de la chaîne trophique d'une simulation impliquant trois populations pour un compartiment donné . . . 87
3.32 Simulation avec deux espèces avec (courbe Super-Individu) et sans (courbe Individu) changement de représentation . . . 89

4.1 Exemple d'un graphe coloré avec détection des organisations . . . 96
4.2 Graphe dynamique utilisé en tant qu'environnement pour les fourmis, et les diverses informations qu'il contient. . . . 97
4.3 Exemple d'un graphe dynamique coloré à cinq stades de son évolution et détection d'organisation . . . 99
4.4 Organisations au sein du club de karaté étudié par Zachary . . . 103
4.5 Exploration récursive de profondeur maximale 12 des bases de données d'Amazon.com à partir de "The Art of Computer Programming". . . . 104
4.6 Exploration récursive de profondeur maximale 12 des bases de données d'Amazon.com à partir de "The Ruby Way". . . . 105
4.7 Exemple d'application répartie nécessitant une distribution dynamique adaptative. . . . 107
4.8 Positionnement de l'approche. . . . 109
4.9 Problèmes auxquels est confronté l'algorithme de base. . . . 116
4.10 Photos d'une expérience réelle. . . . 117
4.11 Architecture dans laquelle s'insère $AntCO^2$. . . . 119
4.12 Différentes méthodes pour distribuer $AntCO^2$. . . . 120

4.13 Diagramme de séquence d'$AntCO^2$ et une application fonctionnant en parallèle. . . . 122
4.14 Graphe invariant d'échelle de 391 sommets et 591 arcs. . . . 125
4.15 Organisation interagissant avec une plus grande structure 126
4.16 Ajout d'une colonie toutes les 1000 étapes dans une grille 30×30. . . . 127
4.17 Évolution du graphe «data» 128
4.18 Début de la simulation lorsque les organisations n'ont pas émergé. . . . 131
4.19 Des organisations ont émergé. . . . 132
4.20 Comparaison sur le critère r_1 entre les stratégies «aléatoire», «maillage» et «$AntCO^2$» avec 200 boids. . . . 133
4.21 Comparaison sur le critère r_2 entre les stratégies «maillage» et «$AntCO^2$» avec 200 boids. . . . 133
4.22 Architecture globale pour la gestion de trafic routier. . . . 134

5.1 Séquençage par hybridation. . . . 139
5.2 Hybridation de la sonde CGCGTA avec une partie de séquence. . . . 139
5.3 Spectre associé à la séquence `AATTCGGGTA` obtenu par hybridation des sondes de longueur 4 d'une puce à ADN. . . . 140
5.4 $k-graphe$ du spectre `ATCC, TCCG, CCAA`. . . . 141
5.5 $SBH-graphe$ du spectre `ATCC, TCCG, CCAA`. . . . 142
5.6 DiMAnts 143
5.7 Protéines membranaires intervenant dans les communications intercellulaires. 145
5.8 Réponse du système immunitaire. . . . 147
5.9 Lymphocyte T attaquant une tumeur. . . . 149
5.10 Anticorps 152
5.11 Espace de forme à deux dimensions 154
5.12 Conditions extrêmes de développement du réseau idiotypique. . . . 157
5.13 Configuration stable mais oscillante du réseau idiotypique. . . . 157
5.14 Développement d'un réseau idiotypique avec auto-organisation. . . . 158
5.15 Criticalité auto-organisée d'un réseau idiotypique. . . . 158
5.16 Évolution du nombre de lymphocytes pour chacun des plans durant le développement 159
5.17 Morphologies très voisines avec les mêmes bornes. . . . 160
5.18 Carte de comportement $b_{min}, b_{max} \in [0,1]$. . . . 160
5.19 Diagramme de contact pour un HCW et 4 patients durant un quart. . . . 165
5.20 Diagrammes de flux pour les HCW et les patients. . . . 166
5.21 Période d'infection en fonction de la classe du patient. . . . 168
5.22 Simulation numérique du modèle IBM et du modèle déterministe sur 1 an. 170
5.23 Modèle IBM sur 1 an quand $A_V = 85min$. . . . 171
5.24 Modèle déterministe sur 1 an quand $A_V = 95min$. . . . 171
5.25 Évolution de R_0^N et R_0^R en fonction de la durée et de la date de début de traitement. . . . 172
5.26 Évolution de R_0^N et R_0^R en fonction du temps moyen de visite A_V la durée moyenne de contamination A_C. . . . 173
5.27 Gabriel entrain de jouer. . . . 175

5.28 Terminal braille. 175
5.29 Tablette tactile et son utilisation. 176
5.30 Méthodologie. 176
5.31 Mécanisme du quorum sensing. 178

Liste des Algorithmes

4.1 Comportement d'une fourmi. 101
4.2 Fonctionnement de l'environnement dans $AntCO^2$. 111
4.3 Comportement d'une fourmi de couleur c dans $AntCO^2$. 113
4.4 Instance d'$AntCO^2$. 121
4.5 Instance de l'application 121
5.1 Principe du développement 156
5.2 Mécanisme de recrutement : **recrutementLymphocyte()** 156

Première partie

Contexte Scientifique

Chapitre 1

Introduction générale

Sommaire

1.1 Introduction 4
1.2 Problématique 5
1.3 Le tas de sable et le fourmilion 7
1.3.1 Un modèle 9
1.3.2 Propriétés 13
1.3.3 Vers une utilisation de la métaphore 13

1.1 Introduction

Ce document présente mes activités d'enseignant-chercheur à l'université du Havre. Il résume mon investissement personnel et ma contribution au développement de ma discipline, l'informatique, dans le cadre bien précis de l'université du Havre. L'aspect enseignement et administration y a sa part même s'il a été relégué en dernière partie (part. III) de ce mémoire. Une discipline existe et (sur)vit dans une petite université uniquement si elle s'appuie sur des filières d'enseignements cohérentes et si elle trouve sa place dans un laboratoire et une communauté. Mes activités dès ma nomination en 1993 comme maître de conférences se sont donc exercées dans cette optique. Les premières années ont été consacrées au montage d'une filière informatique complète afin de faciliter l'émergence d'une activité de recherche significative validée par une reconnaissance d'un laboratoire en 2000 comme équipe d'accueil (EA 3219) et la mise en place d'une formation doctorale le DEA ITA (Informatique Théorique et Applications) de l'école doctorale SPMI (Sciences Physiques et Mathématiques pour l'Ingénieur) des universités du Havre et de Rouen.

Les travaux que j'expose ne m'appartiennent pas et sont le fruit d'un travail collectif et on peut même espérer qu'ils sont un exemple d'intelligence en essaim ? Chacun y a sa part et son mérite que ce soit mes collègues ou les étudiants que j'ai encadrés ou co-encadrés. Le je ou le nous ne sont donc que des figures de style souvent bien maladroites.

Un travail de recherche n'est jamais achevé, pris par la flèche du temps, c'est une trajectoire irréversible, mais dans laquelle les rétroactions jouent. La flèche se referme sur elle-même et la causalité n'est plus linéaire, les causes ne précèdent pas obligatoirement leurs effets. Ce que l'on génère tout au plus c'est de l'auto-organisation. Le travail présenté n'est donc qu'un point de la trajectoire, il est inachevé, souhaitons néanmoins pour prendre une analogie avec les écosystèmes qu'il soit passé du stade juvénile [3] au stade mature [4].

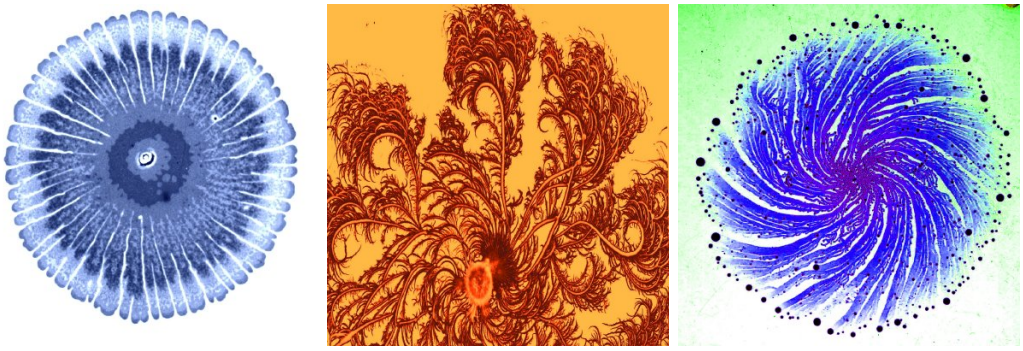
L'objectif de cette introduction générale est donc de tenter de définir ma problématique de recherche, son positionnement scientifique, la démarche utilisée et les réponses apportées dans un cadre général.

[3] Un écosystème juvénile se caractérise par une stratégie de croissance, la biomasse explose. Le système consomme des ressources de façon quasi-illimitée et produit des déchets de façon illimitée.

[4] Un écosystème mature se caractérise par une stratégie de développement en terme de diversité et non de quantité avec émergence parfois spontanée d'espèces qui se multiplient, en affinant leurs stratégies d'évolution adaptatives. Il y a consommation faible de ressources et des flux de matière quasi-cycliques.

1.2 Problématique

La physique, la biologie, l'informatique ou encore les sciences humaines nous offrent de nombreux exemples de systèmes dont le comportement global résulte des interactions entre des entités homogènes ou hétérogènes. Nous pouvons citer sans être exhaustif : les bancs de poissons, les nuées d'oiseaux [Chaté and Grégoire, 2004], les colonies de bactéries [Ben-Jacob and Levine, 2004] (cf. figure 1.1), les tas de sable [Bak, 1996], les automates cellulaires [Wolfram, 1984], les réseaux d'interaction et de régulation dans le domaine de la protéomique [Amar et al., 2004], les sociétés d'insectes [Bonabeau et al., 1999], le système immunitaire [Janeway et al., 2001], les villes [Provitolo, 2002], les langues naturelles [Walter, 1994].



(a) (b) (c)

FIG. 1.1 – Interaction et auto-organisation au sein d'une colonie de bactéries. Ce sont des photographies de boîte de Pétri sur lesquelles on constate que les colonies de l'ordre d'une dizaines de milliards d'individus se structurent en réponse à une stimulation externe. Ces images proviennent du laboratoire de Pr. Eshel Ben-Jacob, de l'université de Tel Aviv.

Les notions d'interaction et de système sont centrales, c'est par leur intermédiaire que des propriétés locales et globales vont se dégager. Les interactions s'expriment au sein d'un réseau en perpétuelle reconfiguration. Le système peut être éventuellement complexe ou pas, mais en tout état de cause les systèmes étudiés présentent une ou plusieurs des caractéristiques suivantes :

- Le graphe/réseau d'interaction est non trivial, des interactions se créent, disparaissent, évoluent et il existe éventuellement des interactions de différente nature.
- Le système n'est pas centralisé, les interactions sont locales.
- Les informations sont locales en général.
- Il existe des boucles de rétroaction via d'autres entités ou par l'intermédiaire de l'environnement.
- Le système est ouvert structuré par les flux d'énergie, de matière et d'information.

L'informatique (cf. fig 1.2)à laquelle je m'intéresse poursuit principalement deux objectifs :

- *Bio-informatique*, tenter de comprendre et d'expliquer le fonctionnement et l'organisation de systèmes, le plus souvent complexes, du monde vivant par la conception de modèles et la mise en œuvre de simulations.
- *Bio-inspiré*, élaborer de nouveaux modèles conceptuels et définir de nouvelles approches adaptées aux caractéristiques des systèmes informatiques distribués et parallèles en s'inspirant des systèmes vivants et de leurs mécanismes spécifiques.

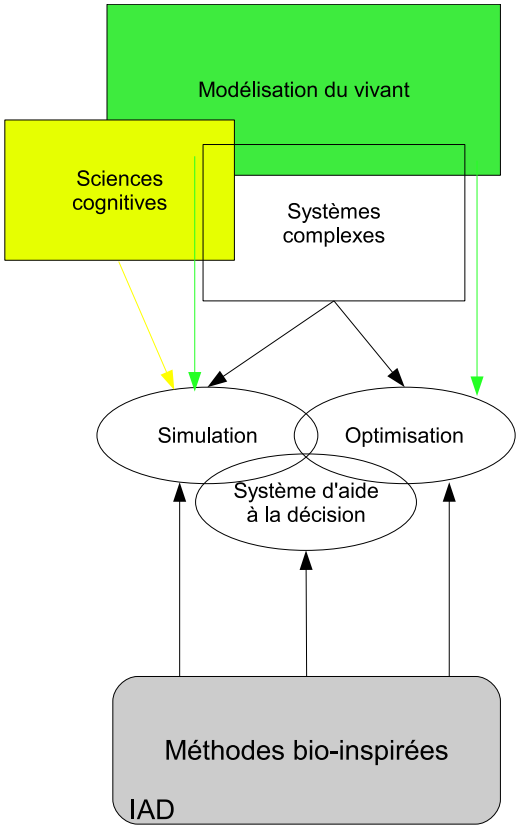


FIG. 1.2 – Positionnement scientifique et informatique

La modélisation informatique, la simulation permettent d'explorer le réel et en particulier le vivant en tentant d'incarner pour la première fois dans un matériel non biochimique des processus qui lui sont inhérents. De nombreux fonctionnements en œuvre sont intéressants, parmi ceux-ci on trouve par exemple les mécanismes adaptatifs, qu'ils soient d'apprentissage ou (néo)darwinien, mais également les processus perceptions/actions/réactions avec l'environnement, ceci conduisant parfois à des fonctionnalités émergentes. La notion d'incertitude y rode et sous ce terme se cachent des notions différentes, ainsi il peut s'agir des aspects dynamiques d'un phénomène qui empêchent toute modélisation statique ou entièrement déterministe ou encore cela peut être du à une connaissance partielle et incomplète.

Dans ce travail on peut y voir plusieurs finalités ; tout d'abord permettre aux biolo-

gistes, écologues, épidémiologistes, médecins ... de simuler des processus naturels à l'aide d'environnements informatiques qu'ils pourraient facilement paramétrer de façon à tester, modifier, élaborer leurs modèles ; ensuite chercher de nouveaux modèles comportementaux à base de règles ou de lois offrant un niveau d'abstraction suffisant pour s'appliquer à un ensemble de systèmes naturels. On pense par exemple à des lois de type loi de puissance, par exemple, qui permettent de décrire des phénomènes invariant d'échelle, ou d'autres à établir mais aussi des caractéristiques comme le nombre d'attracteurs en fonction d'un paramètre comme le nombre d'interactions sans oublier les caractéristiques minimales pour voir apparaître de l'auto-organisation.

Enfin les systèmes naturels exhibent des propriétés très intéressantes telle que la robustesse mais aussi un caractère distribué et adaptatif ou encore un caractère complexe. Ils sont de ce fait une source d'inspiration pour l'informatique. La métaphore du vivant offre donc de nouveaux modèles qui utilisent la force brute de l'informatique souvent conduite par des heuristiques utilisant les propriétés et le comportement du système, les algorithmes génétiques en sont un exemple. Ils ont d'ailleurs été utilisés dans de nombreux domaines avec succès comme dans des problèmes d'optimisation ou d'ordonnancement. Nous pensons que l'on peut aller dans une direction complémentaire en considérant un artefact informatique, au sens large, comme un écosystème computationnel [5], le contrôle s'effectuant par «auto-organisation» et le résultat étant un effet de bord, produit du calcul émergent. L'artefact informatique est alors vu comme un ensemble d'entités (processus, tâches, objets, agents ...) qui interagissent et évoluent dans un environnement ouvert partagé, dynamique et incertain.

1.3 Le tas de sable et le fourmilion

Par cet exemple, nous allons tenter d'illustrer la démarche utilisée dans notre travail. Les fourmilions ou fourmis-lions sont des insectes de la famille des myrmeleonidae appartenant à l'ordre neuroptères, ils ressemblent à des libellules (voir figures 1.3(d) et 1.3(e)). Ils présentent au repos des ailes étroites repliées en toit au dessus d'un long abdomen et ont des antennes courtes et massues. Ce sont des insectes crépusculaires ou nocturnes au vol lent.

Ce sont en fait les larves qui nous intéressent (voir figures 1.3(a) et 1.3(b)). En effet, elles creusent des pièges (voir figure 1.4) qui s'avèrent astucieux et redoutables pour attraper les petits insectes, et en particulier les fourmis (d'où les noms vernaculaires de fourmilion, ou de fourmi-lion). Les zones sablonneuses sont privilégiées car la granulométrie du substrat est fine et les trous de ce fait plus facile à réaliser, néanmoins on peut rencontrer des larves dans d'autres lieux. Le piège ressemble à un entonnoir et présente donc une forme bien particulière.

On peut décomposer le piège en deux parties, la partie haute et la partie basse. La partie haute est constituée de granulat sec et est de forme conique, par contre la partie basse est humide et verticale enduite de sécrétion buccale de la larve. Ceci constitue un goulot au fond duquel le fourmilion se dissimule en s'enrobant d'une fine couche de sable

[5] Certes c'est un néologisme, mais c'est aussi une réappropriation du substantif computation que les anglo-saxons nous ont emprunté pour faire computer - ordinateur -

(a) larve de fourmilion

(b) taille 10 mm, vie larvaire de 2 an environ

(c) cocon d'un fourmilion, durée de cette phase 3 semaines

(d) fourmilion adulte

(e) imago de 35 mm

FIG. 1.3 – Différents stades d'évolution d'un fourmilion

et ceci également grâce à ses sécrétions buccales. Les formes de la partie haute et de la partie basse ne sont pas anodines, en effet voici comment le piège fonctionne : un petit insecte imprudent va s'aventurer sur le haut du cône mais sa pente n'est pas le fruit du hasard son angle est l'angle maximum d'avalanche (environ 30°), la pente est donc très instable et notre malheureux va être embarqué par une avalanche de granulat et

(a) Diamètre du piège 5 cm (b) Champ de piège

FIG. 1.4 – Pièges de la larve de fourmilion

il va amplifier le phénomène en se débattant. Si par hasard, notre imprudent n'est pas entraîné par une avalanche le fourmilion force le destin en projetant des grains au dessus de sa proie. Le lecteur intéressé pourra consulter [Swanson, 2006] où il verra comment le fourmilion construit le piège et attrape ses proies. [Duran, 2003] s'est interrogé sur la forme du piège et a constaté que si le piège était uniquement constitué de la partie haute, il fonctionnerait beaucoup moins bien puisqu'une fois l'avalanche produite, l'angle que fait la surface avec l'horizontale a diminué et constitue l'angle de repos du système, la pente est alors beaucoup plus stable [Rajchenbach, 2002]. En effet, la surface sur laquelle les grains issus de l'avalanche s'accumulent provoque une onde remontante qui va accumuler du sable vers le haut et du coup éloigner l'angle de la pente de l'angle d'avalanche. Le piège dans cette configuration ne peut fonctionner qu'un nombre limité de fois, mais notre ami le fourmilion, résultat d'une longue évolution, utilise un piège beaucoup plus sophistiqué que cela et ceci grâce à la partie basse. En effet, la configuration que nous venons de décrire correspond à un cratère fermé mais si l'on y ajoute la partie cylindrique de sable mouillée le cratère devient «ouvert». Si l'on considère que le fourmilion maintient ce cylindre toujours libre en rejettant les exosquelettes de ses victimes et les grains de sable surnuméraires à l'extérieur du piège, l'onde remontante ne se produit plus. La pente du piège est alors maintenue dans son état critique correspondant à l'angle maximum d'avalanche.

1.3.1 Un modèle

Considérons le modèle unidimensionnel suivant, sur une ligne se trouve N sites susceptibles d'accueillir un empilement de grains de sable. On note h_i la hauteur de l'empilement d'un site. On peut alors déterminer la pente locale entre le site i et le site $i+1$ de la façon suivante : $z_i = h_i - h_{i+1}$. Si on ajoute un grain sur l'empilement du site i, $h_i \rightarrow h_i + 1$, $z_i \rightarrow z_i + 1$ et si l'on considère que le grain n'a pas été ajouté au système mais provient du système $h_{i-1} \rightarrow h_{i-1} - 1$. Lorsque la pente z_i atteint une valeur critique que nous appelons z_c un grain quitte l'empilement i pour rejoindre le $i+1^{ème}$ empilement. Tout comme dans

le cas du fourmilion, on considère le système ouvert et donc le bord droit est libre. Le bord gauche est fermé et donc $z_0 = 0$. Illustrons cela par une figure avec $z_c = 1$ (figure 1.5).

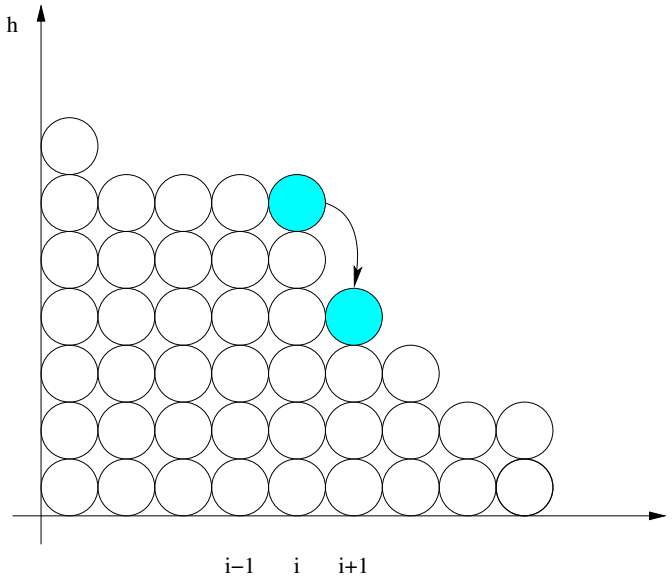


FIG. 1.5 – Modèle du tas de sable

Quelque soit la configuration initiale le système va s'organiser pour atteindre l'état d'équilibre qui est donc caractérisé par la configuration où la pente est égale à z_c (figure 1.6).

FIG. 1.6 – Tas de sable

Ainsi, si l'on part de cette configuration et que l'on ajoute à un endroit quelconque un grain de sable, le système évoluera jusqu'à éjecter le grain perturbateur par le bord droit (figure 1.7). Dans ce modèle l'avalanche est de taille N par contre si on étudie un modèle bidimensionnel le système évolue toujours vers un état critique auto-organisé mais moins trivial, puisque les avalanches peuvent être de n'importe quelle taille. Autrement dit, le système peut éventuellement trouver un état d'équilibre avant que la perturbation

atteigne le bord, cela se traduit par une loi de puissance[6].

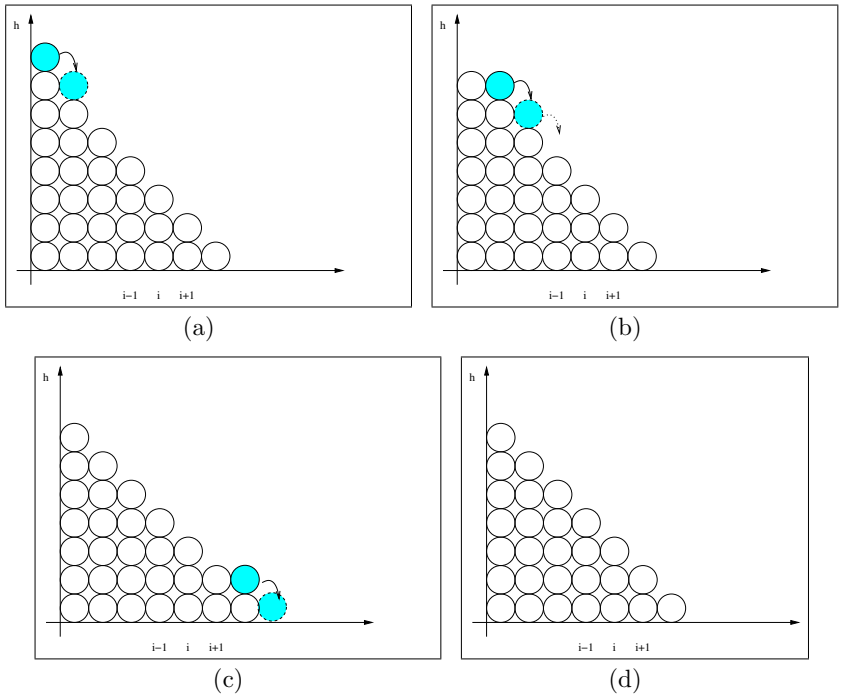


FIG. 1.7 – Auto-organisation d'un tas de sable

Le modèle informatique auquel fait penser le tas de sable immédiatement est un automate cellulaire. À partir d'un modèle simple, on peut simuler la formation d'un demi-tas de sable tel que nous venons de le décrire précédemment. L'automate cellulaire va évoluer dans un carré dans lequel on considère le tas comme une suite d'empilement de grain de sables. L'empilement i dépend uniquement de la hauteur de ses voisins $i-1$ et $i+1$ respectivement h_{i-1}, h_{i+1}. Le tas est défini par une suite de nombres qui représentent la hauteur de chaque empilement, le modèle est unidimensionnel.

Sachant que l'on cherche à simuler le comportement du tas de sable, la chute des grains et des avalanches de différente taille, on définit maintenant un fonctionnement d'automate cellulaire suivant :

- Conditions de simulation
  - On parcourt les cellules pleines de droite à gauche et de bas en haut ;
  - On ajoute sur le premier empilement régulièrement des grains de sable ;
  - Le tas de sable repose sur un support fini (ouverture du système).
- Règles d'évolution
  - *Règle 1 : mécanisme de chute.* Si une cellule vide c_{j-1} se trouve au dessous d'une cellule occupée c_j, la pile des cellules occupées $c_j, c_{j+1}, c_{j+2} \ldots$ se déplace vers le bas, respectivement en $c_{j-1}, c_j, c_{j+1} \ldots$ (figure 1.8).

[6] Lorsqu'une variable X est distribuée en loi de puissance, il n'existe pas de grandeur caractéristique, ce qui signifie que si X représente la taille d'un événement elle peut être quelconque.

– *Règle 2 : éboulement.* Au niveau du tas de sable, on considère qu'une pile est un empilement de cellules pleines dont le voisinage droit est vide, cette pile est de hauteur $h \geq 1, h \in \mathbb{N}$. Si $h = 1$ alors la cellule pleine se décale à droite, sinon $(h > 1)$ on détermine de façon aléatoire le nombre $n \in [1..h]$ de cellules pleines qui se décalent à droite (figure 1.9). La règle 1 est prioritaire sur la règle 2.

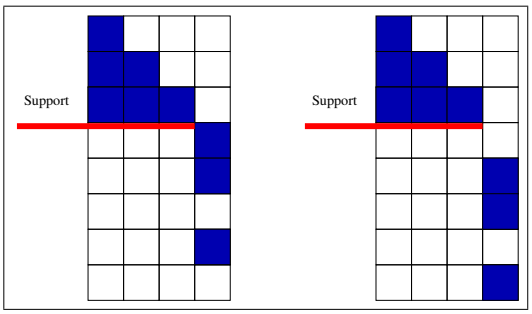


FIG. 1.8 – Mécanisme de chute

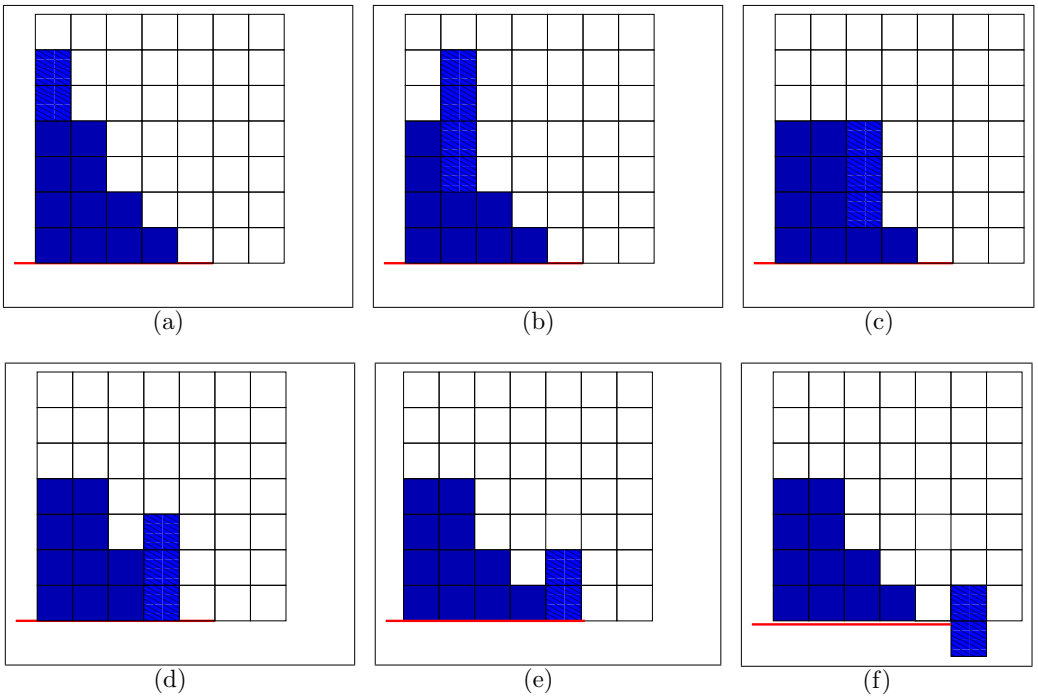


FIG. 1.9 – Exemple d'évolution de l'automate cellulaire

De l'aléatoire a été introduit ce qui rend l'automate non déterministe contrairement au cas général. Cet automate ne respecte pas le modèle unidimensionnel proposé par [Bak et al., 1988], mais ceci nous permet de modéliser des avalanches de taille variable comme celle observée dans le cas du fourmilion et l'automate confirme les observations faites par [Duran, 2003].

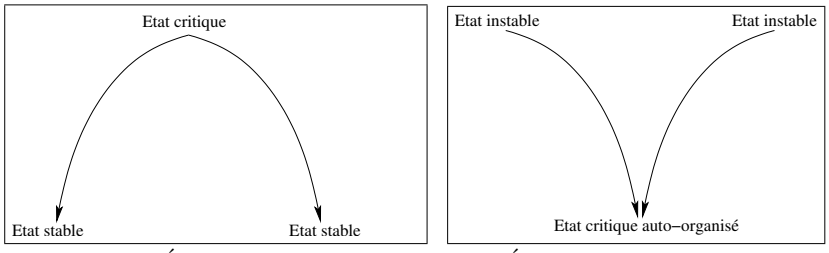
1.3.2 Propriétés

Il n'est pas dans notre propos d'étudier en détail l'exemple du fourmilion, mais nous voulons montrer au travers de cet exemple comment l'observation du vivant nous conduit à un modèle qui met en évidence des propriétés. Nous reviendrons par la suite sur certaines d'entre elles comme l'auto-organisation.

Un état critique est défini dans le cadre de la théorie des transitions de phases comme un point de séparation entre plusieurs phases, pour lequel la longueur de corrélation du système est divergente. Cette longueur de corrélation est la distance au-delà de laquelle deux éléments pris au hasard dans le système ne sont plus «en phase» ou bien encore corrélés. Pour avoir une transition de phases il faut un paramètre de contrôle. Ce type de transition de phase est du second ordre (non linéaire).

La notion de criticalité auto-organisée a été introduite par P. Bak, Tang et Wiesenfeld dans [Bak et al., 1987]. L'idée principale est que certains systèmes peuvent évoluer sans paramètre de contrôle, vers un état critique. Le système évolue alors naturellement vers un tel état, l'état critique auto-organisé étant un attracteur de la dynamique.

On doit donc faire la différence entre un point critique et un point critique auto-organisé. Ainsi un point critique traditionnel est une transition entre deux états stables (phases) (fig. 1.10(a)) du système alors qu'un point critique auto-organisé se trouve entre deux états instables du système (fig. 1.10(b)). Tout état instable tend à atteindre l'état critique auto-organisé.



(a) État critique (b) État critique auto-organisé

Fig. 1.10 – Criticalité auto-organisée

Ainsi donc, la larve du fourmilion a compris depuis longtemps cette notion de criticalité auto-organisée et l'utilise. Le piège est dans un état critique auto-organisé, une perturbation par l'intermédiaire d'une proie se produit, l'avalanche se déclenche et le piège se retrouve à nouveau dans un état critique auto-organisé prêt à nouveau à fonctionner !

1.3.3 Vers une utilisation de la métaphore

Par rapport aux objectifs que nous avons fixés au début de notre propos, nous avons donc tenté de comprendre et d'expliquer le fonctionnement et l'organisation d'un système vivant en proposant un modèle et en mettant en œuvre une simulation. Ici se pose le problème de l'informatique bio-inspirée : le modèle du vivant obtenu et les artefacts informatiques sont-ils transposables de façon générique à d'autres problèmes ?

Nous ne développerons ici que très brièvement ce point puisqu'il va constituer l'un des fils conducteurs de ce mémoire, mais constatons néanmoins que le modèle utilisé pour la simulation est un automate cellulaire[7]. Ceci s'inscrit parfaitement dans l'esprit de la science informatique dont l'un des apports est la modélisation des comportements. Notre modèle est simple et constitue un univers où on a fixé les règles d'interactions, on teste et analyse le comportement d'un univers simplifié, image imparfaite d'une réalité. On est bien là, face à un modèle qui représente les structures essentielles d'une réalité et qui est capable à son niveau d'en expliquer ou d'en reproduire dynamiquement le fonctionnement. Ceci dans le but en particulier de comprendre cette réalité, de la connaître, de savoir ce qu'elle est, de prévoir son comportement et évidemment de transmettre cette connaissance. Les automates cellulaires sont utilisés dans de nombreuses applications de domaines différents. Sans être aucunement exhaustif, pour plus d'informations on pourra lire par exemple [Ganguly et al., 2003], citons néanmoins :

- Modélisation de systèmes physiques ou biologiques. C'est souvent une alternative aux équations différentielles comme dans le cas des équations de Navier-Stokes [Rothman and Zaleski, 1994] mais aussi également dans les problèmes épidémiologiques [Zorzenon dos Santos and Coutinho, 2001].
- L'analyse de dynamiques urbaines, de trafic routier [Simon and Nagel, 1998], de feux de forêts, ...

Notre fourmilion entretient donc un état critique auto-organisé pour mieux piéger ses futures proies, pouvons nous rapprocher cela à d'autres problèmes ou nous en inspirer ?

Les idées qui viennent à l'esprit sont immédiatement les problèmes d'embouteillage [Paczuski and Nagel, 1996] ou même les mécanismes économiques, mais il existe de nombreux autres exemples dans lesquels les protagonistes ont une rationalité et des pouvoirs d'action limités. La nature semble opérer dans certains cas selon des processus critiques auto-organisés, et on a vu dans le cas de notre larve que cela présentait un certain nombre d'avantages indéniables. Peut on dans certains cas, concevoir des artefacts informatiques possédant cette propriété ?

Les systèmes multi-agents sont un domaine fécond pour cela [Marcenac, 1998] même si c'est souvent l'auto-organisation seule qui est considérée [Serugendo et al., 2006]. Mais on peut également s'orienter, à un plus bas niveau, vers l'informatique distribuée en considérant la gestion d'un système distribué constitué de ce que nous appellerons des ressources de calcul. Le but est alors de faire bénéficier aux applications/processus/tâches/agents[8]..., pleinement de la puissance de calcul disponible, et principalement des ressources de calcul inactives ou peu chargées. L'objectif, le plus couramment poursuivi est l'amélioration des performances globales du système et des applications. Le système peut être vu comme un système critique auto-organisé.

Pour cela on peut imaginer un système distribué organisé en réseau régulier ou non

[7]Il est évident que nous ne prétendons pas que le problème du fourmilion est la source d'inspiration des automates cellulaires. Ils existaient bien avant notre exemple.

[8]On retiendra processus pour la suite de notre propos.

où chaque ressource à des voisins et les connaît. Chaque processus coûte $c \in [1..n]$ et dure $t \in [1..p]$. Donc si un nouveau processus de coût c apparaît sur une ressource pouvant supporter cette nouvelle charge, il est traité. Sinon il est envoyé à l'un de ses voisins ou il est éventuellement traité sur la ressource sur laquelle il est apparu, mais alors un ou plusieurs autres processus sont envoyés à un ou plusieurs voisins afin de ne pas surcharger la ressource. Lorsque l'ensemble du réseau est à la limite de ses capacités il est dans un état critique, de même lorsqu'un sous réseau a atteint sa capacité nominale, une perturbation comme la création d'un nouveau processus va provoquer une avalanche dans ce sous-réseau qui peut éventuellement se propager. Les questions qui se posent sont comment gérer l'auto-organisation et la criticalité et faut-il comme le fourmilion éviter le processus d'accumulation en «supprimant» certain processus lorsqu'une ressource a par exemple épuisée ses voisins et/ou gérer le temps ?

Chapitre 2

Positionnement

Sommaire

2.1 Système 18
2.1.1 Système fermé - système ouvert 19
2.1.2 Système autonome - Système dissipatif - Système vivant . 20
2.2 Complexité 22
2.2.1 Systèmes complexes 22
2.2.2 Organisation, structure et forme 24
2.2.3 Auto-organisation 26
2.3 Émergence 30
2.3.1 Causalité 32
2.3.2 Phénomènes émergents synchroniques et diachroniques . . 33
2.3.3 Types d'émergence 34
2.3.4 Mesure de la complexité 35
2.4 Typologie de l'émergence 37
2.4.1 Émergence simple 37
2.4.2 Émergence faible 38
2.4.3 Émergence forte 40
2.5 Intelligence collective 41
2.5.1 Interactions, auto-organisation et stigmergie 43
2.6 Conclusion 44

Nos travaux trouvent leur cadre conceptuel de base dans la théorie des systèmes [von Bertalanffy, 1973], la systémique [Wiener, 1948, de Rosnay, 1975] et le paradigme de système complexe [Le Moigne, 1990]. Nous allons donc détailler dans ce qui suit ce positionnement.

2.1 Système

Système est un terme couramment employé en sciences, son acception varie d'un domaine à l'autre et même d'un auteur à l'autre. Nous allons tenter d'en cerner le contour.

Ainsi [de Saussure, 1931] définit un système comme une «*Totalité organisée, faite d'éléments solidaires ne pouvant être définis que les uns par rapport aux autres en fonction de leur place dans cette totalité*». Cette définition d'un système nous semble particulièrement pertinente puisqu'elle met en avant le concept d'organisation en le liant à celui de totalité et d'interrelation/d'interaction. Autrement dit, les interactions entre entités, éléments, événements ou individus, dès lors qu'elles ont un caractère régulier ou stable, deviennent organisationnelles et constituent une matrice créatrice, attractive et éventuellement stable et durable. [Le Moigne, 1990] pour sa part propose : «*un système général est une intervention finalisante dans un environnement*», il introduit les notions d'action et d'environnement, certains comme [de Rosnay, 1975] ajoutent un aspect téléologique : «*un système est un ensemble d'éléments en interaction dynamique organisés en fonction d'un but*».

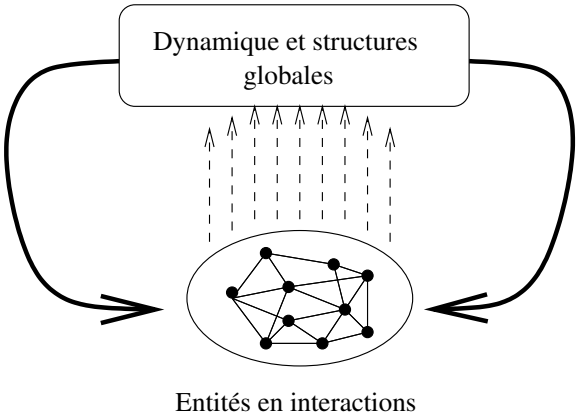


FIG. 2.1 – Vue schématique d'un système

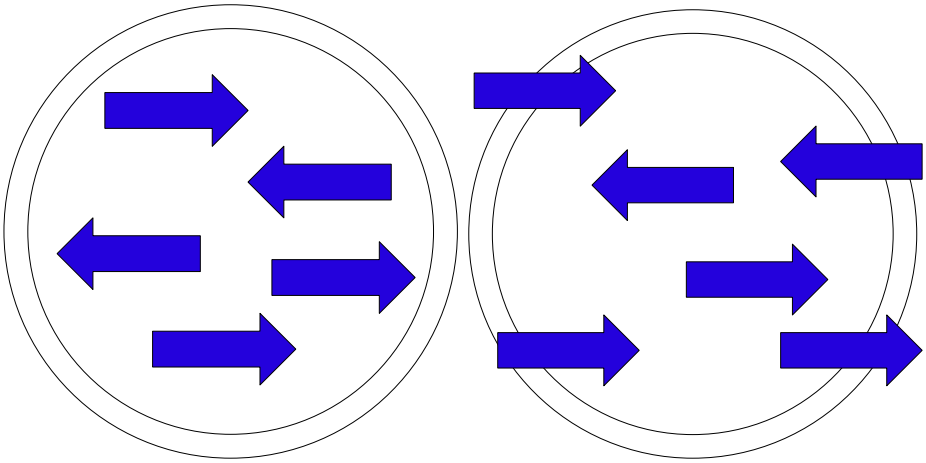
De notre point de vue, un système (voir figure 2.1) est un ensemble constitutif formé d'entités en interactions mutuelles et en interaction avec un milieu extérieur ou environnement. Le système et ses constituants répondent aux trois propriétés holistiques irréductibles suivantes :

1. Dépendance interactive : les structures et les dynamiques des entités du système dépendent les unes des autres. Par conséquent, si on isole une entité on la modifie et si on agit sur certaines cela a des conséquences sur d'autres.

2. Existence ou émergence d'une entité globale : de l'ensemble des unités fonctionnelles et de l'ensemble de leurs interactions émerge une entité nouvelle montrant une structure, des propriétés et une dynamique nouvelles par rapport à celles de ses composantes. Cette entité globale interagit avec son environnement. «*Le tout est plus que la somme de partie*»[9].
3. Phénomène de rétroaction de l'organisation globale sur ses parties constitutives : «*le tout est moins que la somme des parties*»[Morin, 1981, Morin, 1990].

2.1.1 Système fermé - système ouvert

Un système peut-être ouvert, fermé ou isolé cela en fonction des échanges qu'il a avec l'extérieur, cela caractérise donc les interactions qu'il peut avoir avec son environnement (voir figure 2.2).



(a) Système fermé (b) Système ouvert

FIG. 2.2 – Système ouvert - système fermé
D'après [de Rosnay, 1975]

Un système isolé est complètement autonome et n'échange rien avec l'extérieur, c'est-à-dire ni matière, ni énergie. Dans la réalité, il n'existe pas de système isolé [10]. Un système fermé n'échange pas de matière avec l'extérieur à la différence d'un système ouvert, tout deux sont néanmoins traversés par des flux d'énergies. Ainsi, par exemple les systèmes thermodynamiques sont généralement fermés et les systèmes biologiques sont des systèmes ouverts et de ce fait ne respectent pas la deuxième loi de la thermodynamique, Shrödinger l'avait constaté dans [Shrödinger, 1944].

Les flux qui traversent les systèmes sont nécessaires à leur maintien et les structurent. Les systèmes peuvent stocker éventuellement une partie des apports de matière et/ou

[9] **Aristote**

[10] excepté l'univers pris dans son ensemble néanmoins la bouteille thermos en est une bonne approximation.

d'énergie, leur permettant parfois d'entretenir une stabilité dans le temps, néanmoins de petites perturbations peuvent conduire le système à se transformer, à s'organiser différemment, ou même à disparaître. De même, le système peut être plus ou moins sensible aux conditions initiales [Prigogine and Stengers, 1985, Prigogine, 1999]. La trajectoire d'un système se développe dans l'espace des phases constitués de tous les états possibles, certains états pouvant se comporter comme des attracteurs.

2.1.2 Système autonome - Système dissipatif - Système vivant

Un système est autonome s'il est opérationnellement clos [Maturana and Varela, 1994] c'est-à-dire si son organisation est caractérisée par des processus :

- Dépendant récursivement les uns des autres pour la génération et la réalisation des processus eux-mêmes ;
- Constituant le système comme une unité reconnaissable dans l'espace (le domaine) où les processus existent.

Remarquons que cette notion de clôture se distingue de celle de fermeture qui traduirait l'absence d'interaction avec l'environnement. Ces dernières dans le cadre d'un système autonome sont réalisées de façon à conserver sa structure (identité) et sa clôture.

Un système autonome présente donc à la fois des conditions de stabilité et de changement. Ilya Prigogine parle de système dissipatif [Prigogine and Stengers, 1985]. Ce sont, je cite : «*des flots d'ordre dans un océan de désordre*». L'évolution positive ou nulle de l'ordre est obtenue en dissipant le désordre dans l'environnement. Les tourbillons que nous présenterons 3.3 (cf. figure 2.3) sont des structures dissipatives, ils restent stables tant qu'ils sont alimentés par l'écoulement ou non perturbés de façon majeure. La stabilité est assurée par des forces externes au système : dans le cadre des systèmes vivants que nous allons définir dans ce qui suit, la stabilité provient de la dynamique interne.

Un système vivant est bien évidemment un système dissipatif, [Capra, 2003] dégage trois conditions nécessaires pour un système vivant :

- un modèle d'organisation : configuration des relations qui déterminent les caractéristiques essentielles du système ;
- une structure : matérialisation du modèle d'organisation ;
- un processus : activité qui permet au modèle de se matérialiser dans la structure.

Ce ne sont que des conditions nécessaires, elles ne suffisent pas pour caractériser un système vivant, il faut y ajouter, au moins [11], l'hypothèse de l'autopoïese [Maturana, 1981]

[11] La notion de vivant est dans les faits très difficile à définir, néanmoins un être vivant suit trois grands principes : phylogénétique, ontogénétique et épigénétique. Phylogénétique : le matériel génétique peut se transformer et donner naissance à des descendants différents. Ontogénétique : capacité de croître par division et différenciation cellulaire à partir d'une cellule souche. Épigénétique : en un mot, nous n'héritons pas seulement de nos gènes (de l'ADN), des caractères acquis sous l'influence de l'environnement se transmettent eux aussi. Les modifications transmissibles et réversibles portent sur l'expression des gènes. [Bedau, 1996] considère comme vivant les systèmes capables d'une "évolution ouverte". C'est l'espèce et non l'individu qui évolue, c'est donc l'espèce qui est vivante au sens premier, l'individu ne l'est que par rapport à son appartenance à l'espèce. Nous ne sommes donc vivants que parce que nous appartenons à une espèce vivante.

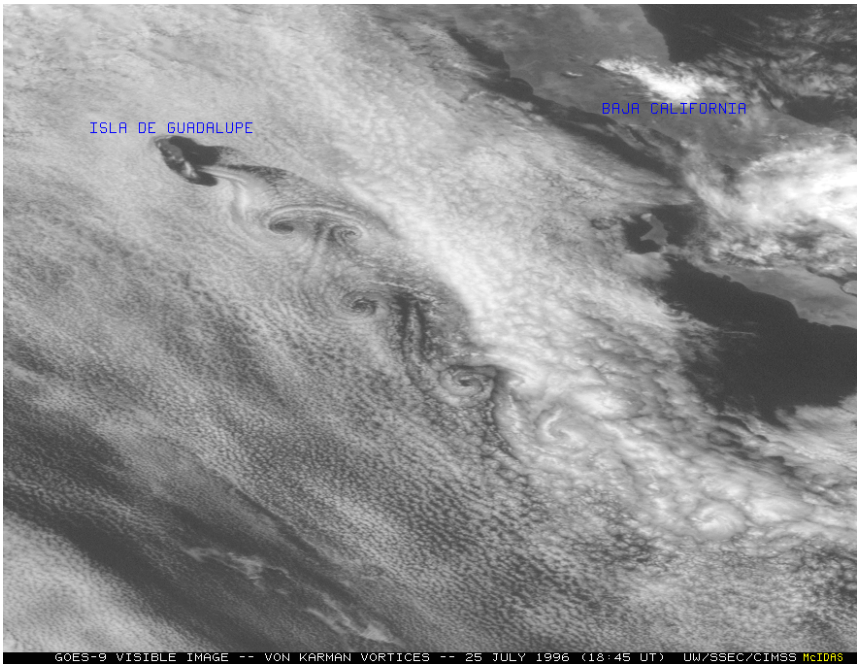


FIG. 2.3 – Allée de Von Karman
Source NASA, `http://disc.gsfc.nasa.gov/oceancolor/scifocus/oceanColor/vonKarman_vortices.shtml`

ou le modèle d'organisation d'un système vivant. Chaque composant a pour fonction de participer à la production ou la transformation des autres composants du réseau, ils s'auto-produisent de façon continue. De plus, certains des composants constituent la clôture opérationnelle formant une frontière qui circonscrit le système, définissant le «quant-à-soi», tout en participant à son auto-production. Les rapports dynamiques d'un système vivant avec son environnement constituent son couplage structurel.

Un système vivant est tout à la fois fermé et ouvert, clos sur le plan de l'organisation, ouvert par rapport à l'environnement. Le flux d'énergie et de matière est essentiel au maintien de l'organisation et à la régénération continuelle de la structure. Ainsi ce qui dure c'est le modèle d'organisation, par contre sa matérialisation n'a qu'une durée de vie très limitée.

Notre définition d'un système vivant est donc un système autopoïetique dissipatif, dont la vie est l'une des propriété émergente.

Terminons sur l'exemple de la cellule qui est sans conteste un système vivant. Elle présente un ensemble de composants, les nutriments, les organelles et le noyau, qui matérialisent sa structure. Au sein d'une cellule, de multiples molécules interagissent perpétuellement. Toutes ces molécules participent à des réactions biochimiques, transformant des molécules en d'autres molécules ou construisant des édifices moléculaires plus vastes. Ces interactions se font suivant le modèle d'organisation et le métabolisme cellulaire constitue le processus. La membrane effectue la clôture et participe aux interactions au même titre que les autres composants et contribue à la production de la cellule toute entière.

2.2 Complexité

Complexité[12], le mot est lâché et il est parfois mis à l'index par des auteurs comme John Horgan [Horgan, 1996] qui n'hésitent pas à parler de «bouillie chaoplexologiste», le trait est sévère cependant force est de constater que de nombreuses définitions de la complexité existent et qu'elle n'offre pas un paradigme unifié [Morel and Ramanujam, 1999]. Qu'on en juge, elle est utilisée comme une mesure d'information d'entropie ou de calculabilité, mais encore il peut s'agir de complexité statique, dynamique, naturelle. ... Il se dégage néanmoins deux grandes catégories, la complexité aléatoire [Kolmogorov, 1965] et la complexité organisationnelle, c'est à cette dernière que nous nous intéresserons plus particulièrement dans la suite de ce document.

Si la complexité [Pour la science, 2004] traverse maintenant les travaux de nombreux scientifiques c'est Von Bertalanffy (thèse de 1928) [von Bertalanffy, 1975] qui a initié ce thème. Il a été poursuivi de manière diverse par Wiener (1948) [Wiener, 1948] et la cybernétique ou encore par Von Neumann (1966) [Neumann, 1966] et les premiers automates cellulaires. Il a ensuite fallu attendre 1980 et Prigogine [Prigogine, 1980] pour que la complexité connaisse un regain d'intérêt. C'est enfin l'école du *Santa Fe Institute* [Santa Fe Institute, 2006] qui fait aujourd'hui figure de référence.

La complexité d'un système est avant tout une propriété combinée du système et de son interaction avec d'autres systèmes, l'observateur (au sens large) pouvant constituer un de ces autres systèmes. C'est le langage, notre culture qui crée notre réalité. En d'autres termes la science ne décrit pas la chose réelle mais uniquement une somme de connaissances acquises. On l'aura compris, l'observateur et sa technique d'observation sont au centre du concept, il y aura émergence ou pas de propriétés nouvelles suivant ce qui est mesuré, suivi, regardé .... La complexité est donc subjective, elle est dépendante de l'observation, de sa description et nous retrouverons ce même problème lorsque nous aborderons le problème de l'émergence.

S'il est difficile de définir la complexité, il est plus facile d'énumérer des cas où il n'y a pas complexité :

- Centralisation ;
- Nombre limité d'interactions et de boucles de rétroaction et/ou pro-action ;
- Décomposition possible, compliqué n'est pas complexe ;
- Comportement prévisible.

2.2.1 Systèmes complexes

Un système complexe se caractérise par de nombreuses entités de même nature ou différentes qui interagissent de façon non triviale (non linéaire, boucle de rétroactions ...) et par l'émergence au niveau global de propriétés nouvelles, non observables au niveau des entités de base. Un système complexe a un comportement holistique. La dynamique de fonctionnement global est difficilement prévisible à partir de l'analyse et l'observation des interactions de base autrement dit le comportement est très difficilement modélisable

[12][Casti, 1994] Dialogue entre deux savants : «La complexité, c'est ce que vous ne comprenez pas», dit le premier, «Vous ne comprenez pas la complexité» dit le second.

par les méthodes analytiques classiques. Le comportement holistique interdit toute analyse descendante qui décomposerait le système en sous-systèmes et ceci jusqu'à les rendre intelligibles. On abandonne donc le cartésianisme [13] au profit de l'«aristotélisme»[14]. Les propriétés globales qui émergent sont sans doute le résultat de la richesse des interactions qui créent des organisations. Il s'agit d'auto-organisation et cette capacité (d'organisation) conduit les systèmes complexes les plus évolués a être adaptatifs. En effet, si on les considère comme des systèmes ouverts ces systèmes s'adaptent aux événements extérieurs. Il y a rétroaction de l'organisation globale sur ses parties constitutives. [15]

Le champ d'application de la théorie des systèmes complexes est vaste et ouvert, sans être exhaustif nous pouvons citer :

- La physique et les problèmes de percolation, la physique des particules ...
- La biologie et les systèmes immunitaires, les systèmes écologiques, les sociétés d'insectes, la synthèse des protéines ...
- Les sciences cognitives et sociales et d'une façon plus générale les sciences de l'homme ;
- ...

Concernant les systèmes complexes Arthur, Durlauf et Lane [Arthur et al., 1997] énumèrent six propriétés :

1. Il existe un grand nombre d'entités hétérogènes qui interagissent uniquement avec un certain nombre d'autres (interactions dispersées) ;
2. Il n'y a pas de centralisme ;
3. Il existe des organisations hiérarchiques transversales avec un grand nombre d'interactions enchevêtrées ;
4. Les entités peuvent s'adapter, apprendre et donc évoluer ;
5. Le système évolue en permanence avec l'apparition et la disparition d'organisations ;
6. Le système n'est jamais à l'optimum global, la dynamique est toujours hors de l'équilibre (il n'existe pas d'équilibre ou on passe d'un équilibre à un autre) .

De ces propriétés se dégagent deux orientations (fig. 2.4) la complexité organisationnelle (points 1 et 3) ou encore connexioniste et la complexité phénoménologique (point 6).

[Schwarz, 1994] considère sept types de processus conduisant à de la complexité et permettant de classer les systèmes par niveau de complexité :

- Accroissement d'entropie : processus d'évolution associé aux systèmes dissipatifs ;
- Création de forme : morphogénèse associée aux systèmes auto-organisants ;
- Recyclage de la matière : cycles associés aux systèmes auto-organisés ;
- Boucles de rétroaction : homéostasie associée aux systèmes auto-régulés ;
- Autoproduction des constituants du système à partir du réseau de relations : autopoïese associée aux systèmes vivants ;

[13]"Le second (précepte) de diviser chacune des difficultés que j'examinerais, en autant de parcelles qu'il se pourrait, et qu'il serait requis pour les mieux résoudre. Le troisième, de conduire par ordre mes pensées, en commençant par les objets les plus simples et les plus aisés à connaître, pour monter, peu à peu, comme par degrés, jusqu'à la connaissance des plus composés" ... **Descartes**, *Discours de la méthode.*

[14]"Le tout est plus que la somme de ses parties." **Aristote** *op.cit.*

[15]" Le tout est moins que la somme des parties". **E. Morin** *op.cit.*

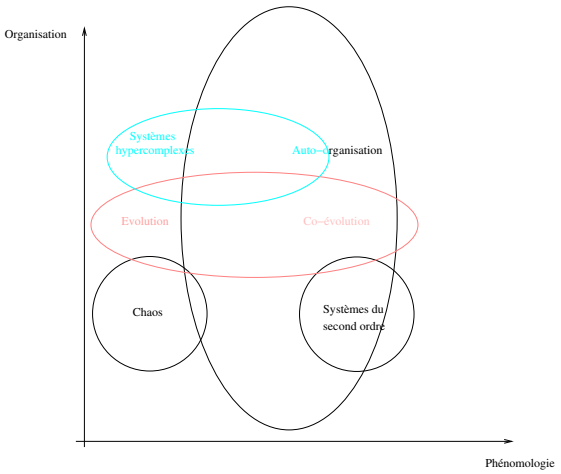


FIG. 2.4 – Complexité organisationnelle et phénoménologique

- Appréhension du niveau de conscience et référence à une image de soi : autoréférence associée aux systèmes auto-connaissants ;
- Création d'existant par l'existant : autogénèse associés aux systèmes en voie d'autonomisation.

L'étude des systèmes complexes passe le plus souvent par des simulations. On décrit alors le système en se plaçant au niveau de ses constituants et de leurs interactions, la simulation à base d'agents en est un des outils. On simule donc le fonctionnement et on tente d'optimiser différents paramètres afin d'obtenir un comportement global satisfaisant. On pourra remarquer que l'on s'éloigne de la vision traditionnelle de l'informatique qui consiste à fournir des données en entrée et attendre des données en sortie qui traduisent la trajectoire du problème étudié. Ici ce n'est plus le résultat mais le comportement de la simulation qui est central, l'observateur y a une place importante. Tout comme dans les écosystèmes on peut voir dans les simulations trois phases, une phase juvénile, mature et enfin sénescente. Ces phases apparaissant en fonction de l'auto-organisation du système simulé. La phase juvénile est une phase de croissance instable durant laquelle les organisations apparaissent. Lorsque le processus devient stable la phase mature est atteinte, l'auto-organisation exerce sa prégnance. La dernière phase est le résultat soit d'une déstabilisation du système qui voit ses organisations disparaître ou la prééminence d'organisations qui font disparaître les moins stables, le système s'engage dans une voie de simplification au dépend souvent de la robustesse.

2.2.2 Organisation, structure et forme

Il est difficile de définir le terme organisation car plusieurs types d'organisations peuvent être présents dans un même système, en fonction des besoins et de l'observateur et/ou de leurs actions. Néanmoins deux types se dégagent :

- les organisations définies uniquement par l'observateur ;

– les organisations qui en tant que telles rétroagissent sur le système dont elles font partie.

Le premier type se scinde en deux. Une première forme d'organisation est de type hiérarchique, comme par exemple une entreprise. Ce type d'organisation est plutôt statique. Ces organisations sont créées par un ou plusieurs «décideurs»qui gèrent centralement la forme de l'organisation.

Une seconde forme d'organisation est constituée par les groupes formés au sein d'un ensemble d'entités par un observateur extérieur[16]. De tels groupes sont arbitraires et dépendent des besoins et des attentes de l'observateur. Il s'agit de séparations suivant un critère particulier d'un ensemble d'éléments, par exemple suivant une relation d'ordre, ou en fonction d'un critère de ressemblance, de sémantique, d'éloignement ou de rapprochement, ... Ce critère de séparation définit les frontières des organisations suivant une notion d'ordre.

Le second type d'organisation concerne celles qui peuvent non seulement être observées mais agissent en tant que tout sur le système dont elles font partie. Cette action est une rétroaction qui elle-même peut entraîner la définition de plus en plus précise de l'organisation. En d'autres termes, elle peut entraîner la formation d'une frontière, ou même d'une forme, délimitant l'organisation, et par là même une notion d'appartenance, donc de critère de sélection. On peut citer l'exemple des cellules au sein du corps humain, mais aussi de groupes sociaux humains qui lorsqu'ils atteignent une masse critique prennent conscience d'eux-mêmes en tant que groupe, en s'identifiant.

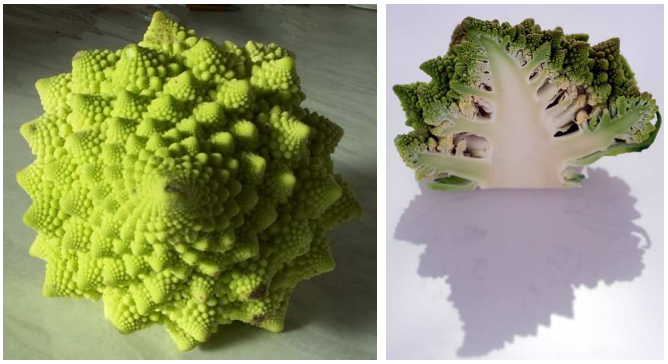
La notion de structure, quant à elle, est beaucoup plus statique par rapport à celle de l'organisation. Elle correspond à l'ensemble des interrelations, interactions ou tout autre forme de liens présents dans le système. Alors qu'une organisation possède un potentiel exprimé ou non en fonction des sollicitations internes ou externes, la structure trace les contours d'une forme [17] par l'intermédiaire des dépendances qu'elle regroupe.

La forme s'inscrit dans un espace, elle correspond à une perception et offre une représentation spatiale à la fois de l'organisation et de la structure (cf. figure 2.5(b)). La forme est porteuse de sens et on rejoint en cela la Gestalt [Rosenthal and Visetti, 1999], même si cette théorie s'est développée, tout d'abord, dans le cadre de la perception cognitive et plus particulièrement la psychologie de la forme. C'est aussi maintenant, et même d'abord, une théorie générale des formes et des organisations. Il n'est donc pas surprenant qu'elle

[16]Il est donc possible de trouver de telles organisations au sein d'une organisation hiérarchique.

[17]« Donnons la parole à [Merleau-Ponty, 1942] : »*La notion de forme qui nous a été imposée par les faits se définissait comme celle d'un système physique, c'est-à-dire d'un ensemble de forces en état d'équilibre ou de changement constant, tel qu'aucune loi ne soit formulable pour chaque partie prise à part et que chaque vecteur représentant mathématique de tel ou tel paramètre local soit déterminé en grandeur et en direction par tous les autres. Chaque changement local se traduira donc dans une forme par une redistribution des forces qui assure la constance de leur rapport, c'est cette circulation intérieure qui est le système comme réalité physique, et il n'est pas plus composé des parties qu'on peut y distinguer que la mélodie, toujours transposable, n'est faite des notes qui en sont l'expression momentanée. Unité intérieure inscrite dans un segment d'espace, et résistant, par sa causalité circulaire, à la déformation des influences externes, la forme physique est un individu [...]. Chaque forme constitue un champ de forces caractérisé par une loi qui n'a pas de sens hors des limites de la structure dynamique considérée, et qui par contre assigne à chaque point intérieur ses propriétés, si bien qu'elles ne seront jamais des propriétés absolues, des propriétés de ce point*».

s'invite dans nos travaux qui s'intéressent aux notions de formes, structures et organisations. C'est l'un des intermédiaires que nous utilisons pour «com-prendre» autrement dit prendre ensemble.



(a) Vue du dessus (b) Coupe

FIG. 2.5 – Choux romaneco montrant une forme et une organisation fractale

La forme crée une continuité, cette continuité met en évidence le destin commun d'un groupe d'entités élément de la forme, elles co-évoluent.

.

2.2.3 Auto-organisation

L'organisation lie donc de façon interrelationnelle des éléments, des événements ou des individus qui deviennent les composants d'un tout. Elle assume solidarité et solidité relative à ces liaisons, et assure au système une certaine possibilité de durée en dépit de perturbations aléatoires. L'organisation donc : transforme, produit, relie, maintient. Edgard Morin dans [Morin, 1981] propose d'ailleurs le néologisme *organisaction* pour bien montrer le caractère actif. L'organisation peut être issue du système lui-même et donc exhiber les caractéristiques de l'auto-organisation qui correspond à l'aptitude d'un système à «s'instituer» ou à «s'auto-constituer» en produisant ses propres principes d'organisaction de façon ininterrompue. Matura et Varela vont plus loin encore en parlant d'auto-poïese [18], qu'ils considèrent comme la capacité ou l'aptitude qu'a un système vivant de s'auto-produire de façon permanente, de créer constamment et sans discontinuer ses conditions d'existence. Les produits de l'organisation et du fonctionnement de l'être poïetique sont ceux-là mêmes qui produisent son organisation et son fonctionnement. L'auto-poïese ou réorganisation permanente est une catégorie applicable à tout l'ordre biologique, et, par extension, à l'ordre social humain.

Deux logiques existent dans le cas de l'auto-organisation. Pour la première un système présentant des mécanismes d'auto-organisation est organisationnellement clos, les règles d'organisation sont internes au système. Pour la seconde il existe des points de vue

[18]La poiêsis, d'après Platon est «une cause qui, quelle que soit la chose considérée, fait passer celle-ci du non-être à l'être»

extérieurs au système celui, par exemple, de l'observateur qui étudie ce système. Remarquons que ces deux logiques se retrouvent, également, dans les différentes définitions de l'émergence. À notre avis, ces deux logiques ne s'affrontent, ni ne s'opposent.

La première thèse s'applique aux systèmes vivants, la vie c'est le maintient de l'intégrité du système considéré. La perception cognitive du système est alors l'ensemble des relations compatibles avec la conservation de l'identité, c'est à dire celle de la clôture organisationnelle. Cela signifie que pour un système vivant, il n'existe pas d'intérieur ou d'extérieur, nous reviendrons d'ailleurs sur ce point lorsque nous aborderons le système immunitaire (cf. 5.3) en contestant la théorie du soi et du non-soi. Ce que le système perçoit c'est sa propre dynamique. La vision repose sur l'autonomie du système.

La deuxième thèse intègre un niveau extérieur au système considéré, une organisation est vue comme apportant de l'ordre, de la régularité, de la stabilité ... L'ordre et ses variations sont considérés du point de vue du domaine de description du niveau extérieur, ce niveau pouvant être celui d'un niveau plus intégrateur, micro vers macro, par exemple. Cette deuxième interprétation est orientée vers le contrôle puisque l'on peut imaginer le niveau extérieur influençant ou contrôlant le système par le biais des organisations. On comprend ainsi tout l'intérêt que cela présente au niveau des systèmes artificiels.

Ces deux points de vue sont en fait complémentaires, ainsi le domaine cognitif d'un système vivant est fixé par sa clôture organisationnelle. L'organisation est fixée et contrôlée à l'intérieur des frontières dans un processus d'auto-organisation. Par contre l'évolution est le résultat d'un phénomène de dérive structurale à l'intérieur du processus, ceci garantit la conservation de la clôture cognitive de l'unité en interaction, mais autorise le contrôle par tout ce qui favorise ou limite la dérive. Tout système vivant est autonome, mais est le résultat de l'évolution.

La détection des *organisactions* constitue donc un des point central de mon travail et j'aurai du appeler ce mémoire : «Modélisation informatique de systèmes à base d'interactions, et détection d'ORGANISACTIONS, modèles du vivant». Mes travaux s'inscrivent dans la logique que nous venons de décrire. On tente de détecter les organisactions, afin soit de les réifier et de les réintroduire dans certain cas dans la simulation dans une démarche de changement d'échelle, par exemple, ou encore afin de faciliter leur maintien, favoriser ou limiter leur développement et même contribuer à leur apparition.

Mécanismes de l'auto-organisation

Mais comment les organisations et les formes apparaissent-elles ? Cela est du aux interactions très nombreuses se produisant au sein du système. Ces interactions se font entre les entités elles-mêmes, mais aussi avec l'environnement. On peut distinguer quatre facteurs fondamentaux :

- des rétroactions positives ;
- des rétroactions négatives ;
- la présence d'un nombre critique d'entités en interaction ;
- l'amplification des fluctuations.

On parle ainsi de rétroaction positive lorsqu'en réponse à une modification d'un paramètre d'un système, le système «répond» en changeant ce paramètre à nouveau *dans le même sens*. C'est le cas par exemple, si en réponse à l'augmentation de la taille d'une

organisation, cette organisation grandit encore plus. On considère généralement les rétroactions positives comme un mécanisme «explosif» dans le sens où si rien ne le stoppe, le phénomène s'amplifie continuellement.

Un exemple simple de rétroaction positive peut être donné en sociologie : plus un groupe social est gros, plus il devient attractif ou puissant, et plus il attire d'individus en son sein. On le voit cependant, s'il n'est pas contrôlé, ce processus mène à l'explosion du groupe qui devient trop important.

Quant aux rétroactions négatives, comme leur nom l'indique, elles prennent le contrepied des rétroactions positives. On parle de rétroaction négative lorsqu'en réponse à un changement d'un paramètre du système, le système répond en changeant ce paramètre dans le sens contraire. Les rétroactions négatives ont un effet stabilisateur, elles maintiennent les structures et organisations créées par rétroactions positives. Les termes «négatif» et «positif» ne doivent pas être compris dans l'acception «bénéfique» et «néfaste», simplement une rétroaction négative stabilise, et une rétroaction positive amplifie le phénomène.

L'exemple le plus simple et connu de régulation par rétroaction est le thermostat. On va cependant l'éviter en prenant un exemple du vivant : la régulation physiologique de l'axe gonadotrope. Chez le mâle, le maintien de la concentration de la testostérone est indispensable à l'entretien des caractères sexuels et au déroulement de la spermatogenèse. La testostérone est sécrétée par les cellules (Cellule de Leydig) du tissu interstitielles des testicules, situées entre les tubes séminifères. La concentration plasmatique de testostérone résulte d'un équilibre dynamique entre sécrétion continue d'une part, dégradation puis excrétion d'autre part.

La production de testostérone est régulée par une chaîne complexe de signaux (voir figure 2.6), désignée axe hypothalamo-hypophyso-gonadique. La sécrétion de la gonadolibérine (GnRH) par l'hypothalamus se fait de façon pulsatile et cette hormone atteint l'adénohypophyse par le système porte hypophysaire. L'adénohypophyse libère alors l'hormone lutéinisante (LH) laquelle stimule, en retour, la production de testostérone par les cellules interstitielles des testicules. La production de testostérone est contrôlée par une boucle de rétroaction négative. Des taux de testostérone supérieurs à la normale dans la circulation inhibe la sécrétion de GnRH par l'hypothalamus, ce qui a pour effet de réduire la sécrétion de LH et d'abaisser les taux de testostérone. La rétroaction négative de la testostérone sur le complexe hypothalamo-hypophysaire permet donc de maintenir constant la testostéronémie.

On parle de morphogénèse lorsque les rétroactions positives amplifient la création d'un groupe, d'une structure ou d'une organisation, en un mot d'une forme, morphogénèse signifiant littéralement création de forme. On parle aussi de processus auto-catalytique en référence à la physique.

On parle de morphostase lorsque le processus de morphogénèse est contrôlé par des rétroactions négatives qui le ramènent sans cesse vers l'équilibre, limitant les amplifications, morphostase signifiant conservation de forme.

Ainsi, si les rétroactions positives créent des organisations et ont un facteur générateur nommé morphogénèse, les rétroactions négatives les maintiennent dans une «forme stable» en tant que telle nommée morphostase. Cependant, des interactions extérieures (environnement, autres organisations) peuvent à tout moment déstabiliser les organisa-

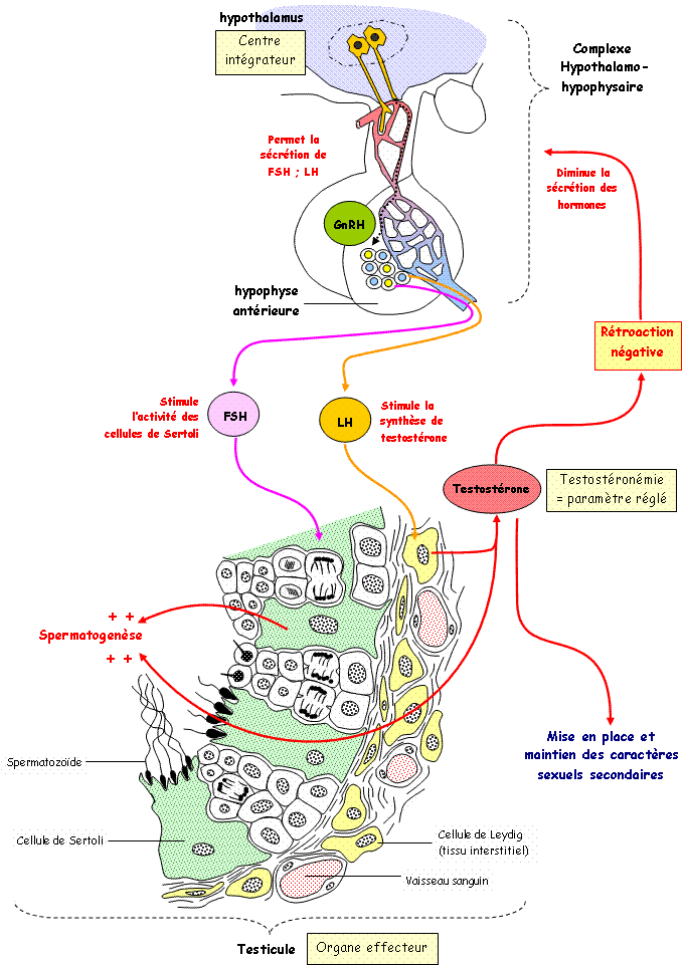


FIG. 2.6 – Régulation de la fonction de reproduction chez l'homme

tions de telle façon que :

- les rétroactions positives font exploser l'organisation ;
- les rétroactions négatives font disparaître l'organisation ;
- un facteur extérieur essentiel n'est plus disponible, faisant disparaître l'organisation.

L'auto-organisation crée donc des formes qui se développent en trois phases :

1. La phase juvénile, dans laquelle les interactions positives sont plus fortes, où les interactions négatives n'ont pas lieu, car aucun seuil de déclenchement n'a été rencontré. C'est la morphogénèse, l'apparition de la forme.
2. La phase adulte, dans laquelle les interactions positives et négatives jouent de concert, maintenant implicitement la forme en état. C'est la morphostase.
3. La phase sénescente, dans laquelle un facteur déstabilisant détruit la forme.

Les rétroactions négatives et positives, bien que nécessaires à l'auto-organisation, et en étant en quelque sorte la signature, ne sont pas forcément signe d'auto-organisation. Il est bien entendu possible d'observer des systèmes dans lesquels il y a ces deux formes de

rétroactions sans pour autant qu'il y ait auto-organisation (le thermostat, la régulation en automatique). En effet, d'autres critères sont essentiels : un nombre critique d'entités en interaction et la capacité de créer ses propres boucles homéostatiques.

Les systèmes présentant des caractéristiques d'auto-organisation sont régulés par un cycle quatre phases (voir figure 2.7) :

1. Une phase de dérive tropique due aux flux d'énergie, de matière et d'information provenant de l'environnement. Si ces flux entretiennent le système, ils peuvent également le déstabiliser, le désorganiser et être à l'origine de rupture du comportement.
2. L'aléa, le hasard, le système dévie de sa trajectoire, un point de bifurcation apparaît du aux tensions provoqués par la phase précédente. Si le système est soumis principalement aux rétroactions positives, il régresse ou même disparait, il peut revenir à l'état initial, ou encore atteindre la phase suivante.
3. C'est une phase de transformation importante, de métamorphose, elle est le résultat soit d'une adaptation au contexte, soit une morphogénèse résultat de l'auto-organisation. Le système a atteint un nouveau stade d'organisation.
4. C'est le retour à la stabilité, des boucles de régulation homéostatiques sont à nouveau en place et assure la stabilité de l'état du système jusqu'à une prochaine dérive tropique conduisant à une bifurcation .....

Les modèles qu'ils faut donc développer doivent être basés sur les conséquences globales des interactions des éléments qui les constituent, et on peut alors suivre dans le modèle l'évolution de ces éléments. Cette caractéristique donne un certain pouvoir d'expression à ces modèles [Cardon, 2005].

2.3 Émergence

Pour essayer de cerner le concept d'émergence ce n'est pas l'absence de définition qui pose un problème mais plutôt l'abondance qui finit par rendre le mot polysémique. Les définitions se rapportent au domaine mais également à l'école scientifique de son auteur. [Deguet et al., 2005] montrent que plusieurs milliers d'articles scientifiques mentionnent le mot clef «émergence».

S'il faut rechercher l'origine du concept en philosophie, c'est sans doute à Galen[19] [Caston, 1997] à qui il faut en attribuer la paternité, néanmoins c'est le courant émergentiste britannique créé, fin XIX^{ème} début XX^{ème} siècle, qui en a fixé les bases. [Mill, 1843, Broad, 1925] définissent l'émergence comme l'apparition, à travers l'évolution du monde, de propriétés d'un certain niveau à partir de propriétés du niveau précédent. Par exemple, les propriétés chimiques émergent des propriétés physiques des atomes. Le concept d'émergence a été repris et développé par le courant de pensée systémique [de Rosnay, 1975] avec la symbionomie[20] par exemple, et en intelligence artificielle distribuée [M. R. Jean, 1997]

[19] Claudius Galenus of Pergamum (129-200).

[20] Étude de l'émergence des systèmes complexes par auto-organisation, autosélection, coévolution et symbiose.

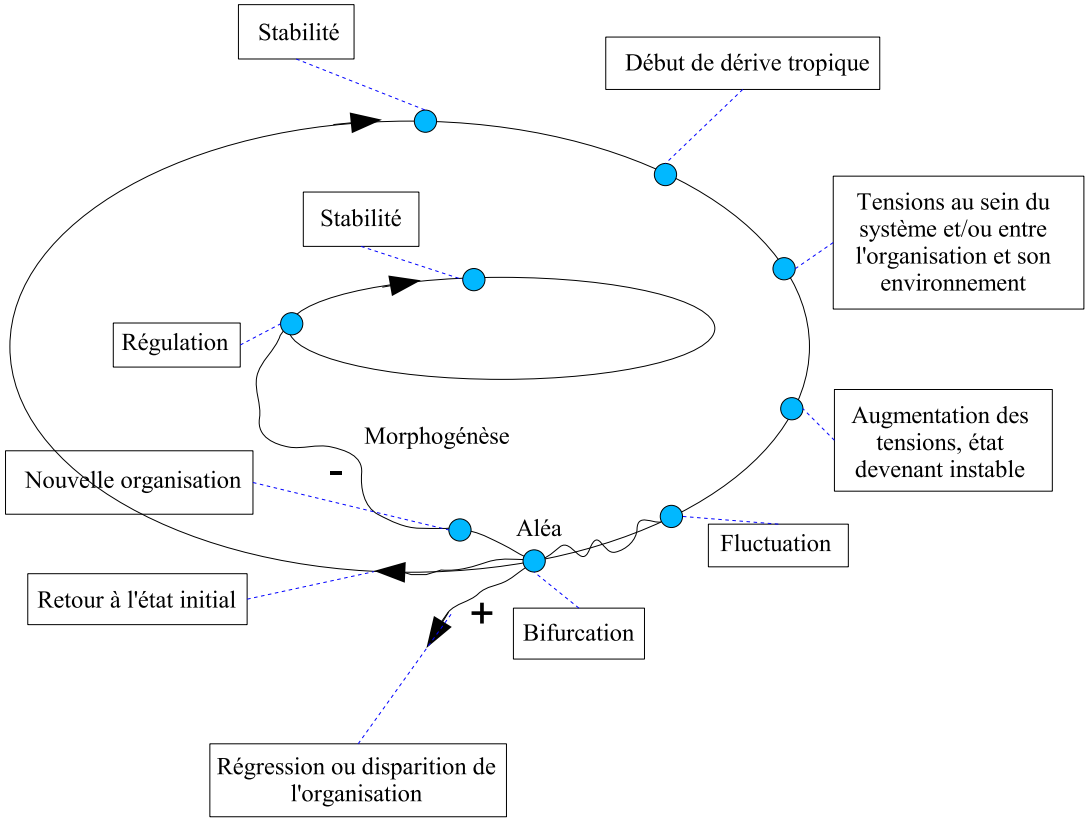


FIG. 2.7 – Dynamique de l'auto-organisation

avec en particulier l'étude des mécanismes d'émergence dans les systèmes multi-agents.

Les systèmes complexes et l'émergence amènent à s'interroger sur le principe de causalité.

2.3.1 Causalité

Qu'en est-il de la rationalité, dans le cadre de l'émergence et des systèmes complexes ? En effet, le principe de causalité nous dit que tout phénomène à une cause et que dans les mêmes conditions, la même cause est suivie du même effet. Face aux multiples boucles de rétroaction et à l'aléa la causalité peut sembler difficile à établir !

[Aristote, 2002] propose quatre causes :
- La cause matérielle - la matière de la chose - D'où provient elle et de quoi est-elle faite ?
- La cause formelle - la définition (la quiddité), la forme - Quelle est sa forme ou quel est le modèle imité ?
- La cause motrice (la cause efficiente) - le mouvement, la dynamique - Quel est le principe ou le mouvement qui lui a donné naissance ?
- La cause finale - la raison d'être, le rêve projeté - Dans quel but a-t-elle été faite ?

Des auteurs comme [Bedau, 2003, Emmeche et al., 2000] pensent que des propriétés émergentes ne respectant pas le principe de causalité ne sont que des épiphénomènes [21]. Si l'on considère les quatre types aristotéliciens traditionnels de causalité, dans le cadre de l'émergence, on peut proposer l'interprétation suivante :
- La causalité matérielle, qui exprime qu'une entité est composée d'autres entités ;
- La causalité formelle, qui se rapporte à la forme d'une entité ou d'un processus donné. Elle correspond à la structure, l'organisation ...
- La causalité efficiente, qui signifie que quelque chose implique, provoque ... Elle repose sur une chronologie et sous-entend un transfert d'énergie, d'information ou de matière.
- La causalité fonctionnelle qui se raporte au rôle joué par une partie dans un tout, mais aussi au rôle d'un tout sur une ou plusieurs parties.

La causalité, dans ce contexte, ne peut être comprise que si l'on parle de la boucle de rétroaction qui devient récursive, c'est-à-dire une boucle causale où l'effet agit sur la cause et la remet de nouveau en action. La causalité y est à la fois ascendante et descendante (voir figure 2.8).

La causalité ascendante s'exprime par des phénomènes d'instabilité qui malgré un grand nombre d'entités d'un système, permettent à une ou quelques unes d'entre elles d'influencer un niveau plus global, alors que la causalité descendante intervient par exemple dans un processus de sélection.

[21] « *emergent properties without causal power would be mere epiphenomena* » [Bedau, 2003]. Le problème de ce terme est qu'il est souvent utilisé dans des contresens.

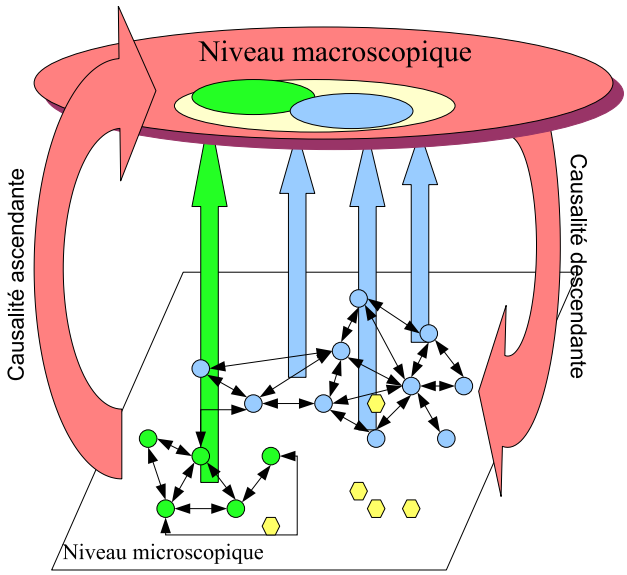


FIG. 2.8 – Causalité circulaire

2.3.2 Phénomènes émergents synchroniques et diachroniques

Pour étudier les transformations de tout système, il est nécessaire de prendre en compte le temps. Dans les systèmes dynamiques des échelles temporelles différentes, qui correspondent à des vitesses d'occurrence d'événements subit par le système, peuvent exister. Les variables [22] du système évoluent dans l'une des échelles et interagissent ou sont influencées par d'autres variables qui elles mêmes évoluent éventuellement dans une autre échelle de temps. La temporalité est de ce fait imbriquée. Dans un esprit de simplification, on considère souvent trois échelles, la première rapide, la seconde lente et enfin la dernière fixe. Les variables rapides correspondent généralement aux interactions quasi-instantanées présentes aux niveaux dits microscopiques, alors que les variables lentes sont associées aux niveaux macroscopiques engagés dans la voie de l'adaptation. Pour prendre un exemple, la pente du lit d'un fleuve crée l'écoulement qui s'effectue dans ce lit et le creuse.

Un phénomène émergent synchronique suppose que les niveaux microscopique et macroscopique soient présents simultanément. On considère que les échelles temporelles sont du même ordre, aussi bien, dans le sens causal ascendant que dans celui descendant. La boucle se fait autour d'un point d'équilibre, autrement dit en l'absence de perturbation, le processus semble présenter un état de stabilité, l'émergence ayant tendance à renforcer le phénomène. Un processus d'émergence synchronique s'inscrit dans l'instant.

Le phénomène émergent diachronique explique la genèse et l'évolution du processus [Kim, 1999]. Il met en évidence comment le niveau macroscopique est progressivement issu du niveau microscopique, autrement dit il suppose que l'émergence dans ce cadre est évolutionnairement explicable. Il correspond à un processus séquentiel d'adaptation entre les niveaux macroscopique et microscopique. Alors qu'un phénomène émergent synchronique

[22] Nous avons retenu ce mot pour la suite de notre propos, dans le sens qui varie et/ou fait varier, il désigne aussi bien entités, organisations, grandeurs, paramètres ...

est le résultat des interactions instantanées entre les entités du niveau microscopique, un phénomène émergent diachronique s'exprime dans des temporalités différentes, à court terme dans le sens de la causalité ascendante, à long terme dans le sens de la causalité descendante. Cela génère, à court terme, des états transitoires et éventuellement, à long terme, des états (pseudo-)asymptotiques.

2.3.3 Types d'émergence

De nombreuses classifications existent dans la littérature, elles sont de diverses inspirations néanmoins un grand nombre d'entre elles prennent leurs sources en épistémologie.

Ainsi le dictionnaire de Philosophie de Cambridge [Audi, 1995] , nous propose les deux types suivants :

- l'émergence descriptive ; il y a des propriétés du tout qui ne peuvent pas être définies à l'aide des propriétés des parties.
- l'émergence explicative ; les lois des situations les plus complexes dans le système ne sont déductibles d'aucune façon par composition des lois des situations les plus simples.

Ce type de classification différencie les structures/organisations donc la description, de l'explication constituée des lois/règles.

Cependant les deux classes que l'on rencontre le plus souvent dans la littérature, aussi bien en épistémologie, que dans les sciences utilisant une approche émergentiste sont : l'émergence forte [Chalmers, 1996] et l'émergence faible [Bedau, 1997]. Timothy O'Connor et Hong Yu Wong dans l'encyclopédie de philosophie de Standford [Zalta, 2006] parlent d'émergence épistémologique[23] pour l'émergence faible et d'émergence ontologique[24] pour l'émergence forte.

Émergence forte

[Chalmers, 2002] nous dit [25] qu'il y a émergence forte lorsqu'il y a apparition de structures/organisations (émergentes) à un niveau plus élevé qui possèdent de propriétés nouvelles non réductibles même en théorie à une composition quelconque des propriétés et/ou des lois/règles des niveaux inférieurs. L'émergence forte concerne des propriétés indépendantes de toute observation, intrinsèques au système, de sorte qu'elles vont interagir avec les autres constituants du système de manière originale. Il n'existe plus de lien causal entre les constituants de la structure émergente et ses propres propriétés. L'émergence est immanente au système.

Les exemples les plus souvent donnés sont la vie (gènes, code génétique et acides aminés), la culture (mèmes [Dawkins, 1978], langage et système de transmission et stockage - écriture -), la conscience. Pour Searle par exemple [Searle, 1992] les états mentaux sont

[23] Qui est relatif à la science.

[24] Qui relève de l'être.

[25] « *We can say that a high-level phenomenon is strongly emergent with respect to a low-level domain when truths concerning that phenomenon are not deducible even in principle from truths in the low-level domain*».

des propriétés émergentes, mais non réductibles à des niveaux inférieurs. Un phénomène de haut-niveau est fortement émergent s'il n'est pas déductible à partir des niveaux plus bas.

Émergence faible

[Bedau, 1997] nous propose la définition suivante : l'état macroscopique P du système S étant donné les microdynamiques D est émergent au sens faible si P peut être dérivé de D et des conditions externes de S mais seulement à partir d'une simulation.

Chalmer écrit : « *We can say that a high-level phenomenon is weakly emergent with respect to a low-level domain when truths concerning that phenomenon are unexpected given the principles governing the low-level domain*».

2.3.4 Mesure de la complexité

Une propriété souvent mise en avant pour caractériser l'émergence ou plutôt l'auto-organisation d'ailleurs, c'est l'accroissement de l'ordre, ceci de manière interne au système. Cet accroissement est-il mesurable ? On pense tout de suite au second principe de la thermodynamique, cependant il considère le système isolé. Un concept plus applicable est l'entropie statistique H de [Shannon, 1948] qui peut s'appliquer à tout système pour lequel un espace des états E est défini. Elle exprime l'incertitude que l'on a au sujet de l'état e du système en terme de probabilité de distribution $P(e)$.

$$H(P) = -\sum_{e \in E} P(e) log_2 P(e) \tag{2.1}$$

On constate que toutes choses égales par ailleurs, H augmente avec le nombre d'états possible donc une réduction du nombre des états possibles diminue cette mesure. Il faut noter également que les probabilités sont relatives à un niveau d'observation et ce qui est le plus probable au niveau N ne l'est pas nécessairement au niveau $N + i$. Ce type de mesure dépend fortement de l'observateur qui définit les états qui sont pertinents pour modéliser/représenter le phénomène, de plus différentes mesures peuvent être obtenues en fonction des observations. Supposons qu'au niveau N il y ait quatre états : a_1, a_2, a_3, a_4, au niveau $N + 1$ on agrège a_1 avec a_2, a_3 avec a_4, ce qui nous donne $A_1 = \{a_1, a_2\}$ et $A_2 = \{a_2, a_3\}$.

Soit la distribution initiale de probabilité : $P(a_1) = P(a_3) = 0,1$ et $P(a_2) = P(a_4) = 0,4$. Si le système est dans l'état A_1 soit il est dans l'état a_1 ou l'état a_2, on fait de même pour A_2, donc $P(A_1) = P(A_2) = 0,1+0,4 = 0,5$. En utilisant eq. 2.1 $H = 1,72$ au niveau N et $H = 1$ au niveau $N + 1$.

Considérons, maintenant, une évolution du système, on a la distribution suivante : $P(a_1) = P(a_2) = 0,2$ et $P(a_3) = P(a_4) = 0,3$, alors $P(A_1) = 0,4$ et $P(A_2) = 0,6$, $H = 1,97$ et $\frac{\partial H}{\partial t} = 0,25$ au niveau N, $H = 0,97$ et $\frac{\partial H}{\partial t} = -0,03$ au niveau $N + 1$. On constate donc que l'entropie a augmenté au niveau N et diminué au niveau $N + 1$, le système s'est donc auto-organisé du point de vue de l'observateur.

L'ordre qui surgit peut être un ordre trivial, résultat d'une émergence simple, il y diminution de la complexité aléatoire, l'ordre ne produit pas de nouveauté en dehors de lui-même. À l'opposé l'ordre peut être créateur jusqu'à l'autopoïese. C'est au travers des travaux de Kolmogorov, de Chaitin et de Bennett [Delahaye, 1999] que des outils peuvent être dégagés.

La complexité de Kolmogorov-Chaitin [Li and Vitanyi, 1993] est définie sur les objets numérisables autrement dit descriptibles par une suite de 0 et de 1 et c'est la mesure des ressources informatiques nécessaires pour l'engendrer. Un programme peut s'écrire comme une suite finie de 0 et de 1, le programme est autolimité si la longueur totale de la suite est donnée à l'intérieur même du programme ce qui implique que les instructions de début et de fin appartiennent au programme. La complexité de Kolmogorov-Chaitin d'un objet numérisable est alors la longueur du plus petit programme autodélimité capable de l'engendrer. Considérons les deux chaînes de longueur 50 suivantes :

```
01010101010101010101010101010101010101010101010101
01100011100101010001001010001100101100100110011111
```

La première peut être décrite par 25 répétitions de 01 et la seconde n'a aucune description simple et évidente sauf à écrire la chaîne elle-même. Un autre exemple significatif proposé par Delahaye est trois images en noir et blanc d'un million de pixels :

1. Une image toute blanche ;
2. Une image d'un arbre ;
3. Une image où les pixels noirs sont parfaitement mélangés avec les blancs.

L'image toute blanche peut être produite par un programme très simple, l'image de l'arbre par un programme qui contient en lui la donnée des différentes branches, des feuilles, du tronc ..., le programme est donc long, mais moins que celui pour générer l'image aléatoire. Calculer la complexité de Kolmogorov-Chaitin d'un objet, d'un système est souvent impossible, en effet le théorème d'indécidabilité de Chaitin [Chaitin, 2001] montre la chose suivante : Soit s une suite finie 0 et de 1 et $H(s)$ sa complexité de Kolmogorov-Chaitin alors dans tout système formel, seul un nombre fini d'énoncés de type $H(s) = n$ sont démontrables. Donc le plus souvent la complexité d'une suite s ne peut être fixée, il existe néanmoins des façons approchées de calculer la complexité aléatoire comme par exemple les algorithmes de compression sans perte d'information. Cette complexité mesurée n'est pas suffisante pour la problématique des systèmes complexes, elle mesure l'ordre sans règles, sans apport de nouveauté. C'est dans les travaux de [Bennett, 1986, Bennett, 1988, Bennett, 1990] qu'il faut aller chercher une définition complémentaire. Il prend en compte le temps de calcul du plus court programme qui produit l'objet, l'entité le système ... Plus formellement, c'est le temps requis par une machine de Turing pour calculer un objet à l'aide du plus court programme. Le temps de calcul s'appelle profondeur logique. Ainsi, si l'on reprend l'exemple des images, la profondeur logique de l'image blanche et de l'image aléatoire sont très faible et inférieure à celle de l'arbre.

Les différentes mesures que nous venons de présenter rapidement sont incomplètes, souvent inadaptées et surtout très difficilement «computable» , néanmoins elles offrent un

angle de réflexion très intéressant, qui espérons le devrait se développer, pas uniquement en direction de la physique statistique comme c'est le cas actuellement mais également en direction de l'informatique qui a son mot à dire. Il devrait être possible de définir à terme le sens de variation et la vitesse de l'émergence.

Un point de vue intéressant est celui de [Dessalles, 1992, Bonabeau and Dessalles, 1997], qui lient la complexité à l'émergence en définissant cette dernière comme une soudaine réduction de complexité dans un système d'observation.

Ils considèrent :

- Un système comportant un grand nombre d'éléments ;
- Un observateur capable de percevoir l'évolution du système et traiter cette information.

La complexité (relative) du système à un instant donné est mesurée comme la plus courte description que l'observateur peut produire à l'aide de ses détecteurs. De façon plus formelle, soit S un système, soit D un ensemble de détecteurs et soit T un ensemble d'outils permettant de calculer une description des structures détectées grâce à D. Considérons maintenant un détecteur D_k inactif au temps t et actif au temps $t + \Delta t$ alors

$$\begin{cases} C_t(S/T, D_1, \ldots, D_{k-1}, D_k) & = & C_t(S/T, D_1, \ldots, D_{k-1}) \\ C_{t+\Delta t}(S/T, D_1, \ldots, D_k) & < & C_t(S/T, D_1, \ldots, D_{k-1}) \end{cases} \tag{2.2}$$

Ceci est possible car certains D_i sont redondant avec D_k. Ces D_i peuvent être omis dans la description elle est de ce fait plus courte, la complexité relative a donc diminué.

Ils laissent l'outil de mesure à l'observateur qui signalons le au passage, peut être aussi bien interne au système qu'externe.

2.4 Typologie de l'émergence

Nous avons passé en revue dans ce qui précède, de façon non exhaustive mais avec une volonté de mettre en avant les points importants de notre point de vue, ce qui peut permettre de caractériser l'émergence. Pour proposer une classification, nous allons nous appuyer sur la causalité et en particulier sur la nature des rétro-actions, cela veut dire que les aspects synchroniques, diachroniques sont laissés de coté de même que les mesures de l'ordre. On reprend en filigrane la classification de [Bedau, 2003], notre taxinomie s'articule autour de trois formes :

1. Émergence simple ;
2. Émergence faible ;
3. Émergence forte.

2.4.1 Émergence simple

Chacun des éléments qui interagissent ont un rôle fixe et prévisible. Le fonctionnement et le rôle du système est prévisible cependant la fonction du système est différente de la

fonctions de ses composants [Abbott, 2006]. Il n'y a pas de rétro-action mais par contre de la pro-action[26] (cf. figure 2.9).

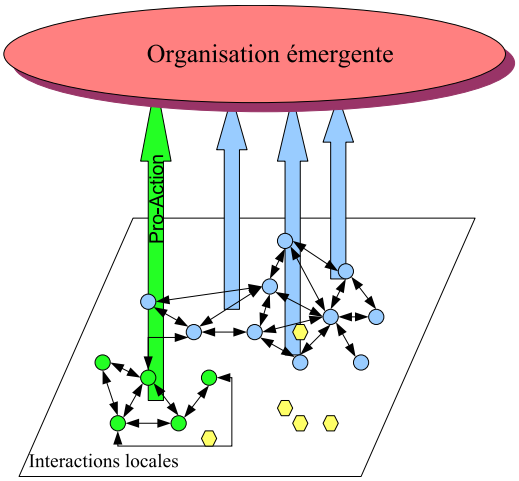


FIG. 2.9 – Émergence simple avec pro-action.

L'horloge et son mécanisme constitués d'engrenages est un bon exemple. [Jones, 2003] parle dans ce cas d'émergence de premier ordre et le comportement général du système est généré par le «feedforward» de ses composants.

On peut également classer dans ce type d'émergence, les propriétés statistiques d'un nombre identique d'entités ou de particules, on pense par exemple à la température ou à la pression. Cette forme d'émergence ne présente pas de caractère diachronique et n'offre pas de nouveauté, c'est une forme de composition. L'émergence dans ce cadre est prédictible, et l'on peut considérer le système comme fermé.

2.4.2 Émergence faible

Les entités interagissent et s'influencent créant de l'organisation uniquement visible à un niveau plus global (cf. figure 2.10). Cette auto-organisation rétroagit sur le niveau plus bas imposant des contraintes aux interactions locales et aux entités. De ce fait les entités s'adaptent en faisant évoluer leur comportement et leur rôle.

C'est sans doute la forme la plus courante d'émergence, celle que l'on retrouve dans les nuées d'oiseaux (cf. fig. 2.11), les bancs de poisson, dans des phénomènes d'urbanisme... C'est un phénomène prévisible mais pas dans les détails en particulier à cause de la boucle systémique pro-actions/rétro-actions.

Une façon de formuler cette idée est donc de dire qu'une propriété, un processus, une organisation est émergent au sens faible, à un niveau donné d'un système, si bien que réductible en principe aux propriétés des entités de niveau inférieur, il semble impossible de prévoir son apparition à partir de la connaissance (même intégrale) des propriétés des entités du niveau inférieur (autrement que par simulation).

[26]Dans le sens agir en avant.

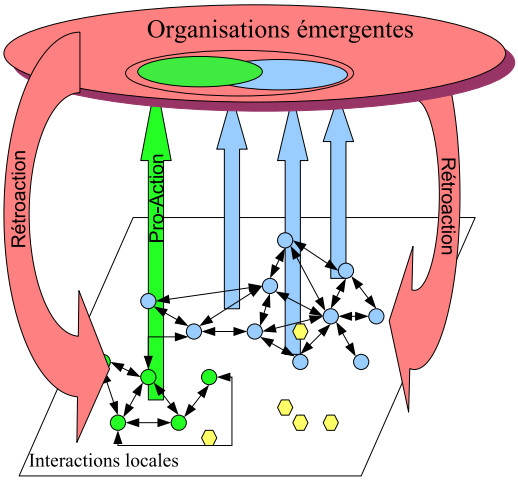


FIG. 2.10 – Émergence faible.

FIG. 2.11 – Vol d'étourneaux sansonnets

Les phénomènes d'émergence sont dans ce cas en général synchronique et diachronique et il y a apparition d'organisation. La causalité est à la fois ascendante et descendante. La nature des interactions peut être diverse, on peut néanmoins en distinguer deux : les interactions directes et les interactions indirectes s'effectuant en général par l'intermédiaire de l'environnement.

La nature de la rétroaction conditionne la stabilité de l'ensemble en effet comme on en a déjà discuté au paragraphe 2.2.3. Si la rétroaction est négative elle contraint le niveau inférieur et le système présente des caractères de stabilité, alors que la pro-action peut présenter des caractères de nouveauté qui vont modifier les organisations. Si la rétroaction est positive cela va amplifier les fluctuations au risque d'obtenir un système très instable jusqu'à sa dislocation.

Jusqu'à présent, nous avons évoqué qu'une unique boucle de rétroaction, elles peuvent néanmoins être nombreuses s'amplifiant, se compensant, ou même se régulant. Dans notre typologie, il nous faut donc rajouter l'émergence faible, mais avec de multiples rétroactions. Il existe des systèmes qui présentent des rétroactions positive à constante de temps généralement rapide et des rétroactions négatives à constante de temps plus long. Les systèmes physiques de réaction/diffusion, certains phénomènes en dynamique de population et les systèmes d'activation/inhibition au niveau du vivant en sont des exemples.

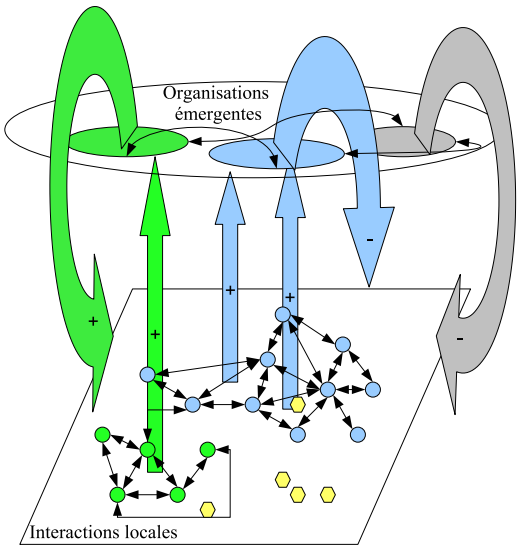


FIG. 2.12 – Émergence faible multiple

2.4.3 Émergence forte

Avant de tenter de préciser le contour de la notion de l'émergence forte, il me semble nécessaire de préciser qu'à mon avis cela peut dépendre de l'état de nos connaissances. S'il ne me semble pas contestable de dire qu'un comportement collectif peut émerger des comportements individuels et que ce comportement collectif rétroagit sur les individus,

l'exemple des fourmis est explicite, par contre l'absence de causalité dans l'émergence forte peut sembler sujette à caution en fonction de nos connaissances. Avant la découverte des phéromones et de leur rôle on aurait pu penser que le mécanisme de recrutement était un cas d'émergence forte [27].

Il y a émergence forte lorsqu'il n'existe pas de causalité entre les éléments/structures/propriétés émergent(e)s de niveau supérieur et les propres propriétés de bases des éléments constitutifs de niveau inférieur. Ce qui a émergé est indépendant de tout observateur, intrinsèque au système. Ainsi la vie serait une propriété émergente forte des gènes, du code génétique et des acides aminés, la culture des mémes, du langage et des systèmes d'informations (écriture mais aussi le web ...) et enfin n'oublions pas la conscience (primaire) qui émergerait de la catégorisation perceptive, de la mémoire et de l'apprentissage.

Au risque d'être un brin provocateur puisqu'il me semble que l'émergence forte repose sur l'absence de causalité on devrait parler d'émergence forte uniquement dans le cas où l'absence de causalité à été démontrée !

2.5 Intelligence collective

> *Dans les sociétés d'insectes, le «projet» global n'est pas programmé explicitement chez les individus, mais émerge de l'enchaînement d'un grand nombre d'interactions élémentaires entre individus, ou entre individus et environnement. Il y a en fait intelligence collective construite à partir de nombreuses simplicités individuelles.*
>
> *Jean-Louis Deneubourg*

Pour qualifier les approches collectives lieu d'interactions multiples, on parle en effet souvent d'intelligence collective, ou intelligence en essaim, cela constitue un des domaine de l'intelligence artificielle distribuée. Le terme intelligence en essaim a été introduit par [Beni and Wang, 1989] dans le cadre de la robotique cellulaire, un robot consiste alors en un ensemble de cellules qui s'auto-organisent selon la tâche à traiter.

L'intelligence en essaim s'inspire en large partie du comportement de groupes ou de sociétés d'animaux dans la nature. Comment, par exemple, les individus d'une colonie de fourmis qui nous semblent si frustres, peuvent ils bâtir des nids dont la taille est plusieurs centaines de fois celle de leur bâtisseurs, organisés, structurés pour maintenir la vie en collectivité d'un nombre très important d'individus, comparable à des villes, et parfois même des réseaux de villes sur plusieurs kilomètres, avec leurs réserves, leurs crèches,

[27] Et d'ailleurs la colonie de fourmis n'est-elle pas réellement le résultat d'une émergence forte si l'on considère comme Richard Dawkins [Dawkins, 1978] que les organismes ne seraient que le truc utilisé par les gènes pour assurer leur survie et leur multiplication : «*Nous sommes des machines destinées à assurer la survie des gènes, des robots programmés de façon aveugle pour transporter et préserver les molécules égoïstes appelées gènes*»

leurs chambres, leurs cimetières, une régulation de la température, un approvisionnement en nourriture, des groupes à but ouvrier, guerrier, ... ? La recherche des mécanismes sous-jacents et des moyens de les simuler pour les réutiliser, ou en inventer de nouveaux, est l'axe de développement majeur de l'intelligence en essaim.

Les modèles déjà mis au point par les biologistes et les informaticiens permettent de simuler une partie du comportement de certains animaux sociaux ou eusociaux. Par exemple le comportement bâtisseur de termites, d'abeilles ou de guêpes, le comportement de chasse des fourmis, ou encore le comportement de bancs de poissons, de vols d'oiseaux, de hordes ou de hardes. Ces modèles sont basés sur une formalisation, souvent assez simple, des comportements individuels au sein d'un groupe, plutôt que sur la description de l'évolution générale du groupe.

Les systèmes collectifs sont souvent capables, non pas au niveau de l'individu mais bien au niveau du groupe, de comportements d'apprentissage, d'adaptation aux changements, de robustesse vis-à-vis des cas non prévus, ... Ce qui fait la particularité de ces approches réside dans le fait que les entités formant l'essaim ont un comportement en général très simple, le plus souvent réactif ce qui présente un grand intérêt pour les approches informatiques.

Les modèles distribués (individus centrés, agents, basés sur la représentation des interactions ...) représentent le phénomène à un niveau qui permet d'observer la formation d'organisations, la création de formes, au sein du groupe représenté. Ils permettent la modélisation, la représentation et l'étude des interactions des entités les unes avec les autres ainsi qu'avec l'environnement. La modélisation explicite de ces interactions rend possible diverses observations :

- la formation de sous-groupes d'individus au sein de la population ;
- la construction d'éléments dans l'environnement ;
- le fonctionnement de castes ;
- la rétroaction de ces éléments sur les sous-groupes et la population.

Cette liste n'est bien entendu pas exhaustive, cependant elle montre bien que certains éléments essentiels sont fournis par une modélisation basée sur des entités, éléments que nous pouvons utiliser, en les adaptant, pour mener à bien d'autres tâches. En particulier nous verrons avec le chapitre consacré à la modélisation d'un écosystème (ch. 3), mais également dans celui traitant du système immunitaire que la capacité à construire des éléments dans l'environnement est d'une grande richesse applicative.

Plus précisément, qu'entendons nous par approche collective ? Toutes les approches collectives ont en commun la définition suivante : *Comportement d'une population d'individus interagissant* **localement** *les uns avec les autres, ainsi qu'avec leur environnement.*

Cette définition est bien sûr très générale, et donc imprécise. Elle reprend la citation de Jean-Louis Deneubourg que l'on retrouve au début de ce paragraphe, plus spécifiquement ciblée sur les sociétés d'insectes. Ce dernier cependant ajoute la notion de «projet global», non programmé explicitement dans le comportement des individus, et parle ainsi d'«intelligence collective». Ainsi une définition d'intelligence collective serait : *Comportement d'une population d'individus aux capacités simples dont les interactions* **locales** *inter-individus et avec l'environnement permettent l'émergence et la réalisation d'un projet global non programmé explicitement.*

Dans ces deux définitions, on insiste sur le caractère local des interactions entre individus. Ces modèles sont en effet caractérisés par une décentralisation totale. Bien que, par exemple, de nombreuses colonies d'insectes aient ce que l'on nomme souvent une «reine», ces individus que l'observateur humain a d'abord privilégié par anthropomorphisme sont cantonnés à la reproduction et en aucun cas n'ont de vision globale de l'état de la colonie, et ne distribuent d'ordres ou de lois sur le comportement général[28].

Cette dernière définition peut aussi paraître insuffisante car elle ne semble pas définir comment ce projet global va être mené à bien. Elle parle de comportement simple des individus, n'ayant aucune vision globale, n'ayant pas connaissance du projet global.

La réponse a trait aux interactions très nombreuses entre les individus et avec l'environnement.

2.5.1 Interactions, auto-organisation et stigmergie

On retrouve dans les mécanismes d'intelligence collective, ce que nous avons mentionné précédemment (cf. 2.2.3), [Théraulaz and Bonabeau, 1997, Bonabeau et al., 1997] :

- L'existence d'interactions multiples, le comportement des uns influence et contraint celui des autres ;
- L'amplification par rétroaction positive, dans le cadre du fourragement chez les fourmis : la trace chimique de phéromone par celles qui ont découvert une source de nourriture conduit les autres congénères à suivre cette piste et à la renforcer.
- L'existence de rétroaction négative, l'évaporation des phéromones qui permet aux fourmis d'oublier les chemins infructueux.
- L'amplification des fluctuations, le comportement n'est pas totalement déterministe et cela permet de créer de la nouveauté et de la diversité, en mettant en place une nouvelle boucle de rétroaction positive. Dans le cas des fourmis cela permet de découvrir ou d'exploiter de nouvelles sources de nourriture [Resnick, 2000].

Nous nous interrogions, comment le projet global pouvait être mené à bien et la réponse que nous donnions était : les interactions ; dans le cadre des insectes sociaux ce sont des interactions indirectes, l'action d'un individu modifie l'environnement. Il est donc support de communication et les actions prennent corps (trace) à l'intérieur de lui. Nous allons reprendre largement cette métaphore dans le cadre de nos artefacts informatiques.

Une définition formelle de la stigmergie[29] est donnée par [Kennedy and Eberhart, 2001] : *Mode de communication par la modification de l'état de l'environnement de telle manière que cela affecte le comportement des autres pour qui l'environnement est un stimulus.*

On distingue en général deux types de stigmergie :

1. la stigmergie qualitative ;
2. la stigmergie quantitative.

[28] Cependant, par son unicité, l'individu reproducteur unique influence bien plus la colonie, et peut avoir un impact sur tous les individus. C'est le cas de toutes les populations eusociales.

[29] On aurait pu prendre celle de [Grassé, 1959] *«La coordination des tâches, la régulation des constructions ne dépendent pas directement des ouvriers, mais des constructions elles-mêmes. "L'ouvrier ne dirige pas son travail, il est guidé par lui." C'est à cette stimulation d'un type particulier que nous donnons le nom de stigmergie (stigma : piqûre, ergon : travail, œuvre = œuvre stimulante)*

La première introduit la notion de sémantique attachée au message déposé dans l'environnement. La seconde introduit le concept d'attraction dans un processus auto-catalytique. En réalité, la majeure partie des stigmergies quantitatives sont aussi, bien entendu, qualitatives.

La stigmergie s'inscrit dans une boucle systémique, l'environnement s'(auto-)organise, se structure par l'intermédiaire des entités qui y évoluent et rétro-agit sur ces mêmes entités.

On l'aura compris la stigmergie offre donc un moyen de contrôle et de coordination distribué qui permet la réalisation d'une tâche et l'auto-organisation est un effet de bord, forme de résultat d'un calcul émergent [Forrest, 1990] s'exprimant par une cohérence globale générée par des interactions locales.

2.6 Conclusion

Nous avons tenté d'esquisser un contour aux systèmes constitués d'un grand nombre d'entités en interaction et nous sommes bien vite arrivé au problème des systèmes complexes, de l'auto-organisation et de l'émergence. L'étude de ces systèmes va nous conduire souvent à les simuler et à chercher à réduire la complexité en utilisant l'émergence et à détecter les organisations.

Deuxième partie

Contributions

Chapitre 3

Écosystèmes

Sommaire

3.1 Introduction 48
3.2 Distribution dynamique à l'aide de mécanismes d'intelligence collective 50
3.3 Modélisation de l'écoulement et détection d'organisation 51
3.3.1 Représentation particulaire 51
3.3.2 Détection des organisations 54
3.3.3 Gestion des organisations 55
3.3.4 Changement d'échelle 63
3.4 Simulation du biotope et de la biocénose 68
3.4.1 Modèle hybride holarchique compartimental 69
3.4.2 Ontologie du modèle 73
3.4.3 Mise en œuvre et résultat 77
3.4.4 Détection et gestion des organisations 84
3.4.5 Changement d'échelle 86
3.5 Conclusion 91

3.1 Introduction

Ce travail de recherche s'intéresse à la modélisation des systèmes complexes naturels et plus particulièrement aux écosystèmes en tant que lieu d'interactions d'entités hétérogènes évoluant sous forme organisée dans un environnement possédant lui-même ses propres structures internes et dynamiques capables de rétroagir sur les entités.

Les écosystèmes sont nombreux et variés, avec chacun des spécificités. Nous nous intéressons plus précisément à l'estuaire de la Seine. Celui-ci est défini géographiquement comme allant du barrage de Pose jusqu'à la Manche. Il est holarchique et auto-organisé, comme tout écosystème, ainsi que très anthropomorphisé. Sa qualité de système ouvert par contre s'incarne d'une manière assez spécifique. De par sa nature en effet, l'écoulement du fleuve et la force des marées sont au cœur des flux de matière et d'énergie d'origine extérieurs à celui-ci. A ces flux s'ajoutent des polluants solubles ou transportés, à l'influence certaine sur la trajectoire de l'écosystème. C'est un des écosystèmes où les écoulements de fluides ont un rôle des plus primordiaux.

Nous cherchons à formaliser des modèles conceptuels pour appréhender ces systèmes naturels et donc les représenter dans leur complexité, mais aussi pour élaborer des outils prédictifs de simulation. Différents niveaux de description, appelés encore échelles, apparaissent naturellement au cours de l'évolution dynamique de ces systèmes et en permettent la représentation sous une forme hiérarchique qui les organise de manière structurelle.

Afin de réaliser des simulations réalistes, il est primordial de pouvoir les déployer sur des réseaux informatiques distribués permettant une répartition des calculs. Les algorithmes proposés sont bio-inspirés et prennent appui sur des modèles d'intelligence collective ou en essaim, notamment en s'inspirant du comportement des insectes sociaux.

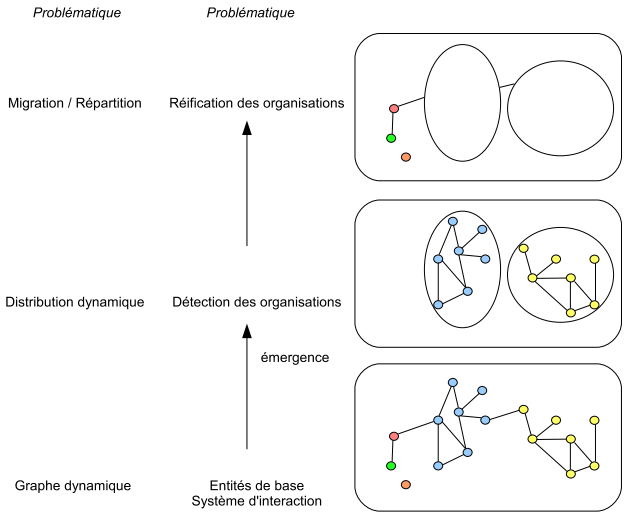


FIG. 3.1 – Modèle organisationnel émergent et implémentation associée

La modélisation mise en œuvre est développée à partir des méthodes particulaires, elle permet de dégager par identification dynamique, des structures cohérentes et dynamiques qui s'y forment puis de les réifier dans la simulation sous forme d'entités globales

interagissantes [16, 29, 28, 30, 31, 32, 35, 33, 34, 36, 38, 39, 5, 7]. Cette représentation conceptuellement distribuée permet alors de modéliser par des descriptions locales des interactions du fluide catalyseur de formations émergentes, avec d'autres entités de nature variées physico-chimiques ou biologiques pour des études de contamination ou encore pour des études en halieutique. Nous formalisons des couplages entre des modèles particulaires et des modèles individus-centrés, aptes à décrire des boucles de rétroaction. Une spécification de modèle hiérarchique hybride compartimental a été définie et permet d'intégrer à la fois des approches individus-centrées pour la représentation d'espèces animales aquatiques et des descriptions analytiques globales de certains constituants d'un compartiment dont l'hypothèse de construction consiste à les représenter avec des lois globales, voire analytiques (concentration d'oxygène, quantité de lumière dans un compartiment du modèle, par exemple). L'élaboration d'une ontologie précisant les bases d'un modèle écologique du type producteur-consommateur-décomposeur nous permet de construire des modèles généraux qui peuvent être utilisés par des spécialistes, écologues, géomorphologues, ... pour pouvoir fournir des outils de simulation pertinents, capables de gérer par eux-mêmes les organisations émergentes qui se développent, évoluent ou qui peuvent disparaître en cours de simulation.

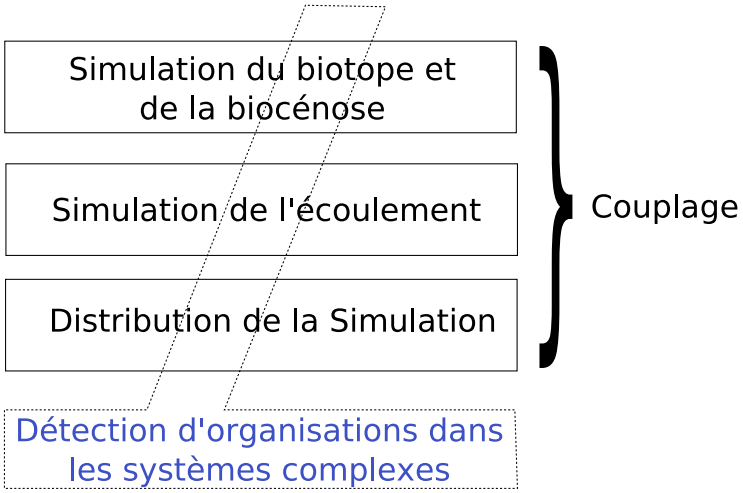


Fig. 3.2 – Projet de recherche global

Afin de pouvoir réaliser des simulations à grande échelle, nous avons donc dégagé trois orientations principales :

- La distribution dynamique de simulation grâce aux organisations émergentes au niveau du code de calcul ;
- La modélisation du fluide porteur et des structures émergentes avec changement d'échelle afin de réduire la complexité ;
- La modélisation du biotope et de la biocénose à l'aide de modèle mixte permettant une modélisation globale des grandeurs physiques par exemple et une modélisation plus fine centrée sur les individus.

Ce travail est un résultat en perpétuelle évolution assuré par un système constitué principalement des entités : Antoine, Cyrille, Damien, Frédéric, Guillaume, Sylvain et Pierrick. Des nombreuses interactions, les thèses d'Antoine, Guillaume et Pierrick et le mémoire de Sylvain ont émergé. Ils ont assuré la morphogénèse, Cyrille, Frédéric et moi-même la morphostase. Nous abordons maintenant la phase adulte, espérons que le flux de matière et d'énergie[30] permettra d'entretenir le système.

3.2 Distribution dynamique à l'aide de mécanismes d'intelligence collective

Nous développerons plus loin cette contribution dans un chapitre à part entière (cf. 4) qui traitera du problème plus général de la détection d'organisations par des techniques de collaboration et de compétition. Néanmoins fixons en quelques lignes les objectifs et la méthode. Notre volonté est de montrer, ici, l'articulation entre la distribution dynamique, la modélisation du fluide porteur de la dynamique et la modélisation du biotope et de la biocénose.

En quelques années, dans le domaine de l'informatique distribuée et parallèle, les paradigmes de grilles et de grappes sont passés du stade de concept théorique à celui de la réalisation effective. De nombreux projets ont vu le jour mettant en évidence la faisabilité et l'utilité d'une telle approche, tant du point de vue scientifique qu'économique. Le principal objectif de ces nouveaux environnements distribués est d'offrir un ensemble de services parmi lesquels figurent le calcul et le stockage à grande échelle. Dans ce contexte une bonne méthode de répartition de charge alliant performance et tolérance aux pannes peut se révéler cruciale pour la bonne marche du système.

Nous nous sommes donc intéressés à la définition et la mise en œuvre d'algorithmes offrant des capacités d'adaptation aptes à répondre aux variations numériques et structurales des environnements distribués. C'est dans ce cadre que nous abordons notamment la distribution physique de systèmes complexes décentralisés, à base d'objets actifs ou d'agents, à grande échelle comme des écosystèmes naturels. Ces systèmes présentent des caractères comportementaux hautement dynamiques. Des communications peuvent apparaître entre des groupes d'entités puis disparaître et se restructurer en de nouvelles organisations au cours d'une même simulation. Dans un tel contexte le comportement de l'application peut être vu comme un «écosystème computationel» analogue aux écosystèmes biologiques ou économiques. Nous abordons donc le problème sous l'angle des systèmes complexes en particulier pour les aspects d'auto-organisation [11, 9, 40, 20, 2, 43, 18, 31].

La répartition dynamique s'effectue par un module d'observation récupérant des données et informations significatives et critiques du système complexe modélisées par un graphe (dynamique). Des algorithmes d'intelligence collective dégagent des indications de formations émergentes de clusters tout en respectant des contraintes de répartition de charge et offrent leurs conseils à l'application.

[30] Faut il le préciser, les bourses se font rares et il est difficile d'engager alors dans la voie de la recherche de jeunes chercheurs.

3.3 Modélisation de l'écoulement et détection d'organisation

Simuler un écosystème suppose d'avoir modélisé les flux de matières et d'énergies qui le traversent. Un des flux important dans un écosystème estuarien, est l'écoulement fluide, nous nous sommes donc intéressés à sa modélisation.

Afin de pouvoir nous intéresser à plusieurs niveaux de description d'un fluide, nous nous sommes attachés à pouvoir détecter et réifier des organisations qui pouvaient apparaître lors de la simulation. Le modèle de base que nous utilisons est basé sur des vortex élémentaires dans un écoulement en deux dimensions[31]. Ce modèle est mathématiquement équivalent aux équations de Navier-Stokes. Il repose sur une méthode dite particulaire. À la différence des méthodes classiques qui travaillent en coordonnées eulériennes et où les vitesses sont estimées, à chaque pas de temps, à des positions fixes qui correspondent aux nœuds d'un maillage, les méthodes particulaires s'appuient sur une discrétisation du domaine qui consiste à représenter l'écoulement par un ensemble de particules distinctes en interaction et en nombre fini [Léonard, 1980]. Ces particules sont portées par l'écoulement qu'elles caractérisent : il s'agit alors d'une résolution lagrangienne. Ces méthodes présentent l'avantage de ne pas engendrer de diffusion numérique, comme cela peut se produire sur des méthodes de maillage. Même si dans les deux catégories de méthodes, il s'agit bien d'approcher des équations de comportement global de l'écoulement, à savoir les équations de Navier-Stokes, les méthodes particulaires se traduisent finalement par une formulation centrée sur les individus - les particules fluides discrétisant le fluide - et sur leurs interactions mutuelles.

Nous nous intéressons à la détection d'organisations de même nature mais d'un niveau de description plus élevé : on va donc garder une formulation mathématique homogène pour conserver une équivalence à Navier-Stokes. Pour détecter les organisations, on va utiliser une méthode de triangulation de Delaunay puis un calcul d'enveloppe convexe et enfin chercher l'ellipse associée (cf. fig. 3.3). Une fois le tourbillon détecté, un agent le représentant va être créé, au sens des systèmes multiagent. Cet agent est basé sur un automate d'écorésolution [Ferber, 1995]. Ses perceptions et ses actions, ou plus généralement en fait les règles qui le régissent, sont modelées par les impératifs mécaniques de la structure qu'il représente, d'une manière somme toute téléologique.

3.3.1 Représentation particulaire

La méthodologie retenue est donc de résoudre numériquement les équations de Navier-Stokes, capables de modéliser des écoulements fluides avec une précision qui est plus limitée par les méthodes de discrétisation retenues, qu'elles engendrent nécessairement, que par le modèle analytique lui-même. L'expression analytique de ces équations est celle des écoulements fluides visqueux incompressibles. Elle s'écrit de la manière suivante :

[31] Cette hypothèse pourrait sembler illégitime, néanmoins l'épaisseur des fluides est généralement négligeable par rapport à leur étendue.

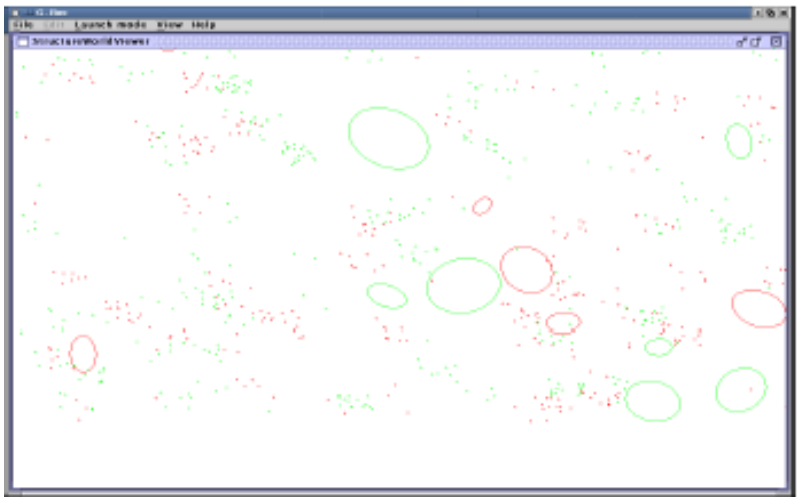


FIG. 3.3 – Simulation de l'écoulement avec détection de structure.
Les points rouges et verts sont les particules vortex, la couleur figurant le sens de leur rotation. Les ellipses rouges et vertes représentent les structures de fluides détectées et réifiées.

1. Équation de conservation de la masse :

$$Div\overrightarrow{U} = 0 \tag{3.1}$$

2. Équation d'évolution de la quantité de mouvement :

$$\frac{D\overrightarrow{U}}{Dt} = \frac{1}{\rho}\overrightarrow{grad}P + \nu\overrightarrow{\Delta}\overrightarrow{U} + \overrightarrow{F} \tag{3.2}$$

avec $\overrightarrow{U} = \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix}$ la vitesse du fluide ; P la pression ; ν la viscosité cinématique ; $\overrightarrow{F}$ les forces extérieures par unité de masse (force de pesanteur en particulier) ; $\frac{D\phi}{Dt} = \frac{\partial\phi}{\partial t} + u\frac{\partial\phi}{\partial x} + v\frac{\partial\phi}{\partial y}$ dérivée particulaire d'une fonction scalaire ou vectorielle ϕ qui suit le mouvement du fluide ;

On discrétise ensuite en un ensemble de n particules $(P_i)_{1\leq i\leq n}$ de position $(\overrightarrow{X_i})_{1\leq i\leq n}$, de vitesse $(\overrightarrow{U_i})_{1\leq i\leq n}$ et de rotationnel $(\overrightarrow{\Omega_i})_{1\leq i\leq n}$ qui traduit l'aptitude des particules à tourner sur elles-mêmes. Un ensemble suffisamment dense de telles particules décomposant artificiellement le fluide permet de représenter avec précision son écoulement.

Pour calculer à chaque instant t, pour chaque particule la portion de la vitesse qui vient de l'action des autres particules, nous utilisons la formule suivante [Chorin, 1973, Léonard, 1980] :

$$\overrightarrow{U_p}(\overrightarrow{X_i}, t) = \frac{1}{2\pi}\sum_{j\neq i}\overrightarrow{\Omega_j} \wedge \frac{(\overrightarrow{X_i} - \overrightarrow{X_j})}{||\overrightarrow{X_i} - \overrightarrow{X_j}||^2} \tag{3.3}$$

Si l'ensemble des particules est transporté par un écoulement global de vitesse moyenne $(\overrightarrow{U_\infty})(t)$, alors la vitesse de la particule i, correspond à la somme de la vitesse de l'écoulement global et de la vitesse induite par les autres particules en rotation dans le domaine :

$$\overrightarrow{U}(\overrightarrow{X_i}, t) = \overrightarrow{U_p}(\overrightarrow{X_i}, t) + \overrightarrow{U_\infty}(t) \tag{3.4}$$

Sous l'hypothèse où le fluide n'est pas visqueux, l'étude de l'écoulement se ramène à une convection simple de ces particules et il n'y a pas de diffusion. Les particules «glissent» alors les unes sur les autres, et leur vorticité est constante au cours du temps :

$$\overrightarrow{\Omega_i}(t) = \text{Cste} = \overrightarrow{\Omega_i}(0) \tag{3.5}$$

On obtient alors la position des particules par intégration de leur vitesse :

$$\frac{\overrightarrow{dX_i}}{dt} = \overrightarrow{U}(\overrightarrow{X_i}, y) \tag{3.6}$$

On peut utiliser pour cela une méthode d'Euler ou une méthode de Runge-Kutta d'ordre 4, par exemple. Le calcul de la vitesse de la formule (3.3) devient singulier si les positions des particules i et j sont très proches. Il est alors nécessaire d'utiliser une fonction de régularisation. L'équation 3.3 devient alors :

$$\overrightarrow{U_p}(\overrightarrow{X_i}, t) = \frac{1}{2\pi} \sum_{j \neq i} \overrightarrow{\Omega_j} \wedge \frac{(\overrightarrow{X_i} - \overrightarrow{X_j})}{\sqrt{||\overrightarrow{X_i} - \overrightarrow{X_j}||^4 + \epsilon^4}} \tag{3.7}$$

avec ϵ un petit paramètre dont la valeur peut être prise comme étant voisine de $h^{3/4}$, h étant la distance minimale entre deux particules voisines.

On peut également appliquer le modèle particulaire dans le cas des fluides visqueux, les particules «frottent» alors les unes sur les autres et changent de vorticité au cours du temps. On calcule la diffusion de vorticité entre les particules, supposée nulle sinon. On recalcule alors à chaque pas de temps les nouvelles valeurs de Ω_i en intégrant l'équation différentielle :

$$\frac{d\overrightarrow{\Omega_i}}{dt} = \frac{\sum_j (V_i \overrightarrow{\Omega_j} - V_j \overrightarrow{\Omega_i}) e^{-\frac{||\overrightarrow{X_i} - \overrightarrow{X_j}||}{4\pi\nu(\Delta t)}}}{4\pi\nu(\Delta T)^2} \tag{3.8}$$

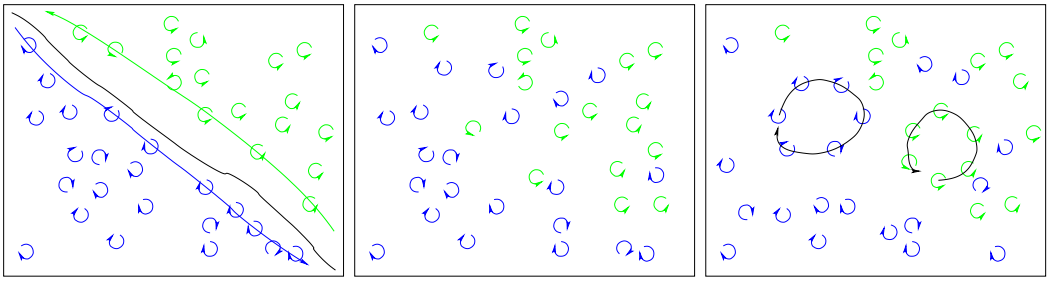
avec $(V_i)_{1 \leq i \leq n}$ volumes associés aux particules. Si l'on considère le fluide incompressible, ce qui est notre cas, ils sont constants.

Nous avons donc maintenant une modélisation de l'écoulement . Les particules représentent les entités de notre simulation, cette représentation présente l'avantage d'être distribuable et également nous allons pouvoir par la suite éventuellement prendre en compte les interactions entre l'écoulement et des entités vivantes.

3.3.2 Détection des organisations

Au cours de la simulation apparaissent des organisations dans le flux, que nous allons tenter de détecter et représenter. Expliquons au préalable l'origine du phénomène physique.

Dans presque tous les écoulements de fluide de la turbulence apparaît, sauf lorsque la viscosité est trop importante, le frottement domine dans ce cas. Ainsi, comme on l'a vu précédemment (cf. 3.3.1) la dynamique de l'écoulement est déterminé par le rotationnel de la vitesse, ce qui correspond à l'aptitude, dans notre représentation, de chaque particule à tourner sur elle-même. Chaque particule à sa propre vitesse de rotation (et sens) qui reste constante (cf. eq. 3.5). A l'échelle microscopique cela semble chaotique en particulier près d'un obstacle par exemple, mais dès que l'on change de résolution, l'écoulement semble s'organiser et on voit apparaître des structures cohérentes tourbillonnaires. Au niveau atmosphérique l'allée de Von Karman (cf. photo 2.3) en est un exemple très démontratif. Comment se forme ces structures tourbillonnaires ? Imaginons que deux courants se croisent (cf. figure 3.4(a)), au niveau de l'état initial deux points voisins ont des vorticités proches. L'état turbulent est créé par le croisement des deux courants, car deux points proches peuvent avoir des vorticités différentes. La turbulence se développe (cf. figure 3.4(b)), les particules de vorticité différentes se mélangent et favorisent l'apparition de structures tourbillonnaires (cf. figure 3.4(c)).



(a) État initial, fluide instable (b) État turbulent (c) État turbulent, structure stable

FIG. 3.4 – Formation de tourbillons dans un écoulement turbulent.

Pour détecter les structures nous utilisons une triangulation de Delaunay sur l'ensemble des particules, puis à l'aide de cette triangulation nous recherchons l'arbre de recouvrement de poids minimum, ensuite suivant des critères ontologiques des arcs sont supprimés (cf. figure 3.5). On transforme ainsi l'arbre en forêt et on calcule alors l'enveloppe convexe de chaque arbre constituant la forêt. Cette identification revient alors à rechercher le minimum de la somme des carrés des distances algébriques entre chaque point de l'enveloppe convexe et l'ellipse.

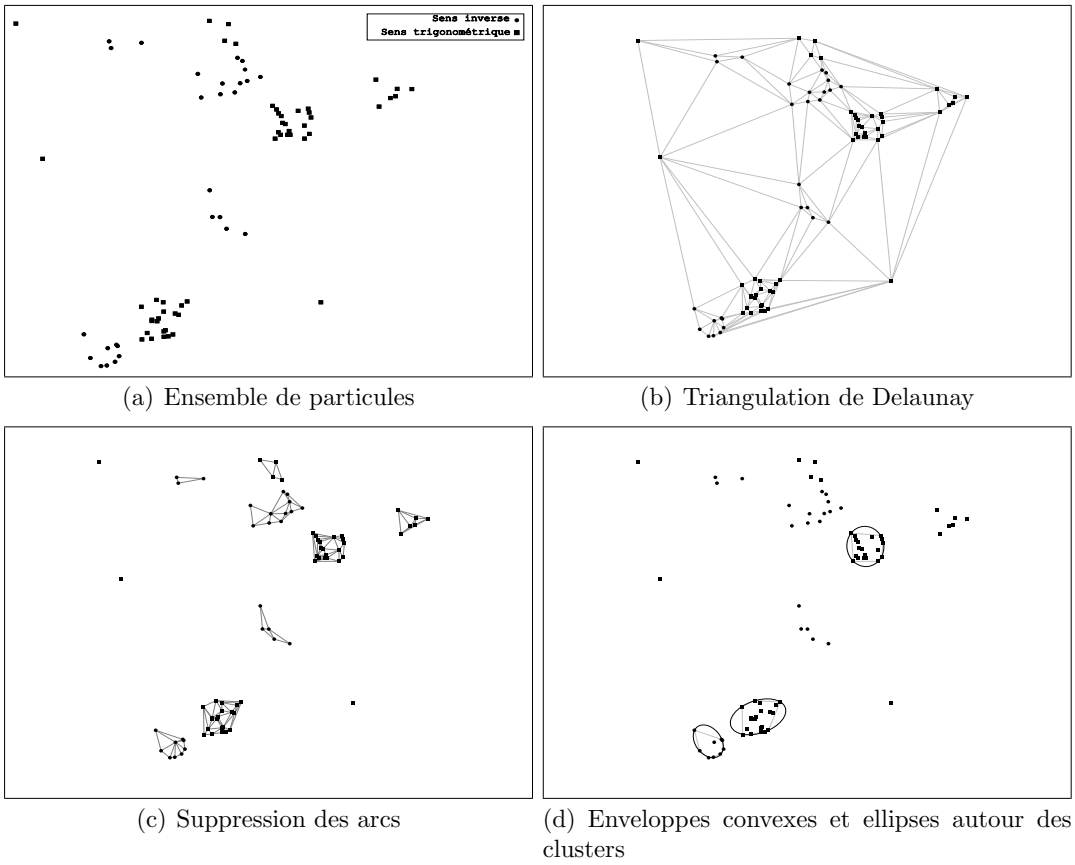
$$D(A) = \sum_{i=1}^{n} F(A, X_i)^2 \tag{3.9}$$

où $F(A, X) = ax^2+bxy+cy^2+dx+ey+f = 0$ est l'équation de l'ellipse, $X_i = (x_i, y_i)$ est un

point de l'enveloppe et $A = (a, b, c, d, e, f)$. Nous ajoutons une condition supplémentaire entre les coefficients pour que le système puisse être résolu, comme l'un des deux critères suivants :

- le critère de Gander [Gander et al., 1994] : $a + c = 1$
- le critère de Fitzgibbon [Fitzgibbon et al., 1996] : $4ac - b^2 = 1$

Certaines enveloppes ne sont pas conservées car elles présentent une surface par trop différente de celle de l'arbre qu'elles entourent. Des critères de compacité (densification des points de l'enveloppe convexe) sont utilisés. Finalement, l'excentricité de l'ellipse est calculée afin de supprimer celles qui sont trop aplaties et non conformes aux tourbillons naturels dont la forme optimale est le cercle. Nous calculons ensuite une ellipse approchée pour chaque enveloppe conservée. Nous ne détaillons pas ici, les algorithmes utilisés et les différentes améliorations apportées, on pourra se reporter à [73, 80], .



(a) Ensemble de particules

(b) Triangulation de Delaunay

(c) Suppression des arcs

(d) Enveloppes convexes et ellipses autour des clusters

FIG. 3.5 – Détection des structures tourbillonnaires dans un écoulement turbulent

3.3.3 Gestion des organisations

Les structures détectées vont être réifiées et réintroduites dans la simulation, elles doivent de ce fait répondre à un certain nombre d'impératifs. Ainsi, il est nécessaire

qu'elles se comportent avec une certaine cohérence par rapport aux lois physiques propres à ce genre de phénomène et dans le même temps, elles auront des interactions bien précises avec le reste du fluide, aussi bien les particules de base que les autres tourbillons émergés. Elles feront preuve d'une certaine autonomie ce qui les distingue des particules constituant leur environnement. Cette autonomie est en particulier liée à la possibilité de se renforcer ou de s'affaiblir à causes des interactions et de maintenir une «membrane »(l'ellipse).

Au niveau de la physique les organisations détectées sont considérées comme des «grosses» particules, on peut donc calculer leur position, leur vitesse et leur vorticité par les équations 3.3, 3.4 et 3.6. Cela définit donc la partie du comportement régit par l'écoulement. Les structures tourbillonaires vont devoir gérer leur stabilité en se renforçant, c'est-à-dire en absorbant des particules élémentaires, en s'affaiblissant en réduisant leur frontière et relâchant des particules élémentaires. Cette partie comportementale est gérée par un transducteur incarnant une description de type éco-agent [Ferber, 1995, Drogoul and Dubreuil, 1992].

Un transducteur est une machine abstraite qui peut être représentée à l'aide d'un graphe orienté. On part d'un sommet initial et on passe d'un sommet à l'autre en lisant sur une bande d'entrée un symbole, en allant ensuite sur le sommet prévu pour le symbole lu et pour l'état dont on part, et on écrit sur une bande de sortie un symbole d'un autre alphabet. Pour nos structures cela correspond à une action sur leur propre état. On définit, un traducteur de la façon suivante :

- Un alphabet fini Σ ;
- Un semi-anneau $(K, \oplus, \odot)$;
- Q un ensemble fini d'états ;
- $I : Q \to K$ l'ensemble des états initiaux ;
- $T : Q \to K$ l'ensemble des états finaux ;
- $\delta : Q \times \Sigma \times Q \to K$ une fonction de transition ;

Le 5-uplet $(\Sigma, Q, I, T, \delta)$ est un automate à multiplicité.

Soit Π un alphabet, $P(\Pi^*)$ l'ensemble des polynômes à coefficients entiers de mots du langage généré par Π , un transducteur est un automate à multiplicité dont le semi-anneau est $(P(\Pi^*), \oplus, \odot)$, avec $\oplus$ correspondant à l'union et $\odot$ à la concaténation.

Si l'on reprend le modèle d'éco-agent, il nous faut définir quatre états internes : la satisfaction, la fuite, le recherche de satisfaction et la recherche de fuite. Il nous faut également fixer des actions élémentaires de satisfaction ou de fuite et une fonction de perception des agents gêneurs (c'est à dire les agents qui empêchent l'agent courant d'être satisfait ou de fuir) et enfin une fonction d'agression d'autres agents. Pour chacun de nos tourbillons nous appelons :

- Les états internes de l'éco-agent :
  - (S) être satisfait, état final ;
  - (SS) rechercher la satisfaction, état initial ;
  - (F) fuir ;
  - (SF) rechercher la fuite.
- Les fonctions de perceptions :
  - (A) être attaqué ;

  - (I) percevoir des gêneurs.
- Les actions élémentaires :
  - (TF) fuir ;
  - (TS) se satisfaire ;
  - (TA) attaquer les agents.

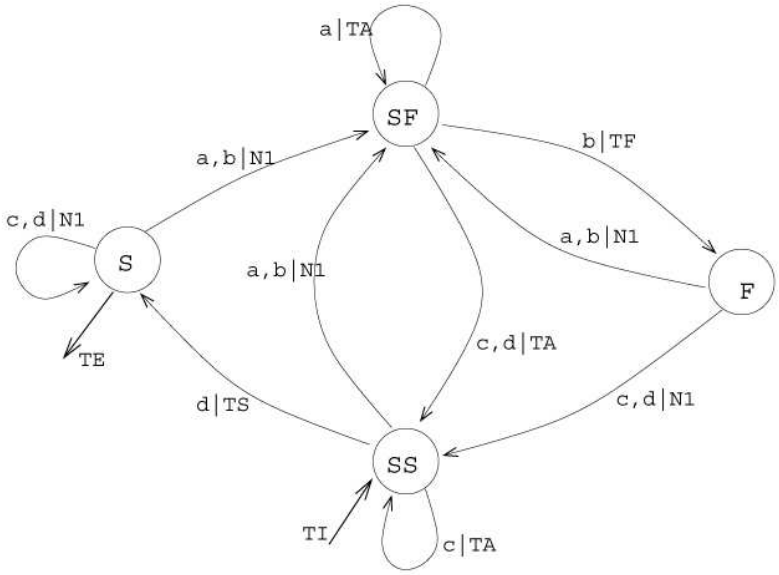


FIG. 3.6 – Transducteur codant un comportement d'éco-résolution

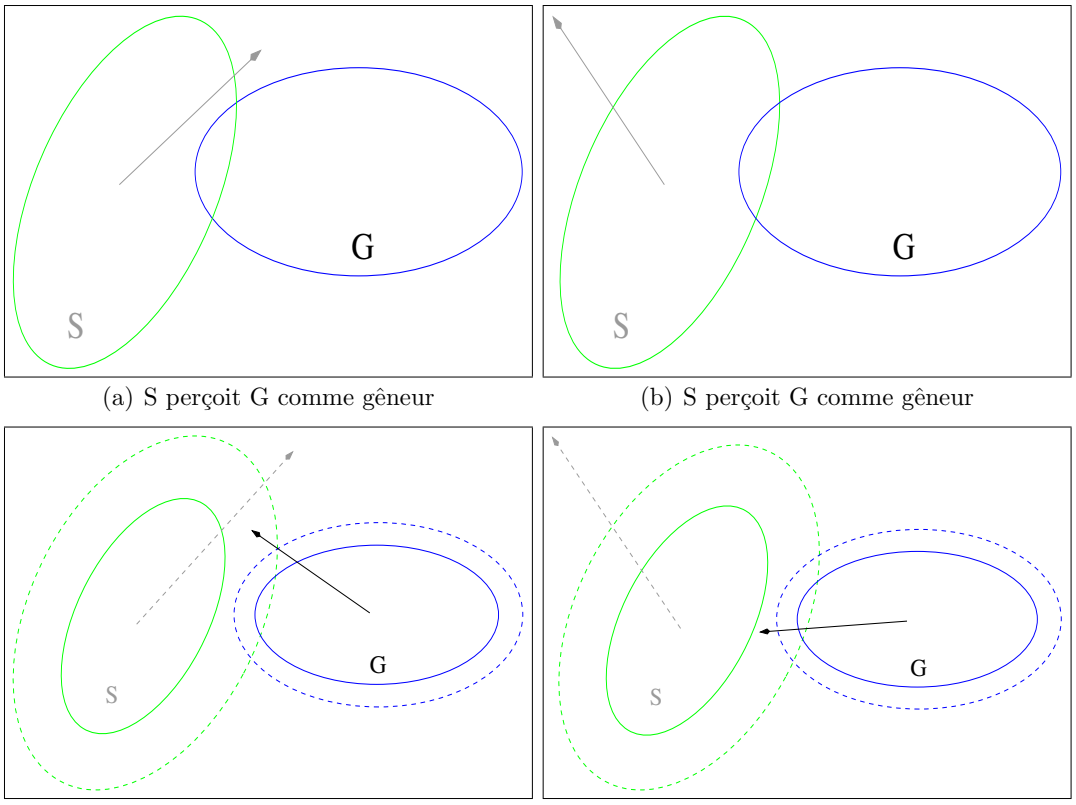
Soit donc le transducteur $(\Sigma, Q, I, T, \delta)$ suivant avec :
- $\Sigma = \{a, b, c, d\}$ l'alphabet d'entrée des perceptions, $a = (A, I)$, $b = (A, \overline{I})$, $c = (\overline{A}, I)$, $d = (\overline{A}, \overline{I})$;
- $\Pi = \{TA, TF, TS, TI, TE, N0, N1\}$ l'alphabet de sortie des actions élémentaires TI, TE, $N0$ et $N1$ sont des actions vides, elles n'ont pas de sens au niveau de l'éco-résolution ;
- $Q = \{S, SS, F, SF\}$ l'ensemble des états du transducteur ;
- $I : Q \to \Pi^*$ défini par $I(SS) = T1$ et $I(S) = I(F) = I(SF) = N0$;
- $T : Q \to \Pi^*$ défini par $T(S) = TE$ et $T(SS) = T(F) = T(SF) = N0$;
- δ défini par le transducteur de la figure 3.6.

Nous allons maintenant détailler les perceptions et les actions de nos structures.

Percevoir des gêneurs

Une structure perçoit des gêneurs, si une autre structure est suffisamment proche et se déplace dans la direction de la première. On définit la zone de perception autour de l'ellipse, c'est une homothétie de celle-ci d'un rapport plus grand que 1. On cherche alors une éventuelle intersection entre cette plus grande ellipse et les ellipses dont on veut savoir si elles gênent. On regarde également la direction de déplacement de la structure si elle

n'est que dans la zone d'interaction ; si les structures se touchent la perception de gêne est automatique (cf. figure 3.7).



(a) S perçoit G comme gêneur

(b) S perçoit G comme gêneur

(c) S perçoit G comme gêneur

(d) G n'est pas perçu comme gêneur par S

FIG. 3.7 – Différents cas de perception de gêne

Agresser d'autres structures

Cette action consiste simplement à envoyer un message d'agression à une structure qui a plus tôt été perçue comme gêneuse et de rotationnel opposé, ce qui pourra alors enclencher son action de fuite.

Fuir

Si la structure fuit, c'est qu'elle a été agressée, c'est-à-dire qu'un tourbillon de rotationnel opposé est proche d'elle et sur une trajectoire d'intersection. Pour gérer plus finement l'interaction mécanique, on génère donc de plus petits tourbillons (cf. figure 3.8) voire des particules qui nous permettront de calculer le résultat de cette proximité.

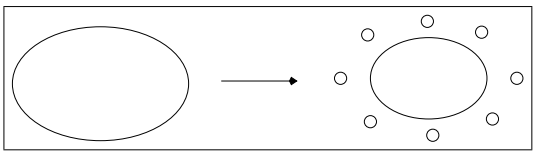


FIG. 3.8 – Fuite d'un tourbillon

Se satisfaire

Les structures détectées subissent les interactions des tourbillons et des particules, elles ne gardent pas une forme constante dans le temps. Elles peuvent se déformer, grossir ou diminuer voire disparaître. Nous avons déjà traité la décroissance par le comportement de fuite au niveau de l'automate d'écorésolution, il nous reste à traduire la croissance. Cela correspond à la satisfaction. Cela s'effectue de deux manières :

- En agrégeant des particules de base ;
- En s'agrégeant avec une autre structure gêneuse de même rotationnel.

Voyons tout d'abord le premier de ces deux cas. Si notre structure a dans son voisinage des particules de même rotationnel, ceci signifie probablement que la structure du fluide à laquelle notre tourbillon est sensé correspondre est plus large que celui-ci. Il devra alors altérer sa forme pour se conformer de nouveau à la structure. Nous commençons par discrétiser l'enveloppe de l'ellipse, c'est-à-dire à générer des particules régulièrement espacées sur le pourtour de l'ellipse. Nous considérons alors les particules situées à l'intérieur de la zone de perception du tourbillon (incluant donc les particules récemment générées sur la frontière). On effectue une triangulation de ces particules et on détermine les arbres de recouvrement ayant pour racine les particules situées sur l'ellipse. On enlève les arcs trop longs ou reliant des particules de sens de rotation opposés. On s'intéresse de nouveau aux triangles dont les sommets sont au sein d'un même arbre (cf. figure 3.9).

On élimine enfin certain des amas obtenus en fonction de critères de compacité [80, 73]. Dans l'exemple figure 3.9, on rejettera ainsi les deux amas du haut et gardera celui de gauche. Il nous faut en effet éviter de déformer excessivement le tourbillon pour quelques particules, ainsi que de gêner celles qui pourraient donner un autre tourbillon voisin. Celui-ci, s'il s'éloigne, suivra alors sa vie de structure. S'il reste, il finira par fusionner avec le tourbillon lorsqu'il se satisfera lors d'une étape ultérieure.

Un tourbillon peut également fusionner avec ses voisins, en effet si deux tourbillons de même rotationnel entre en collision (cf. figure 3.10) on tente de les fusionner.

Pour chacune des deux structures, nous générons des particules sur la frontière de l'ellipse, afin de la discrétiser, et nous prenons toutes les particules se trouvant dans les zones d'interactions des deux structures, puis, nous calculons la triangulation de Delaunay sur cet ensemble de particules, comme le montre la figure 3.11.

Ensuite, à partir de la triangulation de Delaunay, nous recherchons des structures cohérentes denses suivant le processus expliqué précédemment. Nous pouvons avoir deux cas de figure :

- Un seul cluster a été trouvé (celui qui représente la fusion des deux structures) ;
- Aucun ou au moins deux clusters ont été trouvés.

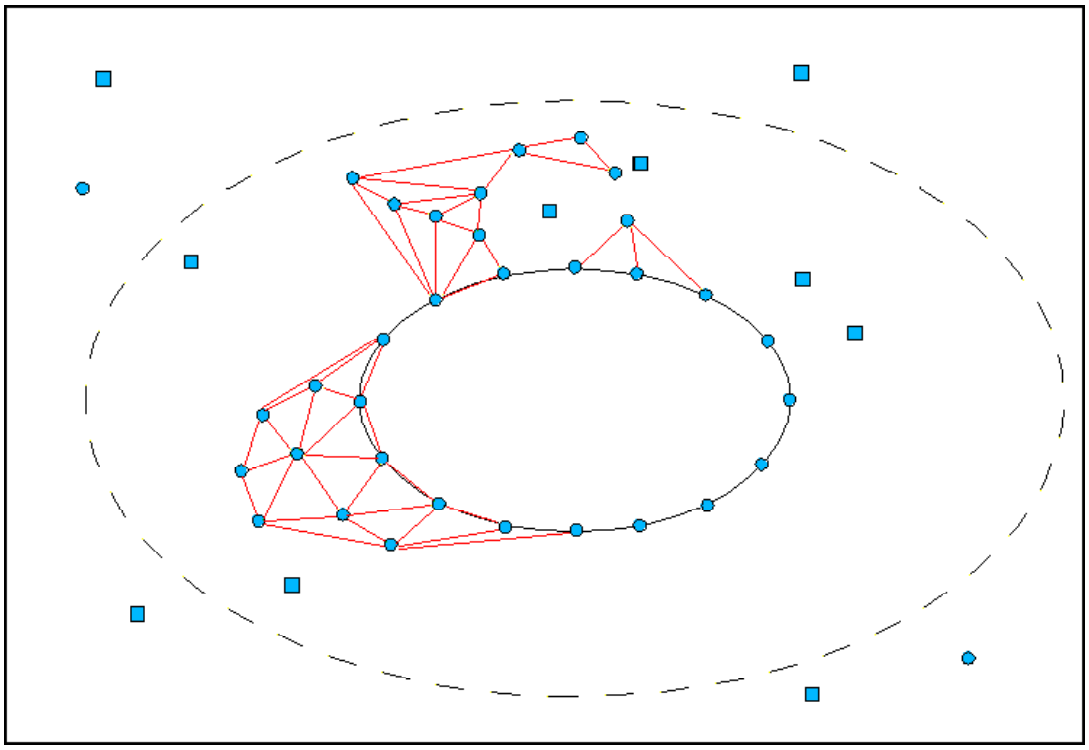


FIG. 3.9 – Agrégation de particules à une structure

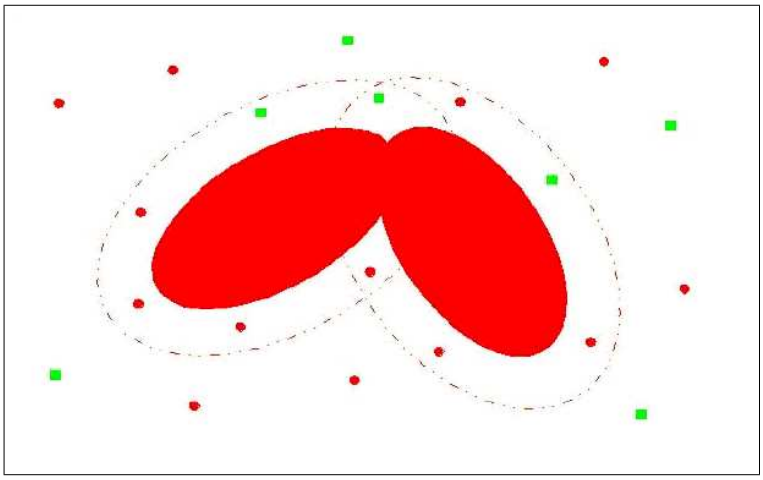


FIG. 3.10 – Collision entre deux tourbillons

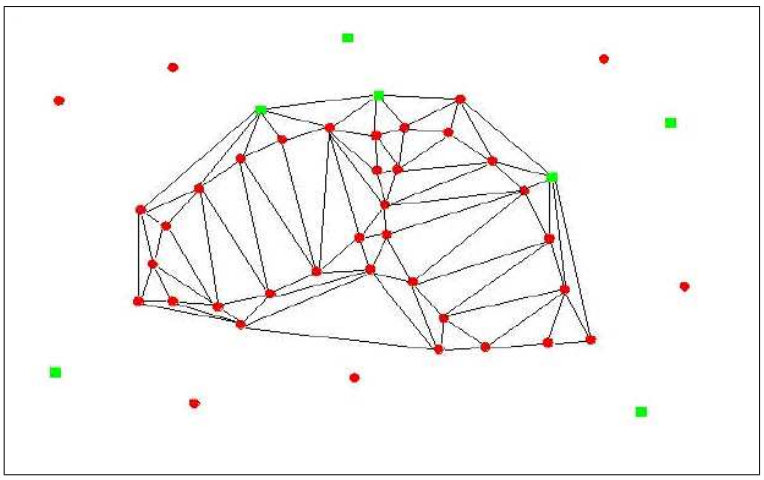
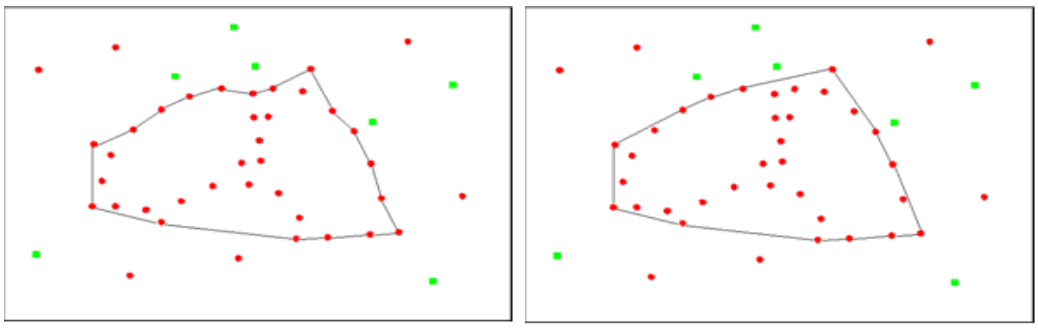


FIG. 3.11 – Triangulation de Delaunay sur deux structures en collision

Comme le montre la figure 3.12, nous calculons l'aire de l'ensemble des triangles issus de la triangulation de Delaunay et l'aire de l'enveloppe convexe. Sur cet exemple, nous pouvons remarquer que le rapport des deux aires va être assez proche de 1.



(a) Enveloppe (b) Enveloppe convexe

FIG. 3.12 – Différents cas de perception de gêne

Ce cluster est formé des particules générées sur la frontière de chaque ellipse et peut aussi contenir des particules de même rotationnel que les structures se trouvant dans l'une des deux zones d'interactions. Enfin, à partir de l'enveloppe convexe du cluster, nous faisons une identification par une ellipse. Nous obtenons ainsi une nouvelle structure dont la vorticité est la somme des vorticités des deux structures et des particules absorbées. Les particules se trouvant dans les deux zones d'interactions des structures en collision qui n'ont pas été absorbées constituent les particules voisines de la nouvelle structure.

Voyons à présent ce qui se passe si on a trouvé aucun ou au contraire au moins deux clusters. Dans ce cas, l'ensemble composé des particules générées sur la frontière de chaque ellipse ne représente pas une nouvelle structure cohérente dense en formation. Nous

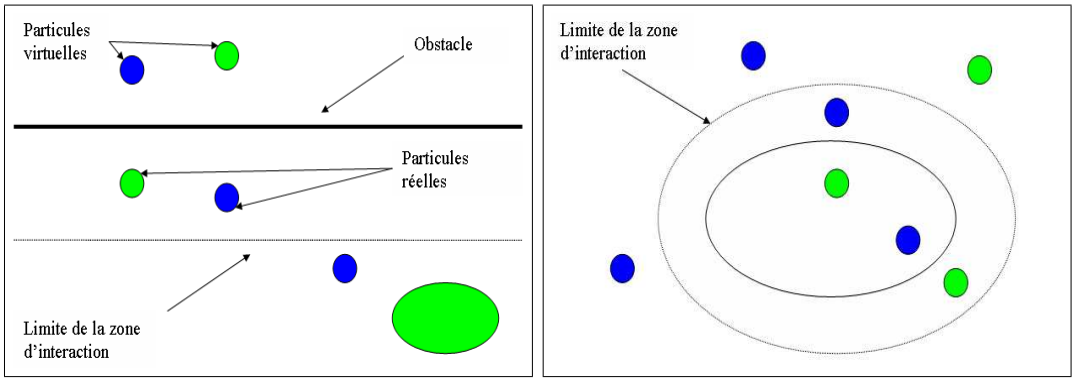
considérons donc ces deux structures comme entrant en conflit. Ainsi chaque structure applique-t-elle l'action «Fuir» jusqu'à ce qu'elles ne soient plus en collision.

Lois de la physique

Nous gérons donc la stabilité de notre structure ainsi que sa frontière, qu'en est-il de sa physique ? Elle se déplace comme une particule de vorticité placée au centre de l'ellipse (intersection des diamètres). Elle tourne autour de ce centre à une vitesse angulaire égale à la vorticité. Les particules voient donc ces tourbillons comme des particules, et leur trajectoire en est affectée en fonction des lois de Biot Savart que nous avons déjà évoquées.

Les interactions tourbillons, particules sont un peu plus compliquées. Nos structures absorbent les particules de même sens de rotation qu'elles et les lois de Biot Savart font que le vortex a tendance à repousser les particules de rotationnel opposé, mais elles ne garantissent en rien l'absence de contact, en particulier si la structure a un grand diamètre par rapport à sa vorticité. Si une particule tournant dans le sens opposé pénètre un tourbillon, on la dissipe et on baisse la vorticité du vortex d'autant. Cela conduisant éventuellement à sa dissipation.

Nous gérons dans la simulation certains obstacles non fluides, ceux-ci sont étanches et indéformables. Les obstacles implémentés sont soit plans (bord d'un écoulement par exemple) soit elliptiques, parce que ce sont les formes les mieux étudiées dans la littérature. Les obstacles ont une zone d'interaction qui les entoure, d'une manière tout à fait similaire à celle des tourbillons (cf. figure 3.13). Quand une entité porteuse de vorticité (particule ou structure) pénètre dans cette zone, l'obstacle génère une particule virtuelle, de vorticité de même valeur absolue mais de signe contraire à celle de l'entité entrante, située au symétrique par rapport au bord de l'obstacle de ce porteur de vorticité entrant (pour les structures on suppose une vorticité concentrée en son centre : c'est par rapport à celui-ci qu'on génère la particule virtuelle). L'introduction de ces particules virtuelles correspond à la matérialisation de la condition aux limites sur l'obstacle qui doit satisfaire à une composante normale (à la frontière) nulle pour la vitesse.



(a) Obstacle plan (b) Obstacle elliptique

FIG. 3.13 – Obstacles

Un tourbillon générera comme on l'a dit une particule virtuelle importante destinée à

le repousser. Si néanmoins il reste sur une trajectoire de collision avec l'obstacle, celui-ci le fera fuir (au sens de l'éco-agent). Ceci se produit néanmoins peu souvent, les lois de Biot Savart faisant que deux particules proches de rotationnels opposés annulent la composante de leur vitesse colinéaire au vecteur qu'elles forment. Ainsi par exemple si une particule s'approche de l'obstacle plan, sa composante normale au plan sera annulée : la particule ou la structure auront ainsi tendance à «rouler» sur le plan. On observe la même chose sur un obstacle elliptique.

3.3.4 Changement d'échelle

Dans notre simulation, on peut considérer que deux types de changement d'échelle existent :

- Le premier qui consiste à agréger des particules en tourbillon ;
- et le second au sein des structures réifiées, qui consiste à les satisfaire ou les faire fuir comme on l'a précédemment décrit.

L'objectif de ces changements d'échelle est à la fois une meilleure compréhension du phénomène en cherchant les régularités mais également une réduction du coût de calcul. Nous avons donc couplé à l'algorithme de base un algorithme de code en arbre [Hernquist, 1987]. De plus le problème plus général de modélisation d'écosystème, nous laisse penser que cette méthode est généralisable aussi bien au niveau de l'écoulement qu'au niveau biotope. La perception doit donc pouvoir se faire au travers de cette représentation.

N-Tree

Si dans un premier temps on considère uniquement la physique, les particules et les structures peuvent être organisées de façon hiérarchique selon leur situation dans l'espace. Pour calculer l'interaction des N entités sur une entité x, on trie alors les entités voisines suivant leur distance et on regroupe les entités lointaines en structures plus massives afin de diminuer le nombre d'interactions à calculer. Les interactions individuelles ont donc lieu uniquement très localement et les autres sont approchées par une structure placée au barycentre de l'ensemble et interagissant comme la somme globale des interactions des particules la constituant. La hiérarchie est représentée sous la forme d'un arbre, ce type de méthode est à rapprocher des méthodes rapides particulaires [Greengard and Rokhlin, 1987].

Maintenant au niveau de la simulation et de l'ensemble de ses entités, on cherche à permettre à ces dernières de percevoir leurs alentours d'une manière plus rapide que proportionnelle au carré du nombre total d'entité de la simulation. La représentation hiérarchique semble adaptée également, mais nous l'avons généralisée sous la forme *N-trees*. Pour fixer les idées commençons par un exemple. Soit un ensemble de particules $A, B, C, D, E, F, G, H, I, J, K, L, M, O, P$ situées dans le plan de la façon figurant figure 3.14 cela peut être représenté hiérarchiquement sous la forme d'un arbre comme sur la figure 3.15.

La construction en est simple, les particules sont les feuilles de l'arbre et les nœuds divisent le plan. Ainsi le plan 1 (le nœud 1) est divisé en 4 parties 1.1...1.4 qui sont elles même éventuellement subdivisées ...

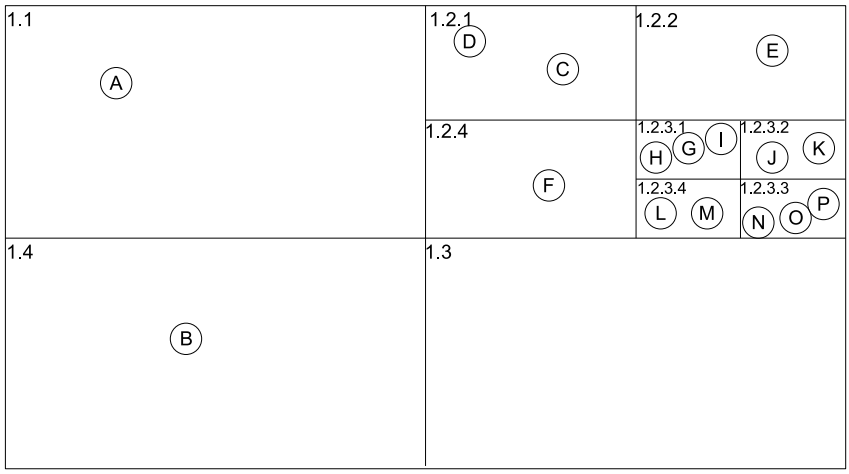


FIG. 3.14 – Division du plan sous la forme d'un 4-Tree de l'ensemble de particules

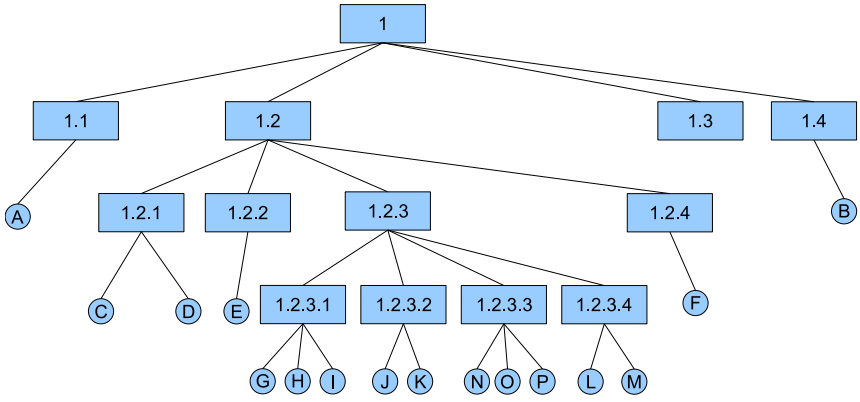


FIG. 3.15 – 4-Tree de l'ensemble de particules

Les N-trees sont une version adaptative de ces 4-trees. L'espace de simulation va être ainsi découpé en grilles imbriquées les unes dans les autres. Les nœuds de l'arbre hébergent chacun un certain nombre d'entités de la simulation, en fonction des coordonnées spatiales de celles-ci. Lorsqu'un certain seuil de population d'un nœud est atteint, on divise celui-ci en un certain nombre de sous-nœuds et inversement si la densité est trop faible on réduit l'arbre en supprimant des nœuds.

On peut voir une capture d'écran affichant ces grilles figure 3.16. On y devine la racine qui recouvre tout l'espace de simulation. En son sein on distingue des zones peu peuplées à gauche, dont les cases sont grandes, alors qu'une densité de particules en spirale entraîne une bien plus grande densité de cases autour du centre.

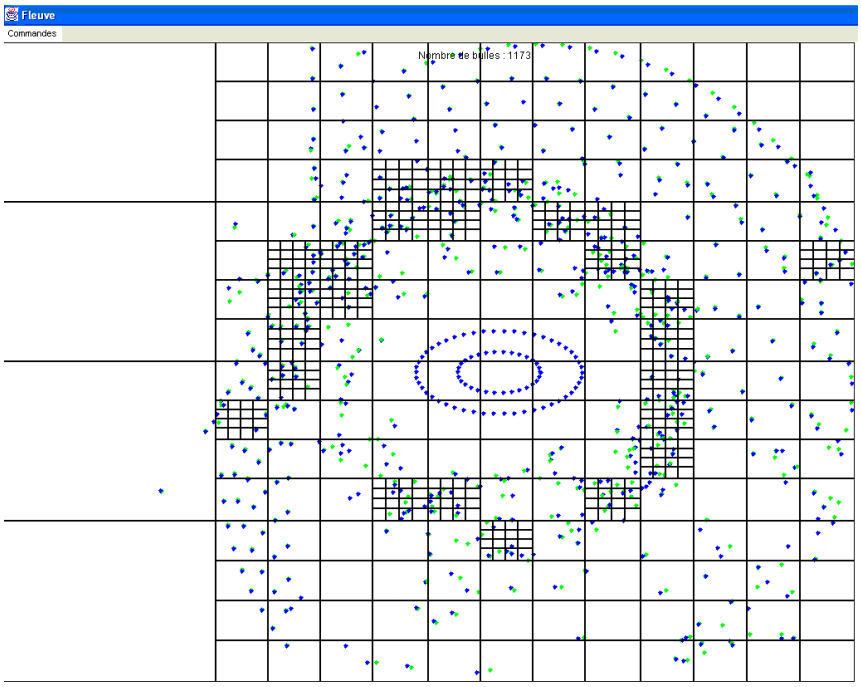


FIG. 3.16 – Exemple de N-Tree

Tant qu'une entité ne change pas de case, la gestion au tour par tour de celle-ci par le N-tree est peu coûteuse, puisque ne dépendant pas d'autres entités. Cette partie est donc de complexité algorithmique linéaire par rapport au nombre d'entités. Quand une entité change de case, il faut la ré-attribuer à une nouvelle case, ce qui se fait en un temps proportionnel à la hauteur de l'arbre.

Nous l'avons déjà dit on cherche à l'aide de ces N-trees à permettre aux entités de percevoir leurs alentours d'une manière rapide. Prenons pour nous en convaincre l'exemple d'une particule qui aurait besoin de connaître les particules «suffisamment» proches d'elle. La méthode brutale consiste en calculer la distance la séparant de toutes les particules, puis de ne conserver que celles qui soient à une distance inférieure à une certaine borne. La méthode que nous proposons consiste à rechercher les particules qui sont dans des cases suffisamment proches. On a alors un tri sur bien moins d'élément à faire. Concrètement, la

particule demande à la case qui la prend en charge de chercher ses particules voisines, en lui fournissant une définition numérique de ce voisinage. La case transmet alors la demande à la racine, qui recherche par subdivision les cases dont le centre est suffisamment proche de la particule. La recherche est rapide, car non seulement il y a un ordre de magnitude entre le nombre de cases et celui de particules, mais aussi parce que la subdivision élimine des branches entières de cases qui n'auront jamais à être explorées. La réponse est par contre heuristique, puisqu'elle dépendra de la finesse des cases. Néanmoins, plus l'entité a de voisines, plus la réponse est précise (car alors les grilles seront plus finement subdivisées), ce qui correspond à ce qu'on cherche. La figure 3.17 illustre ce procédé, dans un écoulement peu dense. La particule rouge plus grosse au centre du disque noir est la particule dont on cherche le voisinage. Le disque noir est l'ensemble des points du plan situés à moins de la distance recherchée. Les particules rouges sont celles estimées «suffisamment proche» par l'algorithme.

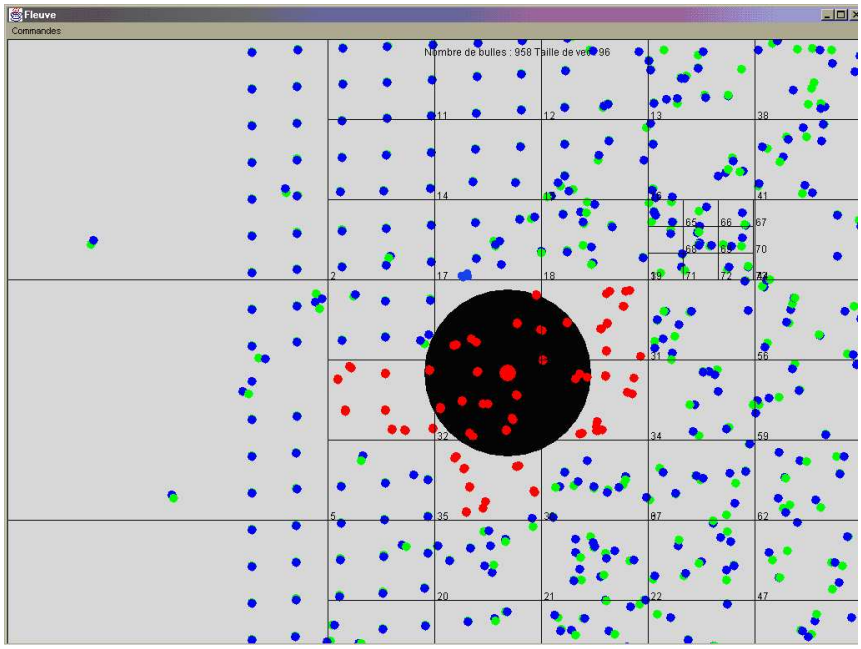


FIG. 3.17 – Voisinage à l'aide d'un N-Tree

Détection de structure dense

Que ce soit au niveau de la physique et ou niveau du vivant, les lieux où de nombreuses entités sont en présence sont des lieux où se produisent de nombreuses interactions et qui voient éventuellement des organisations émerger. La méthode que nous avons présentée précédemment peut permettre de mettre en évidence de tels phénomènes (cf. figure 3.18)

On cherche donc à identifier des groupes relativement compact d'entités denses dans l'espace de simulation, ou bien encore d'entités situées dans des régions de l'espace où les entités sont plus nombreuses que dans les régions les entourant. Une méthode intuitive

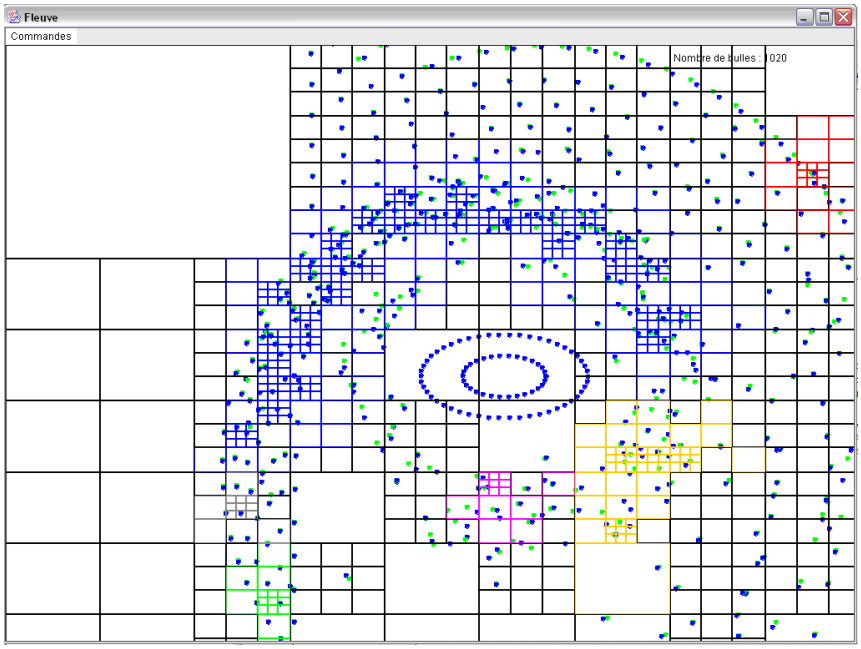


FIG. 3.18 – Détection de structure dense à l'aide d'un N-Tree

serait de rechercher les gradients de densité lorsqu'on en a besoin : on lui a préféré une méthode répartissant le travail sur la gestion au tour par tour de la simulation, plutôt que lors d'un pic de calcul. À chaque création de grille, celle-ci est inscrite dans une courbe de niveau correspondant à sa hauteur dans l'arbre. On se souvient de plus qu'une plus grande densité en entités de simulation entraîne une plus grande densité de grille : ces grilles sont donc plus hautes dans le N-tree. On a alors immédiatement les données de répartition de densité dans l'espace que l'on souhaite : les populations les plus denses sont dans les feuilles des courbes de niveau les plus hautes. Cela ne suffit bien sûr pas : toutes les entités appartenant à une population de même densité ne sont pas nécessairement membre d'une même organisation. On peut avoir des pics de densité simultanément à différents endroits de l'espace de simulation. Il reste ensuite à regrouper les entités au sein de leur courbe de niveau par leur proximité spatiale relative, grâce à un algorithme de clustering hiérarchique par agglomération adapté à la situation . Toujours à des fins d'efficacité, c'est la notion de distance de perception précédemment décrite qui est utilisée.

Cette détection de zone dense ou non dense nous permet de savoir s'il faut lancer la détection ou non de structures tourbillonaires.

3.4 Simulation du biotope et de la biocénose

Tansley en 1935 définit un écosystème [32] comme un système d'interactions qui s'établit entre la biocénose (l'ensemble des êtres vivants) et le biotope (leur milieu de vie). [Frontier and Pichet-Viale, 1998] traduisent cela par :

$$Ecosystème = Biotope \otimes Biocénose$$

Ils proposent $\otimes$ (produit tensoriel) pour remplacer +, cette notation impliquant l'existence d'interactions entre les éléments ainsi liés.

Un écosystème est caractérisé pas les points suivants :

- *Vision statique.* Les espèces ne sont pas réparties au hasard. Il existe des regroupements d'espèces animales et d'espèces végétales en fonction des paramètres abiotiques (non vivant) du milieu.
- *Temporalité.* Ces regroupements ne sont pas fixes et immuables dans le temps, ils évoluent et correspondent à des stades différents, aboutissant théoriquement à un climax[33], état final d'une succession écologique.
- *Interactions.* Les espèces végétales et animales ne sont pas «juxtaposées» au sein d'une association, des interactions (nombreuses) existent entre elles : chaînes alimentaires ; interactions abiotiques et biotiques.
- *thermodynamique (+ information).* Tous les liens entre abiotique et biotique sont quantifiables sur une base énergétique.

Il nous semble clair que pour modéliser un écosystème, il faut prendre en compte la dimension de système complexe. Les représentations centrées sur les individus (IBM) semblent bien adaptées. Elles permettent à la fois d'identifier des comportements typiques, les interactions et les organisations émergentes, le tout se développant dans un environnement vecteur des flux. Néanmoins si cette approche est riche et prometteuse, elle doit faire face à des aspects contraignants. En effet si un niveau de description fin peut sembler adéquat pour simuler le phénomène dans sa diversité, il peut rendre le modèle inexploitable. Une simplification trop grande, quant à elle, conduit à un modèle compréhensible, computable mais déconnecté du phénomène réel. De plus les données issues du monde réel sont souvent «non spatialisées» et agrégées, il peut donc être nécessaire d'utiliser à la fois des données globales et individuelles au niveau d'une simulation. C'est pourquoi notre approche est multi-niveaux et utilise des représentations mixtes (analytique et IBM). Nous modélisons à la fois des populations et des individus. La notion de compartiment ou environnement est présente et constitue des parties d'un même écosystème liées par des flux

[32] «*But the more fundamental conception is, as it seems to me, the whole system (in the sense of physics), including not only the organism-complex, but also the whole complex of physical factors forming what we call the environment of the biome - the habitat factors in the widest sense. It is the systems so formed which, from the point of view of the ecologist, are the basic units of nature on the face of the earth. These ecosystems as we may call them are the most various kinds of sizes. They form one category of the multitudinous physical systems of the universe, which range from the universe as a whole down to the atom*» [Tansley, 1935].

[33] État le plus stable dans les conditions existantes.

de matière et d'énergie. Les populations et les individus évoluent à des niveaux de description dans ces compartiments. Ils interagissent entre-eux et avec leur environnement, sont influencés par les caractéristiques propres de celui-ci qui rétroagit.

3.4.1 Modèle hybride holarchique compartimental

Afin d'éclairer notre propos, nous allons tout d'abord présenter différents concepts utilisés en écologie. Le premier concerne une classification usuelle en écologie des divers éléments qui constituent la biocénose des écosystèmes. Celle-ci se base en fait sur le rôle qu'occupe une espèce dans la dynamique globale de l'écosystème et plus particulièrement sur ce qu'elle consomme et ce qu'elle produit. Cette vision est bien sûr orientée pour mettre en avant la production des matières cruciales dans le fonctionnement d'un écosystème.

On peut ainsi diviser les espèces d'un écosystème [Frontier and Pichet-Viale, 1998] en trois catégories (cf. figure 3.19) :

1. *Les producteurs :* ce sont les espèces responsables de la production d'oxygène dans l'écosystème (que ce soit par photosynthèse ou chimiosynthèse[34]). Ils produisent notamment leur propre matière organique à partir de matière inorganique et consomment des sels minéraux. On classe, par exemple, dans cette catégorie le phytoplancton.
2. *Les consommateurs :* ce sont les espèces qui se nourrissent de matière organique afin de constituer leur propre biomasse. Ils libèrent notamment de la sapromasse[35]. On y trouve la majorité des prédateurs.
3. *Les décomposeurs :* ce sont des espèces qui produisent des sels minéraux en consommant de la biomasse ou de la sapromasse. On trouve dans cette catégorie les populations de bactéries qui décomposent la matière organique en suspension via des réactions chimiques à base d'enzyme.

On voit ici que la description est cyclique puisque les producteurs, les consommateurs et les décomposeurs sont liés par des relations de dépendance les uns vis-à-vis des autres, suivant ce qu'ils consomment et produisent. Cette classification n'est malgré tout pas suffisante ni complète mais constitue un moyen de cataloguer les espèces que l'on étudie vis-à-vis de leur activité. D'autres classifications existent s'attelant à mettre en valeur d'autres spécificités des divers constituants de la biocénose mais prennent en compte la nature de l'écosystème alors que celle que nous avons retenue s'applique à tout type d'écosystème et est basée sur la nature des interactions. Dans les écosystèmes aquatiques, on trouve notamment comme critère la position dans la colonne d'eau (benthos[36], suprabenthos[37]...).

[34]Production de matière organique par oxydation de substances minérales sans énergie solaire.
[35]Matière organique morte et en voie de décomposition.
[36]Organismes vivants en relation étroite avec le fond aquatique.
[37]Ensemble des organismes à capacité natatoire capables d'évoluer dans la couche d'eau adjacente au fond.

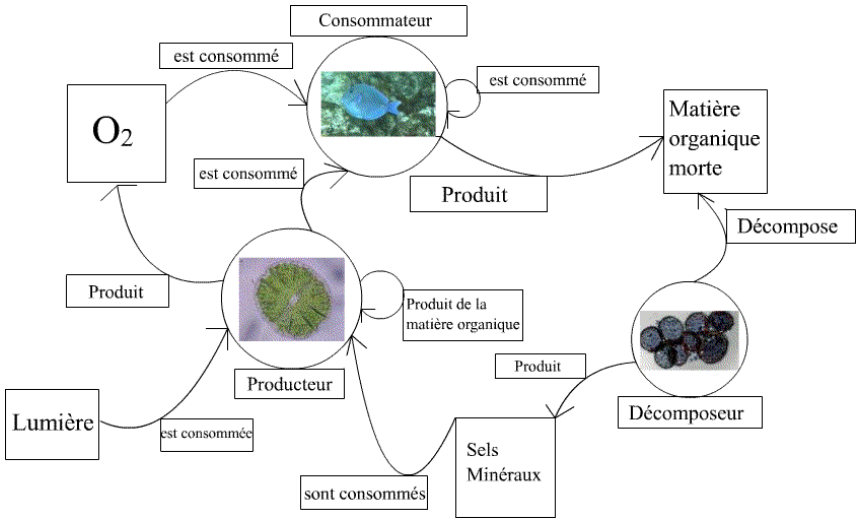


FIG. 3.19 – Les producteurs-consommateurs-décomposeurs et les relations les unissant

Les individus ont un état individuel souvent appelé `i-state`. Ces états sont en fait des descripteurs représentant les caractéristiques des individus d'une population ainsi les `i-states` les plus usuels sont le poids, l'âge, la taille.... Le choix d'un `i-state` dépend évidemment de l'étude que l'on souhaite mener. Le concept d'`i-state` a lui même induit celui de `p-state` [D. L. DeAngelis, 1992] ou état populationnel. Un `p-state` est donc toute caractéristique donnée d'une population. On constate donc, immédiatement, que les `i-states` et les `p-states` lient différents niveaux de description et vont nous permettre d'effectuer du changement d'échelle. Nous réinterprétons les deux notions de la façon suivante :

- Les `i-states` sont des descripteurs d'individus. Afin de passer de ces états à l'état de la population même, il suffit d'effectuer une somme pondérée de tous les `i-states` des individus ou classes d'individus de la population.
- Les `p-states` respectent l'hypothèse de mixage parfait d'une population. Ils représentent donc des valeurs moyennes ou correspondent à la somme des états de leurs individus. Un passage simple des `p-states` aux `i-states` consiste donc à attribuer à chaque individu une valeur moyenne dépendant de l'effectif de la population et de la valeur du `p-state`.

Par analogie et pour les besoins de notre représentation, nous introduisons également des `e-state` descripteurs de l'environnement (luminosité, taux divers, ...).

Une fois ce formalisme adopté, notre modèle d'écosystème se base sur les caractéristiques suivantes :

- Un système multi-niveaux : nous avons introduit longuement la notion de système précédemment (cf. 2.1), mais complétons en remarquant qu'un partitionnement des écosystèmes en terme de compartiments est souvent possible (cf. figures 3.20 et 3.21).

Chaque compartiment a alors ses caractéristiques propres mais liées aux autres car

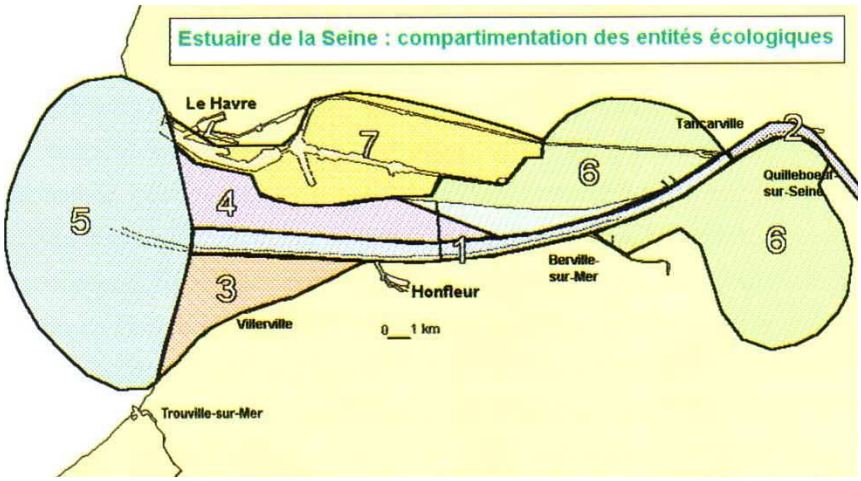


FIG. 3.20 – Les divers compartiments de l'estuaire de la Seine (d'après [Guézennec, 2000])

ils échangent des flux variés et partagent des dynamiques communes et fortement corrélées. Partant de ces constats quatre niveaux se dégagent, trois niveaux fixés a priori et un a posteriori :

1. Le niveau individuel : il constitue le grain le plus fin de notre modèle et se situe au niveau de l'individu (élémentaire) ou super-individu (agrégation d'individus) en tant qu'entité discrète.
2. Le niveau compartimental : il constitue un grain intermédiaire où l'on fixe des conditions environnementales particulières. C'est le niveau des `e-states` et `p-states`. On peut constater que cette notion s'étend de manière plus globale à celle d'environnement. En effet, un compartiment est juste une partie d'un écosystème présentant un `e-state` dont la valeur se différencie de celle des environnements voisins. Nous considérerons cet état comme homogène dans le compartiment et nous confondrons volontairement compartiment et environnement. Par exemple si on considère un écosystème aquatique on pourra le scinder en deux environnements en fonction de la luminosité, une zone permettant la photosynthèse et l'autre non.
3. Le niveau de l'écosystème : grain le plus gros, où interviennent les `e-states` les plus globaux. Il est à noter qu'un écosystème englobe des compartiments mais aussi des écosystèmes ce qui permet d'introduire récursivement des phénomènes environnementaux à des échelles temporelles ou spatiales particulières.
4. Le niveau système : contrairement aux niveaux précédents, celui-ci est fixé a posteriori et il constitue celui où l'on place les entités émergentes généralement obtenues à partir de `p-states` plus locaux.

Chacune de ces échelles agit bien sûr à une temporalité différente. Les variations des `i-states` étant généralement simulées sur un temps plus court que celui des

`p-states` et des phénomènes extérieurs agissant sur les `e-states`.

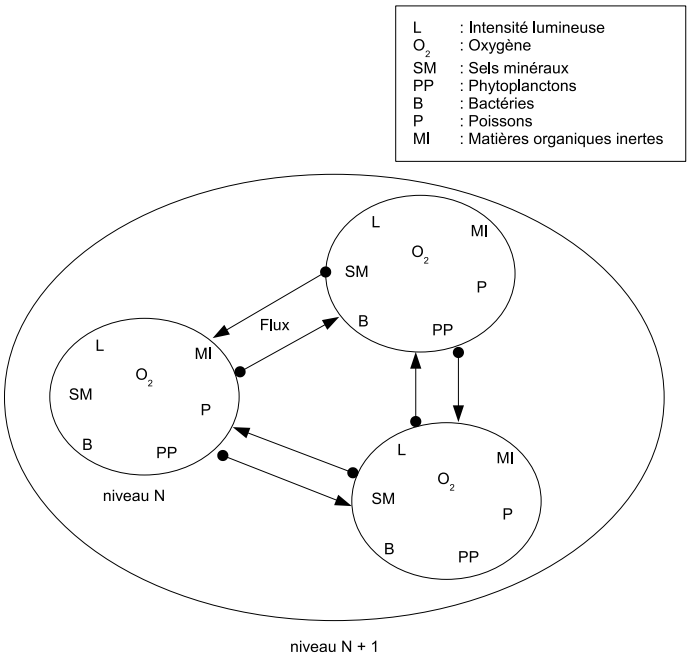


FIG. 3.21 – Écosystème holarchique composé de trois compartiments

Les différents concepts intégrés dans l'ontologie sont donc :

- Une description holarchique : nous considérons les interactions entre les éléments de tous les niveaux de notre système de façon holarchique. Chaque holon est à la fois un tout et une partie. Ainsi qu'il s'agisse de l'écosystème, d'un `e-state`, d'un individu ou d'une population, nous parlerons d'holon et modéliserons les possibles interactions entre chacun des niveaux qui, de toute façon, se répercutent de manière directe ou indirecte sur le reste du système.
- Un modèle hybride : chaque holon a des comportements qui traduisent en fait son évolution propre et ses interactions avec les autres holons. Ces comportements ne sont rien d'autres que des règles ou des lois traduisant sa dynamique. Au niveau des `e-states`, `p-states` et systèmes, on trouve des lois de type équationnel. Au niveau des individus, on trouve majoritairement des règles mais aussi des lois pour l'évolution des super-individus si nécessaire.
- Ouverture des systèmes : en introduisant à la fois les compartiments, les écosystèmes d'une part et les comportements d'autre part, notre modèle est en phase avec la notion d'ouverture puisqu'il permet de la retranscrire soit directement en modélisant des interactions entre les `e-states` des compartiments soit en influençant la dynamique des `e-states` de l'écosystème traduisant alors son interaction avec le monde extérieur.
- Diverses représentations de l'espace : la spatialisation du modèle dépend du niveau où l'on se place. L'espace physique, c'est-à-dire celui qui entre en jeu pour les in-

teractions locales, est placé au niveau individuel, on peut alors utiliser un espace global ou en tant que donnée de nos éléments. Les compartiments sont situés les uns par rapport aux autres suivant un espace topologique. On détaille donc les compartiments qui sont en relation et la nature de cette relation (surface d'échange, ...). Enfin, l'espace en général (c'est-à-dire sa configuration complète) est placé au niveau de l'environnement.

3.4.2 Ontologie du modèle

Pour définir notre ontologie correspondant au modèle d'écosystème hybride holarchique, nous avons utilisé Protégé [Protégé team, 2000]. Elle se base sur les concepts généraux suivants, que nous venons de décrire :

1. les holons ;
2. les modèles de comportements ;
3. les éléments spatiaux ;
4. les éléments temporels ;
5. les composants d'écosystème ;
6. les chaînes et réseaux.

Nous allons reprendre, maintenant chacun d'entre-eux.

Les holons

La classe holon (cf. figure 3.22) est atomique dans notre description elle est non décomposable. Un holon entretient des interactions directes ou indirectes avec d'autres holons.

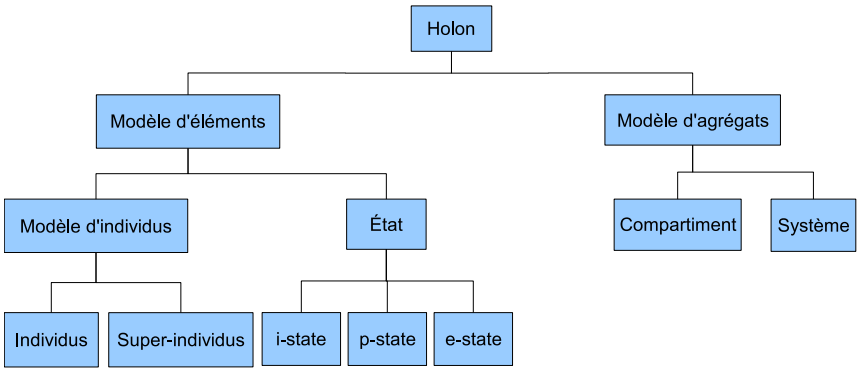


FIG. 3.22 – Classe holon

Deux classes héritent de la classe holon :

- Modèles d'éléments : le concept associé est celui d'un holon qui est un tout fini et non morcelable du point de vue du modèle. Il n'est pas utile ou envisageable de le décomposer en d'autres holons pour modéliser son évolution. Ils constituent les éléments les plus petits que l'on peut modéliser et apparaissent donc à l'échelle la plus fine d'observation de notre modèle. Ils se subdivisent en :

- ▷ Modèle d'individu : qui correspond à la représentation d'un être vivant décrit de manière discrète par un ensemble de `i-state`. Elle se subdivise en deux classes distinctes :
  - ◦ Individu : représente un individu discret en tant que tel.
  - ◦ Super-individu : ils sont semblables à des individus hormis qu'ils regroupent un certain nombre d'individus représentés alors de manière continue. Leurs états sont en fait une somme pondérée des états des individus qui les composent. De même, leurs comportements s'appliquent à la valeur des états plutôt qu'à un état en particulier. Ils présentent des comportements sous forme de lois ou de règles.
- ▷ Les états : ce sont des grandeurs caractéristiques, c'est-à-dire une valeur décimale représentant la quantité d'un élément ou d'une matière donnée (oxygène, carbone, ...) que l'on ne veut modéliser que par un objet mathématique ou autre... Cela englobe les notions de `i-states`, de `p-states` et `e-states` qui sont ses sous-classes.

▶ Modèles d'agrégats : ce sont des éléments dont la cohérence globale est évidente lorsque l'on se place à un niveau d'observation approprié mais qui sont faits de diverses parties (d'autres instances de classe héritant de holons en général). Ils ont à la fois des caractéristiques propres (`p-state` ou `e-state`) et des constituants (modèle d'individu). Ainsi ils présentent des liens de cardinalité (1-n) vers leurs parties qui sont de type Modèle d'agrégat ou Modèle d'élément (excepté `i-state`). On trouve plusieurs types qui constituent les sous-classes de cette catégorie :

- ▷ Compartiments ou environnements : les compartiments sont des entités spatialisées, cohérentes suivant certaines caractéristiques. Ils mettent en jeu des constituants qui sont des modèles d'individus. Ces constituants influent et sont influencés par les caractéristiques du compartiment.
- ▷ Systèmes : un système qualifie le rassemblement d'un ensemble de holons. Communément, c'est un ensemble de holons dont les dynamiques particulières aboutissent à une dynamique globale à une échelle d'observation plus élevée, celle du système. On peut donc les rassembler en une méta-entité émergente appelée système. Les critères de cohésion d'un système peuvent être multiples. Cela peut être un comportement commun comme dans le cas d'un banc de poissons ou des actions qui en se combinant aboutissent à un phénomène à un niveau d'observation supérieur comme dans le cas de structures émergentes. Dans nos applications, un système sera plus particulièrement un ensemble d'individus en interaction quasi isolé du reste des autres individus.

Modèles de comportement

Un modèle de comportement permet de définir l'évolution des états d'un holon. Cela peut très bien être une loi ou une règle qui sont fonctions de divers critères. Ceci orientera d'ailleurs leur classification. On trouve donc par exemple des modèles de comportements :

- Internes : ils ne prennent pas en compte l'extérieur mais juste les états d'un holon ;
- Externes : ils nécessitent une perception puis une action avec un élément du voisinage du holon. Leurs rapports avec les autres concepts de l'ontologie sont retranscrits par

la figure 3.23.

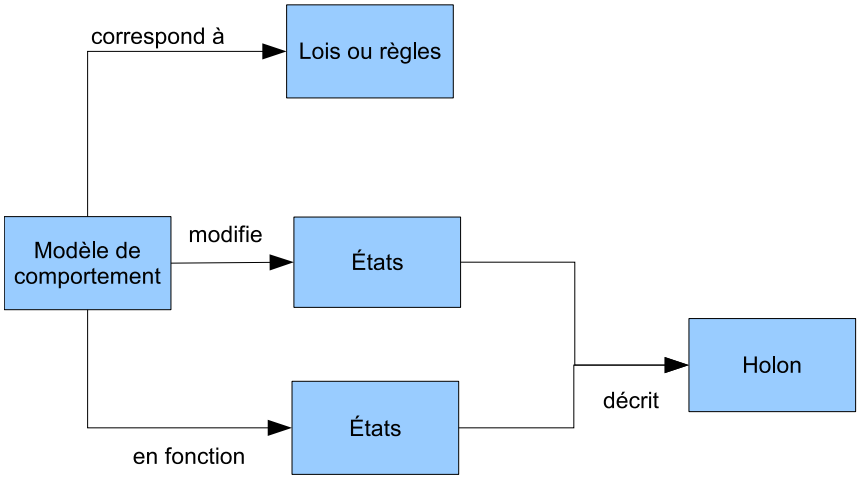


FIG. 3.23 – Rapport d'un modèle de comportement avec les autres concepts de l'ontologie

L'espace

Les holons peuvent être éventuellement situés et la notion d'espace est au centre de la notion de compartiment ainsi que de celle de modèle d'individu.

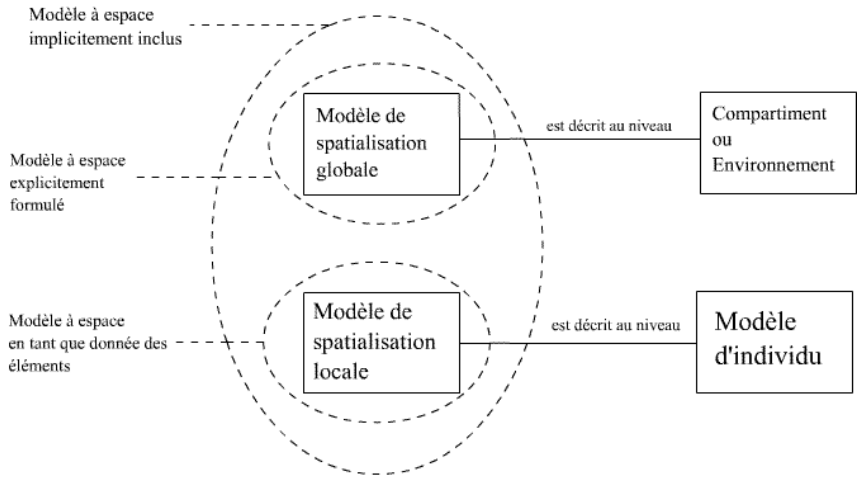


FIG. 3.24 – Placement des modèles d'espace dans notre ontologie

Nous plaçons l'espace à deux niveaux dans notre ontologie (cf. figure 3.24) :

– Modèles de spatialisation globale : on classe ici l'ensemble des abstractions d'espace qui sont utilisées en modélisation d'écosystèmes. Suivant les cas (type d'environnement) et les niveaux d'observation, les outils varient beaucoup. On trouve par

exemple l'espace continu, la grille, le voisinage... On classe ici les modèles d'espaces globaux. Cette spatialisation est décrite au niveau des environnements ou des compartiments ;
- Modèles de spatialisation locale : on classe ici les outils permettant de repérer une entité dans un espace particulier. Cette notion est connexe à la notion de modèle de spatialisation globale mais se rapporte aux individus. On trouve de même ici les espaces en tant que donnée d'un élément. Cette spatialisation est située au niveau des individus.

Les modèles de spatialisation nous permettent également de définir un voisinage.

Le temps

On introduit deux notions qui correspondent principalement aux notions temporelles fondamentales en écologie (cf. figure 3.25) :
- Date : estampille un instant précis et ponctuel dans notre modèle et dans une simulation et permet de situer un événement dans une chronologie.
- Période : laps de temps entre deux dates. On stocke aussi bien une durée que la manière de représenter la succession des dates de cette période. Cela permet de se focaliser sur les périodes significatives (phases, cycles ...).

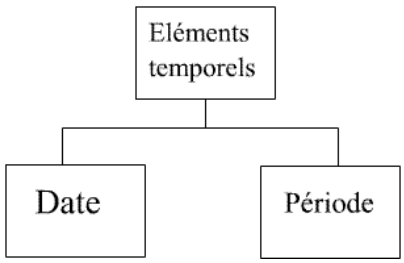


FIG. 3.25 – La classe éléments temporels et ses classes filles.

Les composants de l'écosystème

Cela permet de classer chacun des individus d'une simulation suivant leur rôle dans l'écosystème. On reprend ici le modèle général de Producteur-Consommateur-Décomposeur. On trouve donc trois sous-classes des composants d'écosystèmes :
- Les producteurs : espèces qui se caractérisent par une production de matière organique à partir de matière non organique. Comme on l'a décrit auparavant, il s'agit principalement des organismes responsables de la photosynthèse ou de la chimiosynthèse. Pour les différencier, il suffit d'observer ce qu'ils consomment et ce qu'ils génèrent sans même se soucier de leur comportement ;
- Les consommateurs : espèces produisant de la matière organique de manière hétérotrophe ;
- Les décomposeurs : espèces produisant entre autres des sels minéraux par décomposition de la matière organique présente dans leur environnement (par digestion

la plupart du temps). Ils participent à la décomposition de la nécromasse. Parmi ceux-ci, on peut citer les bactéries marines, les champignons...

L'intérêt réel de cette partie de l'ontologie est de permettre aux utilisateurs de démarrer l'instanciation de leur problème concret. Cette partie est incrémentable suivant la vision du spécialiste. Elle constitue ainsi une branche de l'ontologie destinée à permettre aux écologues d'amorcer le passage de leur cas réel à un modèle tout en pouvant réintroduire les concepts nécessaires à leurs études.

Les chaînes ou réseaux d'interactions

Un concept particulier introduit dans notre ontologie est celui de chaîne. Il représente en fait un réseau qui lie les holons entre eux en se basant sur un lien particulier les concernant. La classe chaîne est directement liée avec les instances de la classe composants d'écosystème et décrit plus particulièrement les liens représentant des interactions qui sont mis en valeur par ces classes.

Méta-modèle d'écosystème

Lorsque l'on instancie l'ontologie par rapport à un cadre d'étude concret, on obtiendra des modèles, agencés les uns par rapport aux autres à divers niveaux de description, correspondant aux éléments et entités de l'étude donnée. On obtient ainsi un modèle correspondant à cette étude et qui respecte les concepts de modélisation d'un écosystème que nous avons fixé. Nous avons défini un méta-modèle d'écosystème déclinable en modèle particulier suivant le problème considéré. Ainsi l'instanciation

- D'un holon, d'un modèle d'individu, d'un modèle d'agrégat et d'un modèle d'éléments n'est pas possible, ce sont des classes abstraites.
- De la classe individu ou super-individu ne donne pas un individu mais un modèle individu-centré correspondant aux individus d'une espèce de notre problème concret. Ce modèle d'individu d'une espèce respecte nos présupposés.
- D'un `p-state` ou `e-state`, nous donne un modèle permettant de représenter une population ou un état environnemental. Cela peut être par exemple un entier pour une population avec une évolution logistique (choisie lors de la sélection de ses modèles de comportement).
- De la classe Compartiment nous donne ainsi un modèle d'environnement décrit avec certains `e-state`, `p-state` et un modèle d'espace.
- etc ...

3.4.3 Mise en œuvre et résultat

Premier exemple

Nous avons proposé un modèle d'écosystème et par le biais d'une ontologie, créé un médium capable de communiquer celui-ci et surtout de l'appliquer à des problèmes concrets. Les modèles produits par l'instanciation de cette ontologie doivent eux-mêmes être mis en simulation afin de suivre l'évolution des divers phénomènes et entités mis en jeu. C'est le rôle de l'implémentation, le choix de définir une API java qui s'appuie sur le concept

d'objet actif migrable a été fait, en utilisant ProActive [Baude et al., 2000], pour plus d'informations on pourra consulter [77].

Le modèle et la simulation ont été étudiés afin de mettre clairement en évidence l'influence des interactions indirectes entre espèces d'un écosystème par le biais de leur environnement. Nous avons donc considéré un cas mettant en jeu uniquement deux espèces, l'une de proies (le phytoplancton) et l'autre de prédateurs (des poissons).

Pour cela, le problème est modélisé en utilisant un unique compartiment et obéissant aux règles suivantes :

- Le plancton croît en fonction de la photosynthèse et aboutit à la production de plancton supplémentaire une fois un certain niveau atteint.
- Les poissons se déplacent, ont un comportement de prédation qui leur permet de manger toutes proies dans leur rayon d'action à chaque pas de temps et ont une probabilité de mort. Chaque prédation provoque l'augmentation de leur biomasse. Ils se reproduisent une fois une certaine biomasse atteinte (et baissent alors leur biomasse).
- On utilise un compartiment ayant un taux de O_2 et une luminosité.

Ce problème est volontairement simple afin de pouvoir le comparer avec une modélisation de type Lotka-Volterra si l'on néglige les interactions locales. On a donc le système suivant :

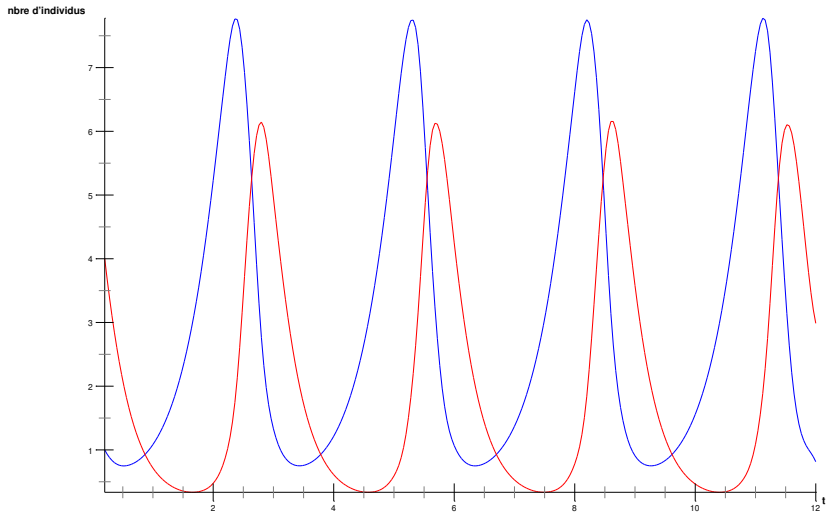
$$\begin{cases} \dfrac{dX}{dt} &= aX - bXY \\ \dfrac{dY}{dt} &= -cY + dXY \end{cases} \tag{3.10}$$

Qui conduit aux dynamiques bien connues en fonction des valeurs de a, b, c et d :

1. Prélèvement trop fort : extinction de la population de plancton et mort consécutive de celle de poisson ;
2. Prélèvement trop faible : croissance quasi exponentielle des deux populations ;
3. Prélèvement et reproduction équilibrés : phase entre les maxima et les minima des effectifs de planctons et de poissons (voir figure 3.26).

Avec notre modèle on aboutit quasiment aux mêmes dynamiques que celle du modèle différentiel, cependant on observe un phénomène de spatialisation. En effet, il arrive qu'un amas de plancton se trouve isolé alors que la prédation est trop forte. Il peut permettre alors au compartiment de retrouver une dynamique de croissance du plancton. Au cas où les prédateurs ne parviennent pas assez rapidement à trouver cet amas, ils disparaissent. Sinon, ils peuvent à nouveau se nourrir et ainsi de suite jusqu'à une éventuelle extinction définitive du système.

Nous avons ensuite introduit un facteur limitant la consommation en oxygène. Ainsi à chaque pas de temps les poissons doivent respirer, et s'ils n'y parviennent pas, leur biomasse est baissée de manière significative augmentant leur probabilité de mort si elle atteint un niveau trop bas.



La courbe bleue représente les proies et la rouge les prédateurs. $a = 2, b = 1, c = 3, d = 1$ et $X(0) = 1, Y(0) = 4$.

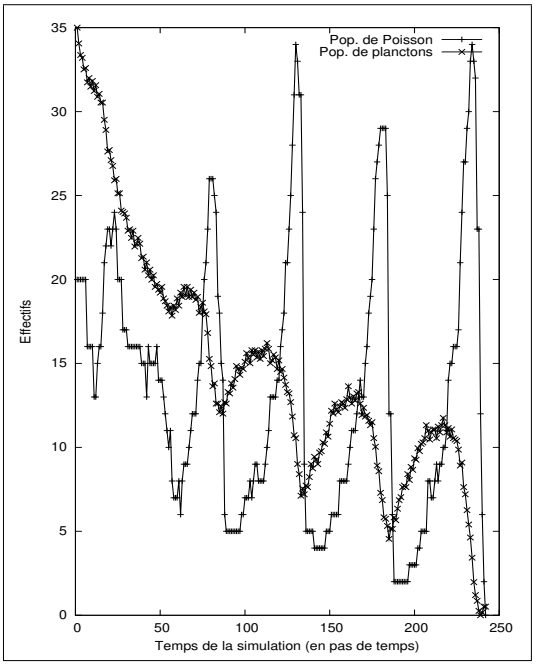
FIG. 3.26 – Tracé classique d'un modèle proie-prédateur de type lotka-volterra montrant la phase entre effectif de proies et de prédateurs.

Les résultats que nous obtenons sont présentés sur les courbes 3.27(a), 3.27(b) et 3.27(c), en fonction du prélèvement des prédateurs.

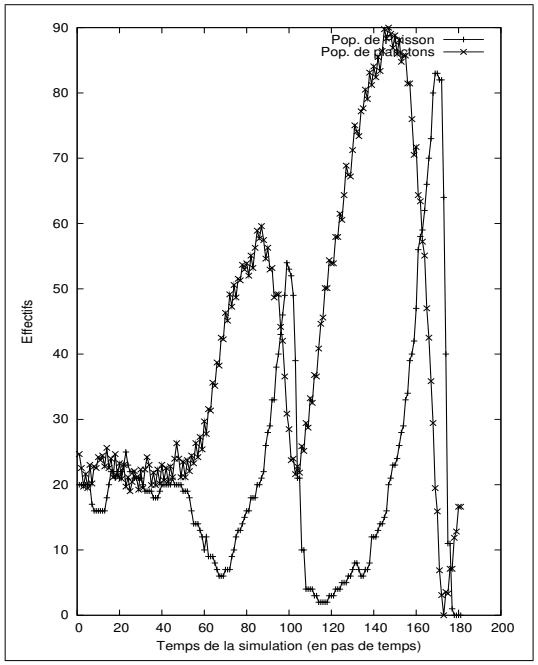
Ces trois résultats peuvent s'expliquer de la manière suivante :

1. dans le premier cas (figure 3.27(a)), on constate que le prélèvement nettement trop élevé est contrebalancé par la rétroaction due au facteur limitant qu'est l'oxygène. Toute baisse trop critique du plancton entraîne à terme une baisse par mort due à l'asphyxie des poissons. Ceci permet alors à des foyers de plancton de se redévelopper ce qui induit alors une nouvelle expansion de la population de poissons. Malgré tout, on constate que chaque oscillation du phénomène induit une baisse du nombre moyen de plancton jusqu'à l'extinction. La perpétuelle baisse initiale de l'effectif de plancton vient d'une période où les poissons épuisent l'oxygène de leur compartiment et ne subissent donc pas la rétroaction ;

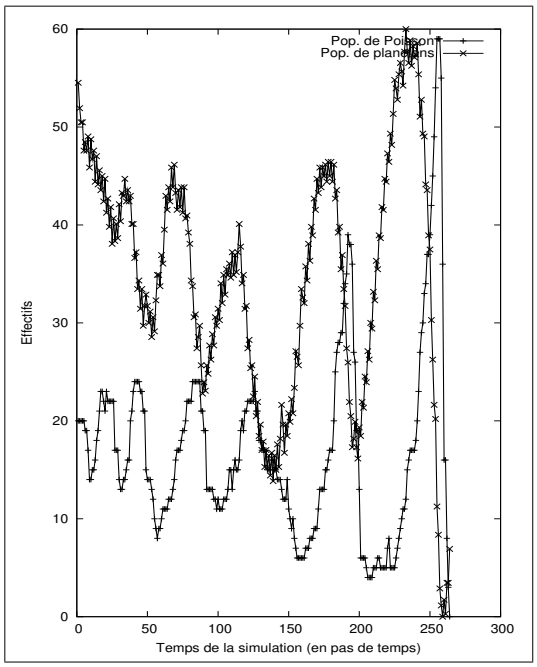
2. dans le deuxième cas (figure 3.27(b)), on constate que le système parvient à se maintenir dans un premier temps où production d'oxygène et oxygène déjà présent initialement dans le compartiment suffisent aux proies. Ensuite, on observe une chute de l'effectif de la population de poissons. Celle-ci provient de l'entière consommation de l'oxygène du milieu qui ne peut pas être contrebalancée par la production trop faible d'oxygène par le plancton. En découle une croissance exponentielle du plancton. Celle-ci induit un enrichissement très élevé du milieu en oxygène permettant alors un redéveloppement critique de la population de poissons. La prédation



(a) Prélèvement trop élevé.



(b) Prélèvement correct mais production de ressources critiques insuffisantes pour la proie.



(c) Prélèvement et production de ressource équilibrés

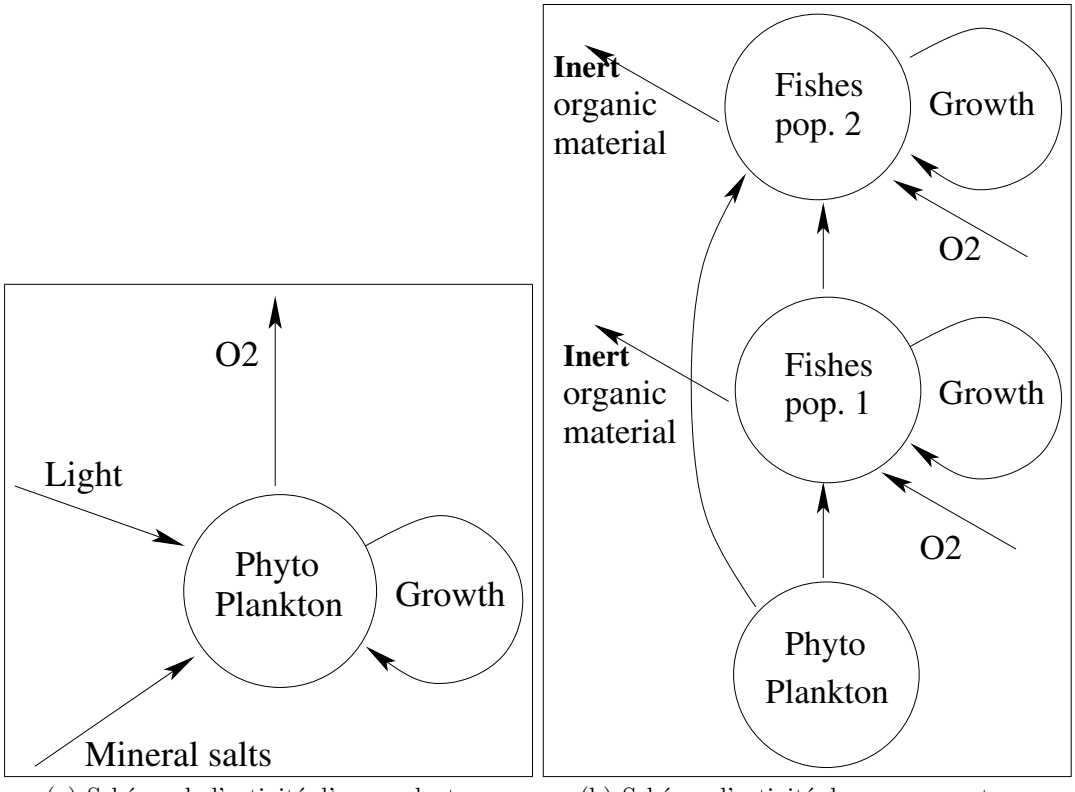
FIG. 3.27 – Modèle proies-prédateurs spatialisé avec une contrainte environnementale.

devient alors trop élevée entraînant finalement l'épuisement du système malgré une oscillation similaire au premier cas ;

3. dans ce cas, les données sont équilibrées (figure 3.27(c)). Les fluctuations sont d'ordre spatiale. Le système se maintient mais s'épuise à cause d'une explosion de la population de poissons et donc probablement de rencontres trop fréquentes entre proies et prédateurs.

Deuxième exemple

L'exemple que nous allons maintenant développer est un écosystème constitué de trois compartiments et trois espèces liées par des relations de prédation, de consommation et de production. Il étudie l'effet d'un `e-state` sur l'évolution simultanée de trois compartiments en relation. Il y a trois populations, deux de poissons et une de phytoplancton, dont l'activité et les relations sont résumé par les figures 3.28(a) et 3.28(b).



(a) Schéma de l'activité d'un producteur (b) Schéma d'activité des consommateurs

FIG. 3.28 – Producteurs-consommateurs

Nous modélisons :

- Le phytoplancton en tant que super-individu. Il a un unique `i-state` qui représente un niveau d'énergie. Sa production d'oxygène dépendra de la luminosité et des sels minéraux avec une relation affine (approximation possible tant que l'on ne dépasse pas le taux de luminosité optimal de production de O_2 par la photosynthèse [Pavé, 1994]). Elle est incorporée à un comportement de production effectué à chaque pas de temps. Le phytoplancton n'a pas de déplacement. Cette production augmente le niveau d'énergie. Un comportement de reproduction implique la genèse de nouveaux planctons si un certain niveau d'énergie est atteint (cette reproduction implique une baisse du niveau d'énergie). Ils sont situés via un système de coordonnées à deux dimensions.
- Les poissons en tant qu'individus. Ils consomment leurs proies respectives et assimilent une quantité de biomasse dépendant du nombre d'individus et de l'espèce des proies qu'ils ont ingérées lors de leur comportement de prédation. Ils se déplacent de manière aléatoire. Après une certaine période de temps et s'ils ont assimilé assez de biomasse, les poissons se reproduisent. A chaque pas de temps, ils ont une probabilité de mort et doivent respirer. S'ils n'y parviennent pas, leur probabilité de mort est augmentée. S'ils ne parviennent plus à respirer ou à se nourrir durant une période assez longue, ils migrent de compartiment (suivant les rapports entre compartiments). Ils sont situés via un système de coordonnées à deux dimensions.
- les compartiments ont pour `e-state` l'oxygène, la luminosité (critère d'homogénéité) et les sels minéraux. Ils échangent de l'oxygène tous les dix pas de temps en fonction du pourcentage de contact entre eux, ceci est retranscrit via un comportement. Le taux de sels minéraux évolue suivant une loi discrète. Leur espace est un espace continu à deux dimensions.
- l'écosystème présente un espace discret représentant un réseau qui décrit les liens entre les compartiments avec leur surface de contact.

De nombreuses simulations avec des conditions de placement initiales des individus, de rapport entre les compartiments et de luminosité des compartiments aléatoires ont été réalisées permettant de dégager diverses évolutions caractéristiques possibles de chacun des compartiments :

- Stabilité des compartiments : dans ce cas-ci, le compartiment présente une certaine stabilité dans les effectifs des trois populations. Une baisse de la population de phytoplancton entraîne dans ce genre de compartiment le report de la prédation des poissons de la population 2 sur ceux de la population 1. De même une migration d'une partie des deux populations vers d'autres compartiments s'opère si l'oxygène vient à trop manquer. Cela permet alors à la population de plancton de se redévelopper, ce qui implique consécutivement l'augmentation des effectifs des deux populations de poissons à nouveau. Ce cas se rencontre lorsque la luminosité est forte permettant un développement rapide du plancton. Il a aussi été observé lorsque les apports en O_2 des autres compartiments étaient importants.
- Quasi disparition de la population de plancton : ce cas s'opère lors de luminosité forte et d'apport extérieur en O_2 suffisamment fort pour annuler la rétroaction {consommation de O_2 par les poissons, production de O_2 par le plancton}. Il reste parfois des amas de planctons isolés des prédateurs dans l'espace. La population de poissons 2 survit alors tant que la population de poissons 1 n'a pas disparu. Au final,

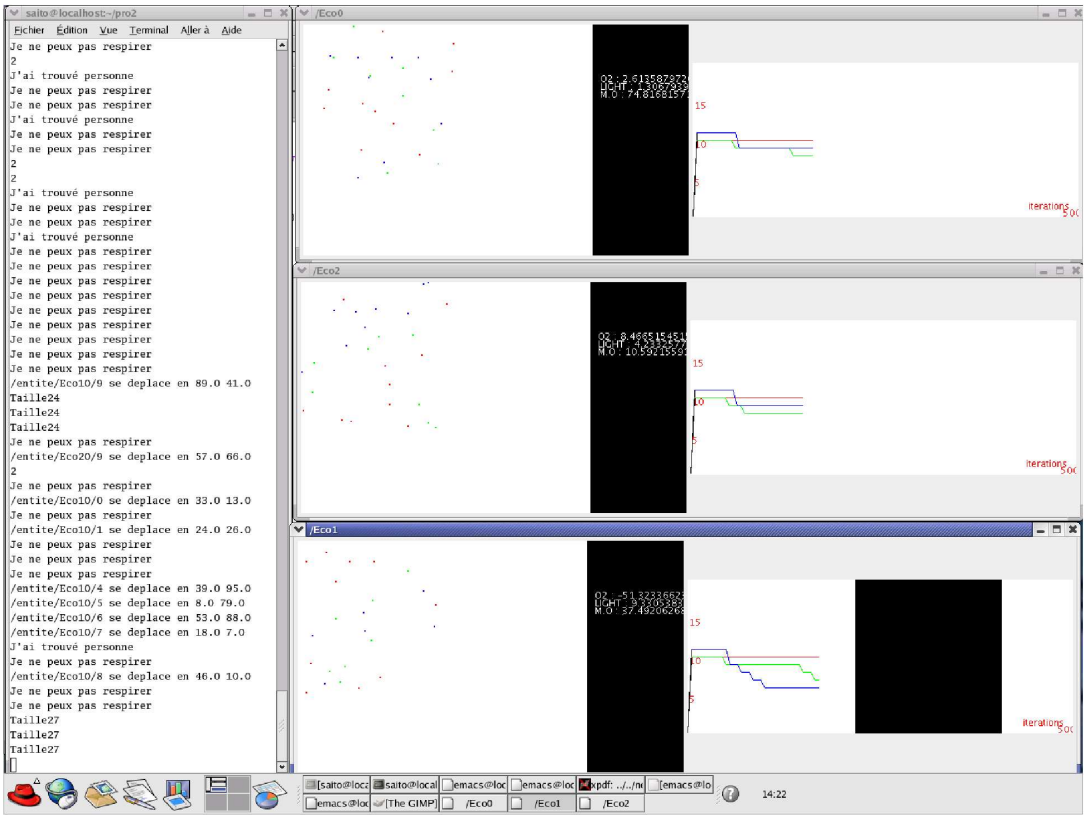


FIG. 3.29 – Les trois compartiments et leur évolution

le compartiment voit sa population le quitter pour migrer vers des compartiments contenant des proies. Ceci peut aboutir aux deux cas qui vont être décrits ensuite.
- Compartiment mort : plus aucune espèce.
- Écosystème renaissant : une souche de plancton isolée a survécu. Elle se développe alors plus ou moins vite en fonction de la luminosité. Ce compartiment fournira alors ses voisins grandement en oxygène, dans l'attente d'un repeuplement par des poissons voisins.

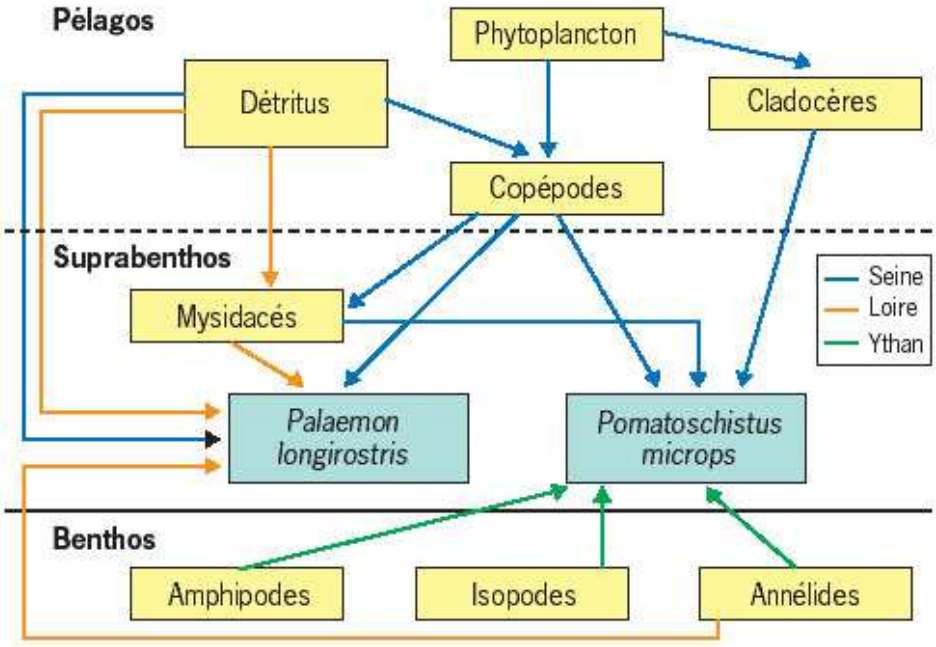
3.4.4 Détection et gestion des organisations

Nous disposons donc d'un modèle pour étudier le réel et d'un outil pour le simuler. Les écosystèmes sont des systèmes complexes dans lequel on voit apparaître des phénomènes émergents et des organisations. Nous allons nous attacher à les détecter et les réifier éventuellement, dans une démarche soit d'acquisition de connaissances et/ou de réduction de complexité calculatoire. La première consiste donc à détecter des réseaux d'interactions (par exemple des chaînes trophiques particulières) et la seconde à effectuer du changement d'échelle en fonction de l'évolution des éléments de la simulation. Dans les deux cas c'est le réseau d'interactions qui est analysé.

Détection des réseaux trophiques

Un des problèmes critique en écologie est la compréhension des divers réseaux d'interactions entre espèces d'un même écosystème. Un des réseaux les plus souvent étudié est la chaîne trophique qui répond à la question : «qui mange qui ?». L'étude de la complexité structurelle d'un écosystème passe par l'analyse de la structure du réseau trophique. D'autre part il y a autant de réseaux trophiques que d'écosystèmes puisqu'ils sont influencés par l'environnement global. Diverses conditions de salinité, températures ou autres ainsi que des barrières physiques peuvent en effet empêcher deux espèces d'être en rapport. Donc, la connaissance de la chaîne trophique d'une espèce dans un écosystème ne nous permet pas de connaître celle qu'elle aurait dans un autre écosystème. Au mieux, on ne peut qu'émettre des suppositions quant à la place qu'elle pourrait occuper d'autant qu'elle sera aussi soumise à des interactions avec d'autres espèces ne se trouvant peut-être pas dans son écosystème d'origine. Ainsi, il est impossible de prévoir quelle sera réellement la place dans le réseau trophique d'une espèce dans un écosystème comme le montre une étude comparative réalisée sur le régime alimentaire du gobie tacheté dans l'estuaire de la Seine et celui de l'Ythan en Écosse [Dauvin, 1999]. Celle-ci montre que dans le premier cas, cette espèce se nourrit sur le compartiment planctonique de la Seine et dans l'autre sur les compartiments benthiques ou supra-benthiques (c'est-à-dire sur un niveau trophique plus élevé). L'anthropisation de l'estuaire de la Seine en est la cause, en effet elle a réduit les contacts entre le gobie tacheté et ses proies préférentielles (benthos et supra-benthos) dont il se nourrit généralement (voir figure 3.30).

Une interaction entre deux holons est la résultante d'un comportement qui s'est exécuté avec succès entre une entité source du comportement et une entité cible qui se trouve dans son entourage. La prédation n'est rien d'autre qu'un comportement de recherche de proie, absorption de la proie qui se déroule avec succès décrit sous forme de loi ou sous



D'après [Dauvin, 1999].

FIG. 3.30 – Régime alimentaire du gobie tacheté Pomatoschistus microps dans l'estuaire de la Seine et de l'Ythan ainsi que de celui du bouquetin palaemon longirostris dans l'estuaire de la Seine et de la Loire

forme de règle. A chaque comportement de ce type, l'entité responsable du comportement envoie un message à un objet spécial de la simulation qui enregistre alors l'interaction correspondante. Le message contient à la fois l'identité de la source et de la cible de l'interaction, leur espèce et une valeur représentant l'influence qu'a eue cette interaction sur la source. Dans le cas très particulier de la prédation, cette influence est égale à la biomasse absorbée par la source.

Un graphe valué est alors constitué, il contient un ensemble de noeuds N (les espèces de la simulation) et un ensemble d'arcs valués A (les relations de prédation entre elles avec pour valeur le total de la biomasse de proies absorbées de la manière suivante :

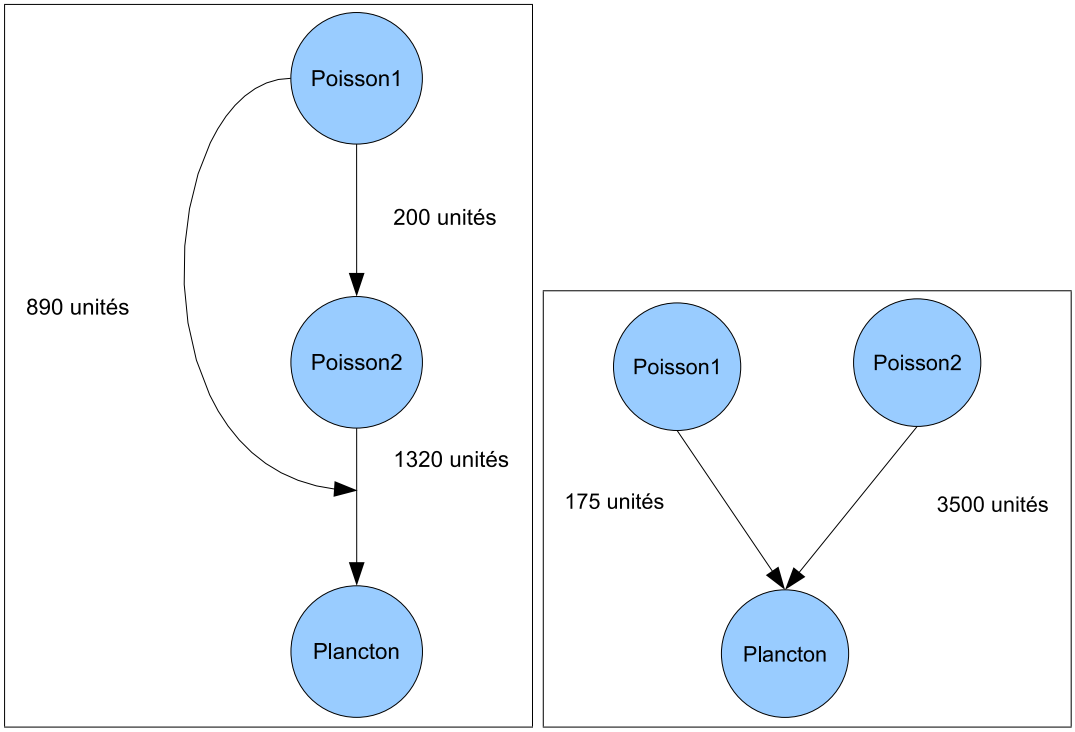
- Si l'espèce de la source (respectivement de la cible) n'est pas présente dans l'ensemble N , on l'ajoute.
- Si un arc incident à l'espèce de la cible de l'interaction et ayant pour destinataire l'espèce de la source de l'interaction existe dans A, on y ajoute la biomasse absorbée par la source.
- S'il n'existe pas dans A d'arc incident à l'espèce de la cible et ayant pour destinataire l'espèce de la source de l'interaction, on en crée un avec pour valeur la biomasse absorbée par la source et on l'insère dans A.

Le graphe $\{N,A\}$ évolue en fonction du temps et permet de comparer à la fois la représentation dans l'espace de nos éléments et l'évolution des `e-state` de l'environnement. Ce mécanisme fonctionne aussi bien quelle que soit la nature du holon (c.a.d des individus, des super-individus ou des populations) et de ses comportements. Ce mécanisme a été testé plusieurs fois sur la simulation du deuxième exemple décrite précédemment en 3.4.3 donnant ainsi l'évolution de chaîne trophique décrite dans la figure 3.31 qui nous montre plus particulièrement une évolution de la chaîne trophique résultant d'une raréfaction des individus de $Poisson2$ et de plancton dans le voisinage de ceux de $Poisson1$.

Cette méthode est applicable à d'autres problèmes, comme les chaînes de contamination par exemple. En effet, considérons un problème spatialisé de contamination. On dispose d'un écosystème dans lequel on trouve des points sources de contamination. La contamination se répand par exemple suivant un modèle de diffusion. Les espèces traversant les zones contaminées absorbent une certaine quantité de contaminant dépendant de leur physiologie, c'est la bioconcentration. Elles transmettent cette contamination à leurs descendants. De même, les espèces absorbent par prédation des espèces pouvant être contaminées. Elles assimilent alors une partie de la contamination de leur proie en fonction, une fois de plus, de leur physiologie, c'est la bioamplification. Le graphe contiendra les espèces et le contaminant.

3.4.5 Changement d'échelle

Ce que nous avons présenté correspond à un modèle mixte capable à la fois de mettre en jeu des populations représentées sous forme individu-centrée (au sens large) et populationnelle. Nous allons utiliser cette mixité en cours de simulation, lorsque cela est possible, en repérant les holons dont la description est devenue inappropriée du fait de l'évolution en changeant cette description. Il faut donc être capable de détecter ce fait et de changer de niveau de description, on retrouve donc la thématique déjà développée dans 3.3.3. Cela revient à détecter des organisations et pour cela on va construire le graphe (valué) des



(a) t=10 (b) t=20

FIG. 3.31 – Évolution de la chaîne trophique d'une simulation impliquant trois populations pour un compartiment donné

interactions (pour plus de détails, on pourra se référer à [77]) entre les holons et à partir de celui-ci détecter les situations suivantes :

1. Plusieurs individus d'une même espèce se retrouvent «piégés» à un endroit de l'espace où ils n'interagissent plus qu'avec des super-individus de manière similaire. Ils développent alors un comportement équivalent tout en restant dans un même voisinage (celui des super-individus avec lesquels ils interagissent) et ne différent que par la valeur de certains de leur `i-state`. L'ensemble des calculs locaux des comportements des individus sont ré-effectués autant de fois qu'on a d'individus dans cette situation alors qu'ils présentent un comportement local similaire (interactions équivalentes avec les mêmes holons).

   Ils seront alors regroupés en un super-individu.

2. Des groupes de super-individus interagissent constamment les uns avec les autres en constituant un système disjoint du reste du système. Le système est ouvert il ne reçoit d'énergie que de son environnement (voire ponctuellement de son entourage local). L'intérêt de modéliser chaque partie de ce système est moindre puisque le réseau d'interactions de ce système est invariant. Les comportements se répètent et ont pour acteurs les mêmes holons.

   Ils seront agrégés en une entité système les décrivant au niveau populationnel, gérée par une loi de type Lotka-Volterra.

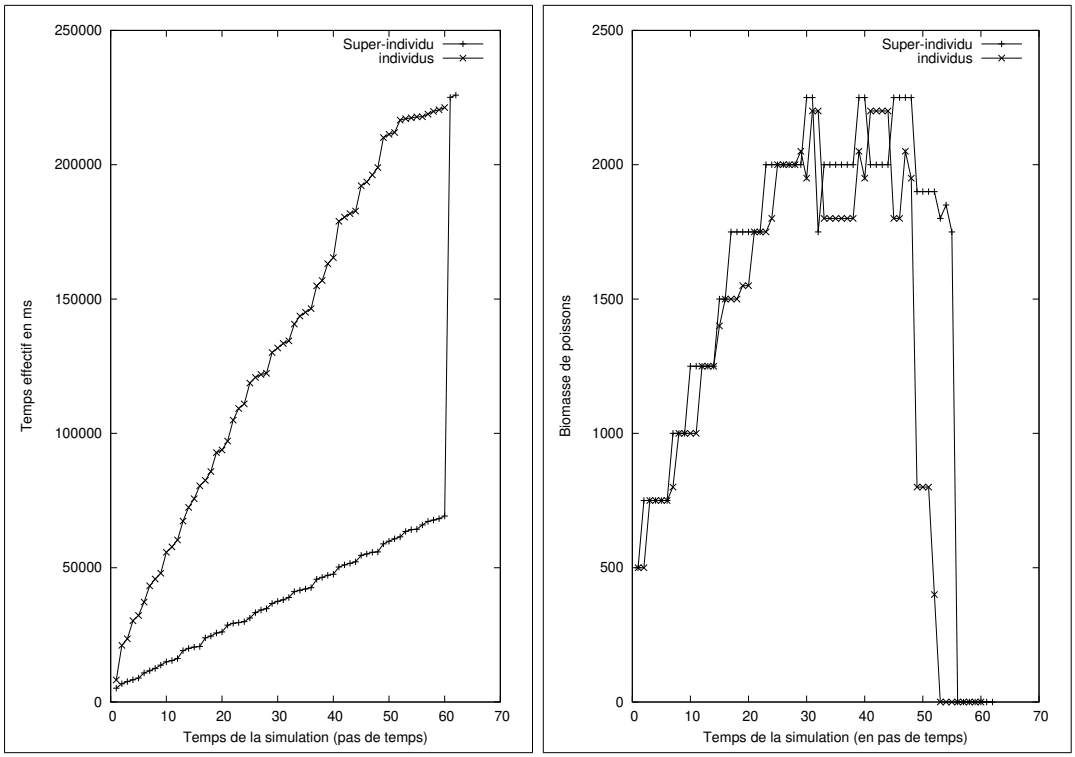
3. Un individu (ou super-individu ou groupe d'individus) n'interagit plus qu'avec les données de son environnement et ne présente donc plus d'interactions locales avec d'autres éléments ou entités de notre système. La projection du holon dans l'espace est alors inutile.

   Il sera géré au niveau populationnel avec l'ensemble des autres individus présentant une caractéristique analogue.

Si l'on considère le premier cas cité, on cherche donc à regrouper des individus (ou super-individus) en un même super-individu unique. Dans ce cas, deux changements de représentation ont été mis en place. Soit on regroupe uniquement les individus (ou super-individus) aux états quasi-similaires et on constitue les états du super-individu à partir de la somme (pondérée ou non) des états des individus. Soit on constitue des super-individus dont certains états sont similaires et d'autres différents et séparés. Dans ce dernier cas, leur traitement est individualisé.

Ce type de méthode a été testée par exemple avec deux populations, la première constituant les proies et la seconde les prédateurs. Les résultats (cf. figure 3.32) nous montrent une accélération conséquente sans conséquence réelle sur la trajectoire de la simulation si l'on considère la biomasse présente dans le compartiment considéré.

Dans le deuxième cas, on regroupe des super-individus (qui sont de nature ou espèces différentes) dans un système géré par des lois d'évolution. Dans notre exemple, nous essayons de rassembler proies et prédateurs dans un système géré par des lois de type Lotka-Volterra dont les paramètres sont évalués en cours de simulation (durant la période précédant le changement d'échelle) ou en fonction des comportements même des super-individus.



(a) Temps d'exécution (b) Évolution de la biomasse

FIG. 3.32 – Simulation avec deux espèces avec (courbe Super-Individu) et sans (courbe Individu) changement de représentation

Ainsi si l'on considère un exemple où chaque comportement implique une rétroaction sur la biomasse des super-individus on peut reproduire la dynamique des populations du système via un système Lotka-Volterra dont les paramètres sont fixés dynamiquement.

$$\begin{cases} \dfrac{dX}{dt} &= aX - bXY \\ \dfrac{dY}{dt} &= -cY + dXY \end{cases} \tag{3.11}$$

On détermine alors a, b, c et d en fonction des variations de la biomasse tirées du graphe d'interactions (déterminées à partir de la valeur des arcs) et des données du modèle :

- On établit la variation de biomasse ΔB_X de la population X durant δt en en sommant la valeur des arcs incidents aux nœuds correspondant aux super-individus constituant cette population. Soit f_i la variation de biomasse nécessaire à la production de k_i individus par un individu de la population i. On a :

$$a = \frac{k_X \Delta B_X}{f_X \delta t} \tag{3.12}$$

- On connaît la biomasse de X qui a été prélevée par Y. On peut donc en déduire b en fonction du nombre moyen d'individus de Y et de X sur la période δt et de l'assimilation de la biomasse des individus de X par Y. Grossièrement,

$$b = \frac{\Delta B_X}{E_{X,Y} X_m Y_m \delta t} \tag{3.13}$$

  où X_m et Y_m sont la population moyenne de X et Y sur la période δt et $E_{X,Y}$ l'efficacité d'assimilation de la biomasse des individus de X par ceux de Y.
- On détermine de même c et d en fonction respectivement des pertes de biomasse dues aux relations avec le holon représentant l'oxygène et le gain total de biomasse dû aux relations avec les super-individus qui vont constituer X.

Il est évident que ce n'est qu'un exemple et que les situations peuvent s'avérer beaucoup plus complexes et que d'autres part de nombreuses questions se posent quant à la validité des équations obtenues. Nous avons considéré que la croissance des espèces prédatrices était limitée par la densité de leurs proies, ce qui correspond à la réponse numérique du prédateur à la densité [Holling, 1959]. Mais les prédateurs peuvent changer leur comportement en fonction des densités des diverses proies c'est-à-dire capturer les proies les plus abondantes : cela correspond à la réponse fonctionnelle du prédateur. Ainsi différentes réponses fonctionnelles ont été proposées, certaines dépendant uniquement de la densité des proies, et elles présentent alors les caractéristiques de modèles où les abondances sont contrôlées «de haut en bas», d'autres dépendant du ratio entre densité de proies et densité de prédateurs, elles incluent donc une régulation des abondances «de bas en haut».

Dans le dernier cas, les entités n'ont plus d'interaction avec des entités spatialisées, elles sont gérées via des lois populationnelles (loi logistique, exponentielle...) tout en gardant

une trace physique de ces holons afin de pouvoir repérer s'ils développent dans le futur des interactions avec des holons apparus dans leur voisinage. On représente uniquement leur déplacement au sein de l'espace et on gère leur évolution équationnelle simultanément à celle des autres holons de la même espèce ces derniers étant représentés de la même façon au niveau populationnel.

Nous avons donc décliné des règles permettant de rassembler des holons lorsque cela était pertinent. Si nous savons rassembler, il faut aussi être capable de diviser lorsque les hypothèses de rassemblement deviennent critiquables. C'est notamment le cas lorsque :

1. Un super-individu issu d'un rassemblement développe des liens prédominants dans la dynamique de sa biomasse avec des individus. A partir de ce moment là, une redivision en entités décrites suivant leur représentation d'origine est à faire. Dans notre cas, nous avons opté pour un replacement aléatoire, dans le rayon d'action de ce dernier, des individus ou super-individus constituant notre super-individu issu d'un précédent rassemblement ;
2. Le système isolé constitué développe des interactions avec de nouvelles entités. Dans ce cas, trois choix s'offrent à nous :
   - Soit on développe une méthode permettant aux systèmes d'interagir avec d'autres holons de manière ponctuelle et jouant sur leurs états respectifs et l'on casse le système s'il développe trop d'interactions locales,
   - soit on casse le système dès qu'il est soumis à une interaction locale,
   - soit on lui permet d'assimiler ces nouveaux éléments.
3. Un élément arrive dans le voisinage d'un élément que l'on a intégré au niveau populationnel et dont on a gardé une trace dans l'espace de la simulation. A ce moment-là, on réintègre ce dernier à l'espace de la simulation en le supprimant du niveau populationnel.

3.5 Conclusion

On a décrit différentes méthodes dans ce chapitre pour le passage d'un niveau élémentaire de description à un niveau organisationnel détecté ou émergent. Le cadre du travail qui s'applique soit aux écoulements fluides soit à la composante biologique est tout à fait généralisable et utilisable dans un autre contexte. On y retrouve de mon point de vue plusieurs points importants.

Le premier est la détection des organisations à l'aide d'un graphe d'interactions. Ce graphe évolue dans le temps, il est le «langage» de l'application, détecter les organisations consiste alors à effectuer une «analyse syntaxique».

Le second consiste à donner du sens aux organisations, ce qui nous permet de faire opérer aux simulations des changements de modèles dans le milieu même qu'elles gèrent. Ainsi, par exemple de manière dynamique, ces simulations sont à même de modifier un modèle particulaire en un modèle organisationnel ou encore un modèle individu centré en un modèle proie-prédateur Lotka-Volterra. Rappelons que ces mêmes simulations ne sont, par nature, que le déroulement temporel (la trajectoire) du ou des modèles qui la

constituent. L'approche de résolution multi-échelles engendre ainsi une rétro-action de la simulation sur ses modèles constitutifs et s'inscrit dans le paradigme du complexe. Le dernier point est la gestion des structures elles-mêmes, pour lesquelles on définit un comportement sous forme de lois ou de règles, une frontière qu'elle entretient et sa stabilité.

Terminons sur un regret ou plutôt des perspectives à long terme, le comportement de nos organisations est dans les faits prédéfinis mais que faire d'une organisation présentant un comportement non répertorié ? La voie de la programmation génétique en mémorisant des organisations et leurs trajectoires durant de nombreuses simulations est-elle une piste ?

Chapitre 4

Détection d'organisations par des techniques de collaboration et de compétition

Sommaire

4.1 Introduction 94
4.2 Détection d'organisations par un algorithme fourmi . . . 95
4.2.1 Le graphe comme environnement et solution 96
4.2.2 Graphe dynamique coloré 98
4.2.3 Recherche d'organisations ou de communautés dans les réseaux 100
4.3 Distribution dynamique adaptative 106
4.3.1 Le modèle 109
4.3.2 Gestion de Population et démographie 112
4.3.3 Conditions initiales 114
4.3.4 Ajouts de couleurs 114
4.3.5 Gestion de conditions particulières et mécanismes supplémentaires 115
4.3.6 Architecture et implémentation 119
4.3.7 Expérimentations et résultats 123
4.4 Modification du modèle 134
4.5 Conclusion 135

4.1 Introduction

L'intelligence en essaim est d'inspiration éthologique et privilégie les modèles simples en prenant exemple, en particulier, sur les comportements collectifs des insectes sociaux, ceci se traduisant méthodologiquement dans des systèmes auto-organisés. Cela consiste donc à construire des agents réactifs organisés par l'intermédiaire de leurs interactions capables de déterminer des solutions complexes par effet de bord. Les agents ont une vision locale et décident de manière non centralisée et autonome de leurs actions. Le mécanisme naturel est sans holoptisme[38], aucun individu n'a une idée quelconque de ce qui émerge. Ce qui stabilise et dirige est obtenu par l'intermédiaire de l'environnement. Dans le respect de la métaphore naturelle, le fonctionnement du système est décentralisé. Il est constitué d'agents ne faisant appel à aucune représentation ni mécanisme de raisonnement sophistiqué. La résolution n'est que le fait des interactions et de la dynamique du système : l'intelligence naît de façon collective. De tels systèmes se caractérisent par leur adaptabilité et leur robustesse, du fait d'un contrôle décentralisé, chaque agent réagit en fonction de ses propres perceptions aux modifications de son contexte et il est capable de s'adapter continuellement aux variations et à la dynamique de celui-ci. L'absence de centralisation rend le système robuste, la défaillance de l'un des agents ne remet pas en cause l'obtention de la solution. Un tel système peut changer de comportement en cours de fonctionnement afin de s'adapter aux évolutions de son environnement et donc prendre en compte la dynamicité de celui-ci. Un autre aspect important, de notre point de vue est l'économie cognitive, en effet il n'y pas de représentation symbolique ainsi que peu de mémoire individuelle et les modèles de comportement sont extrêmement simples basés sur des mécanismes de perception-action ce qui permet d'introduire éventuellement des comportements adaptatifs simples. La communication n'y est pas intentionnelle et utilise le plus souvent l'environnement comme médium, cet environnement rétroagissant sur les agents.

Bien que l'on puisse considérer que les systèmes complexes peuvent être très différents en ce qui concerne leur formes et leur fonctions, ils partagent une caractéristique commune qui est qu'ils sont constitués d'un ensemble d'entités en interactions. La connectivité est donc un attribut universel des systèmes complexes. [Green, 1993] montre qu'ils présentent des schémas de connectivités souvent semblables et qui plus est, les dépendances exprimées dans des modèles matriciels, les systèmes dynamiques, les automates cellulaires, les semigroupes et des ensembles partiellement ordonnés sont isomorphes aux graphes orientés.

Nous nous proposons d'étudier de tels graphes d'interaction, qui évoluent donc en fonction du temps, en recherchant en particulier les organisations. Pour cela on va utiliser des mécanismes d'intelligence collective qui comme on l'a dit plus haut sont robustes, adaptatifs et de plus distribués. Les agents réactifs vont être attirés par les organisations puis «capturés» par ces organisations contenues dans le graphe dynamique. Ces agents utilisent leur environnement c'est-à-dire le graphe pour interagir par l'intermédiaire de

[38] *Holos* le tout et *optisme* voir

signaux déposées sur celui-ci. Les interactions créeront à la fois des mécanismes de collaboration mais également des mécanismes de compétition qui permettront en particulier de détecter les organisations. La compétition introduit un mécanisme de régulation et permet par exemple la possibilité de découvrir des organisations à intersection non vide.

4.2 Détection d'organisations par un algorithme fourmi

Notre approche consiste à utiliser une population d'agents simples et réactifs dont le comportement s'inspire de celui exhibé par des fourmis naturelles.

Le but est donc de trouver des organisations à l'intérieur d'un graphe $G = (V, E)$ qui représente donc les interactions E entre des entités V. Les arcs peuvent être valués en fonction d'une mesure sur l'interaction. Le poids de l'arc e est noté $|e|$. D'autre part, nous définissons la notion d'organisation dans le graphe G comme étant un ensemble d'entités/sommets plus étroitement reliées ensembles qu'aux autres parties du graphe ; plus étroitement reliées voulant dire que les sommets peuvent avoir un plus grand nombre d'arcs en commun, mais aussi que les poids peuvent être plus importants. Cette formulation est très voisine de celles que l'on rencontre dans la littérature [Danon et al., 2005, Girvan and Newman, 2002, Newman, 2004b].

L'algorithme que nous utilisons s'inspire des algorithmes fourmis ACO (Ant Colony optimization) décrits dans [Dorigo and Stützle, 2004] néanmoins deux différences sont notables : la compétition que nous introduisons par l'intermédiaire de plusieurs colonies et l'absence de fonction d'objectif. Dans notre algorithme de l'auto-organisation émerge, elle modifie l'état de l'environnement et donc le graphe et influence de ce fait le comportement des fourmis numériques mais elle n'est pas réintroduite explicitement dans l'algorithme.

Plusieurs colonies de fourmis se déplacent dans le graphe pour détecter les organisations. Chaque colonie a une couleur distincte et lorsque les fourmis numériques parcourent le graphe elles déposent sur les arcs des phéromones de leur couleur. Les fourmis détectent les phéromones et leur quantité, elles sont attirées par les phéromones de leur couleur en fonction de la quantité et tendent à être repoussées par les phéromones des autres couleurs. Lorsque le graphe est pondéré, les fourmis favorisent les arcs dont la valuation est la plus grande.

Le principe de l'algorithme est de colorer les organisations contenues dans le graphe en utilisant les phéromones. Les fourmis d'une colonie donnée vont donc collaborer pour coloniser des zones et entrer en compétition avec les autres colonies pour maintenir leurs propres zones, la figure 4.1 est un exemple d'un graphe pour lequel on a obtenu quatre organisations avec trois couleurs. Des solutions vont émerger et être entretenues par le comportement des fourmis. Les solutions vont être les couleurs de chaque sommet dans le graphe. Cette couleur est déterminée en fonction de la couleur dominante sur les arcs incidents.

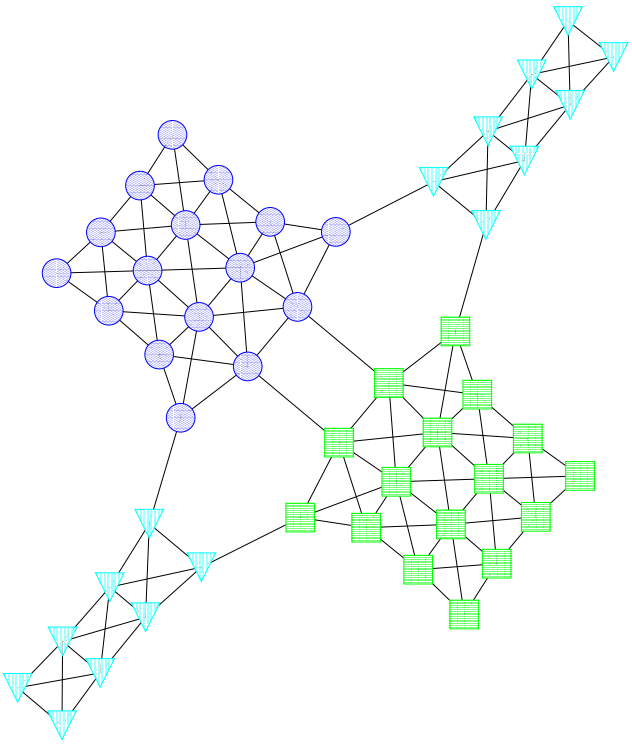


FIG. 4.1 – Exemple d'un graphe coloré avec détection des organisations

4.2.1 Le graphe comme environnement et solution

Les fourmis numériques se déplacent dans un environnement représenté par un graphe. Ce dernier est une représentation d'un système composé d'entité en interaction. Cela peut être par exemple, un graphe de communication, un réseau d'interaction protéique, le graphe de communication d'une application à distribuer ... La signification de ce graphe est inconnue aux fourmis, elles ne sont sensibles qu'à la présence ou non d'arcs entre les nœuds, à l'importance de ces arcs par rapport aux autres et aux informations que leur congénères ont déposées dans ce graphe. L'importance d'un arc est définie par le système.

En effet, les fourmis en parcourant le graphe le modifient en déposant des informations sous la forme de phéromones. Ces phéromones sont stockées sur les arcs traversés. C'est le message qualitatif et quantitatif qui permet aux autres fourmis de savoir combien d'autres fourmis de leur colonies sont passées par là, et combien de fourmis d'autres colonies ont visité cet endroit. La figure 4.2 donne un exemple de toutes les informations présentes dans le graphe. Elle montre les proportions de phéromones colorées sur les arcs, indiquant la qualité des phéromones (leur couleur), mais aussi leur quantité en fonction de la taille du diagramme circulaire. Les sommets sont eux-aussi colorés, en fonction des phéromones dominantes sur les arcs adjacents. Chaque sommet peut contenir plusieurs fourmis de couleurs différentes.

Le graphe est une structure de données en mutation constante. Ainsi un arc possède une durée de vie, et à chaque itération de l'algorithme il conserve les messages que les

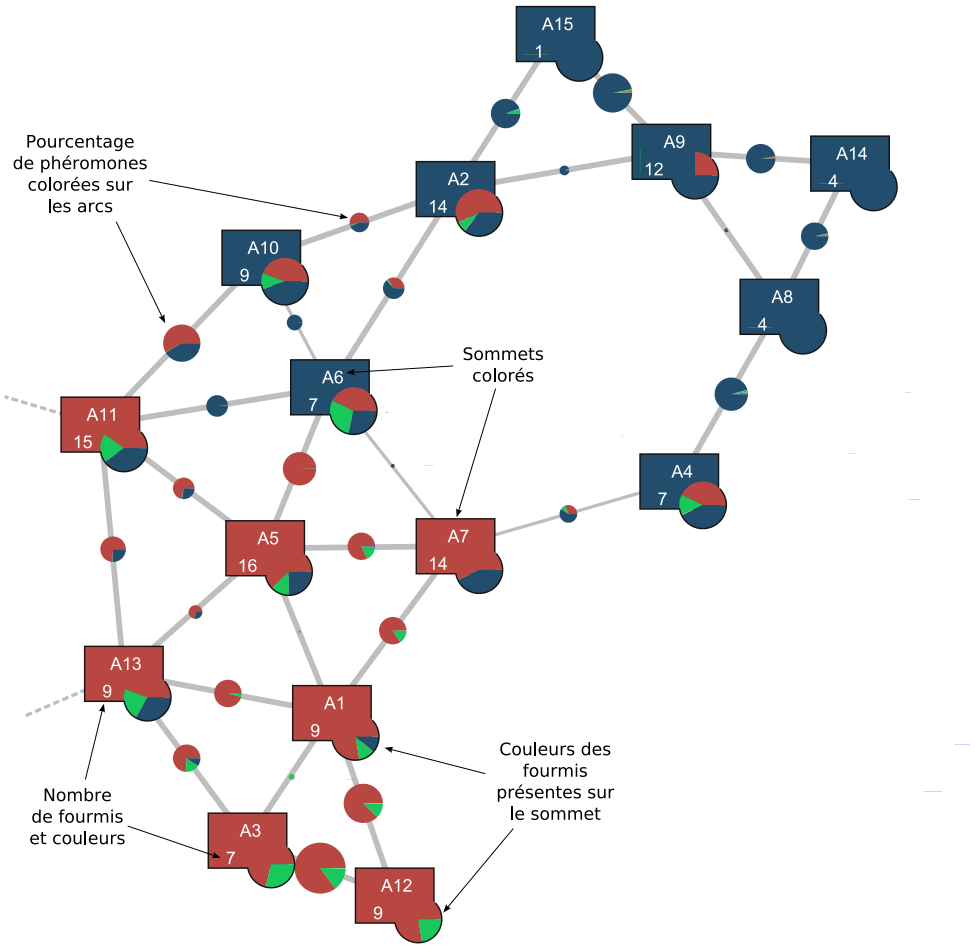


FIG. 4.2 – Graphe dynamique utilisé en tant qu'environnement pour les fourmis, et les diverses informations qu'il contient.

fourmis l'ayant emprunté y ont déposé. Dès sa disparition, ces messages sont perdus, et si un arc réapparaît entre les mêmes nœuds de nouveaux messages doivent continuellement être déposés.

Les fourmis se déplacent dans cet environnement en perpétuelle mutation. L'algorithme n'est pas relancé à chaque changement dans le graphe. Il tourne au contraire en continu sur un graphe changeant. À aucun moment les fourmis ne stockent de chemin «solution» qu'elles évaluent par la suite, ni même une autre forme de mémoire «solution». En fait le graphe « environnement » au temps t *est* la solution au temps t par coloration.

4.2.2 Graphe dynamique coloré

Nous considérons donc le graphe comme étant *dynamique*, c'est-à-dire qu'à tout moment sa topologie et sa valuation sont susceptibles de changer. Ainsi les événements possibles sont les suivants :

- Des sommets peuvent apparaître ou disparaître ;
- Des arcs peuvent apparaître ou disparaître ;
- Les valuations des arcs peuvent changer.

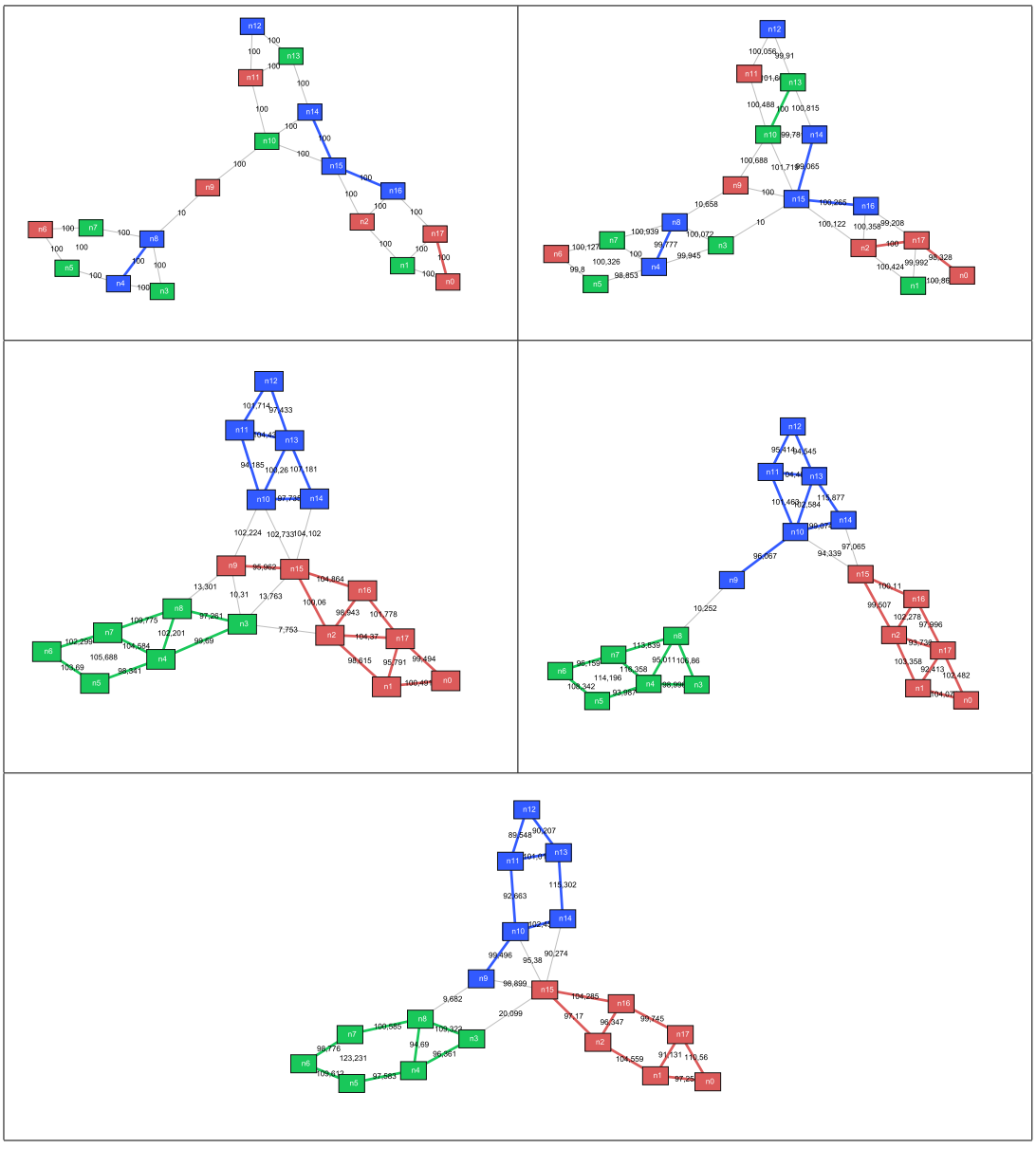
De plus nous allons associer des couleurs aux sommets qui seront l'expression des solutions.

On comprend bien que dans ce contexte les solutions elles aussi peuvent changer et on peut alors voir apparaître/disparaître ou changer des organisations. Il est important de noter que nous considérons ici le graphe et sa dynamique comme une structure de donnée informatique dont le nombre de sommets et d'arcs peuvent changer. Ainsi le graphe qui à un moment donné peut avoir 12 sommets, est le même que celui qui 10 itérations plus tard possède 31 sommets. Bien entendu, la topologie peut être très différente, mais il s'agit d'une modification de la structure du graphe, avec conservation des données qui peuvent être attachées à un sommet ou à un arc. Une vision mathématique des graphes pourrait faire penser qu'un graphe est une instance de l'ensemble des graphes possibles, tout comme le nombre 4 est une instance d'un réel. Un graphe donné avec sa structure serait alors invariant, et ainsi à chaque étape on aurait un autre graphe, la dynamique étant représentée par une famille de graphes. Le second point de vue est aussi valide tant que l'on considère que certaines données sont attachées aux «identifiants» de sommets et des arcs et que d'un graphe à l'autre ces données sont préservées.

Un graphe dynamique coloré $G(t) = (E(t), V(t), C(t))$ (cf. figure 4.3) est défini de la façon suivante :

- $V(t)$ l'ensemble des sommets au temps t. Chaque sommet v est caractérisé par :
  - une couleur $c \in C(t)$,
- $E(t)$ l'ensemble des arcs au temps t. Chaque arc e est caractérisé par :
  - un poids $|e| \in \mathbb{N}^+$ qui correspond à l'importance de l'interaction entre les sommets qui constituent e.
  - une quantité de phéromones de chaque couleur.
- $C(t)$ un ensemble de couleurs qui représente les colonies de fourmis au temps t.

On a donc défini un environnement d'exécution et solution de nos algorithmes, nous allons maintenant présenter ces derniers.



De gauche à droite et de haut en bas.

FIG. 4.3 – Exemple d'un graphe dynamique coloré à cinq stades de son évolution et détection d'organisation

4.2.3 Recherche d'organisations ou de communautés dans les réseaux

Des structures sont souvent présentes dans les grands réseaux d'interactions et elles traduisent l'organisation du réseau sous forme de communauté, ainsi on rencontre des communautés dans des réseaux biologiques, sociaux, d'informations... Si ces organisations sont souvent présentes elles sont néanmoins à la fois difficiles à détecter et même à définir. On se contente, le plus souvent d'une définition intuitive comme celle que nous avons donnée précédemment qui considère donc une organisation comme un ensemble de sommets dont la densité de connexions internes est plus forte que la densité externe, la borne restant à fixer. Le but est alors de trouver une partition des sommets en organisations qui vérifient le critère que nous venons d'énoncer sans en connaître a priori le nombre.

L'algorithme

Le comportement des fourmis colorés est défini par l'algorithme 4.1 qui est exécuté itérativement pour chaque fourmi. À chaque itération l'algorithme fixe le nœud que la fourmi va visiter. Deux paramètres sont utilisés, il s'agit de A et de T. A contrôle la compétition entre les fourmis, ainsi quand la proportion de phéromone de la même couleur que la fourmi comparée aux autres couleurs est inférieure à A, la fourmi est alors dans un environnement hostile et elle fuit dans une autre partie du graphe choisie aléatoirement. Le paramètre T est un paramètre de régulation qui sert à stabiliser éventuellement le comportement des fourmis. En effet, il évite qu'une fourmi fuie constamment de nœud en nœud lorsqu'elle est toujours dans un environnement hostile. Cela permet de mieux coloniser les zones. Habituellement, $T = 2$ et $A = \frac{1}{\text{Le nombre de colonies}}$.

Chaque colonie lutte pour coloniser des sous-graphes, comme on peut le constater sur la figure 4.1 la même colonie peut occuper une ou plusieurs zones. Si cela permet d'envisager d'utiliser un petit nombre de couleurs pour découvrir les organisations dans le graphe, cependant il est possible que deux organisations voisines soient colonisées par la même colonie. Pour éviter cela, l'algorithme commence uniquement avec n colonies en fonction du nombre minimal d'organisations ($n = 2$ si ce nombre n'est pas connu) et on introduit ensuite de nouvelles colonies, tout en gardant la population constante, jusqu'à ce qu'il ne soit plus possible d'en ajouter plus. Pour chaque sommet du graphe on calcule le ratio de la couleur dominante, cette couleur est considérée comme stable si elle représente une proportion plus grande qu'une borne fixée ω. On détermine alors la stabilité globale moyenne du graphe, ce qui permet de savoir s'il faut ajouter de nouvelles colonies. On ajoute des colonies tant que la stabilité globale est supérieure ou égale à ω, $\omega = 80\%$ en général. Cet algorithme à notre connaissance, contrairement à ceux de la littérature, permet par de déterminer les organisations recouvrantes en prenant en compte plusieurs couleurs par arc.

Algorithme 4.1 : Comportement d'une fourmi.

n : nœud courant;
t : temps;
A : borne contrôlant la fuite;
T : temps restant;
Δt : compteur mesurant le temps;
si *degré(n)=0* **alors**
    Sauter aléatoirement sur un autre nœud;
sinon
    $w \leftarrow$ Somme de tous les poids des arcs incidents à n;
    $\tau \leftarrow$ Somme de toutes les phéromones de chaque couleurs sur chaque arc incident à n;
    $\tau_c \leftarrow$ Somme des phéromones de la couleur de la fourmi sur chaque arc incident à n;
    $a \leftarrow \frac{\tau_c}{\tau}$;
    si $\Delta t < T$ **alors**
        Choisir un arc à traverser de façon aléatoire biaisée par le poids des arcs s'ils existent;
        Déposer des phéromones de la couleur de la fourmi sur l'arc traversé;
        $n \leftarrow$ sommet sur lequel la fourmi est arrivée;
        $\Delta t \leftarrow \Delta t + 1$;
    sinon
        si $a < A$ **alors**
            Sauter aléatoirement sur un autre nœud;
            $\Delta t \leftarrow 0$;
        sinon
            Choisir un arc à traverser de façon aléatoire biaisée par le poids des arcs s'ils existent ;
            Déposer des phéromones de la couleur de la fourmi sur l'arc traversé ;
            $n \leftarrow$ sommet sur lequel la fourmi est arrivée;

Quelques résultats

L'exemple de référence est un club de karaté étudié par [Zachary, 1977], dans lequel une dispute interne à conduit à un schisme séparant le club en deux plus petits clubs. C'est un cas réel pour lequel on connaît les organisations résultantes. Cet exemple a été étudié en particulier par Newman dans [Newman, 2004b, Newman, 2004c, Newman, 2004a] ou encore [Bagrow and Bollt, 2005]. Dans ces articles les auteurs proposent différents algorithmes qui déterminent les deux communautés (cf. figure 4.4(a)), néanmoins des problèmes sont souvent rencontrés sur le sommet 10 qui est de degré 2, les deux arcs incidents connectant le nœud au deux clubs. Notre algorithme trouve la solution et met en évidence ce nœud particulier qui n'est jamais réellement stable (cf. figure 4.4(b)).

En naviguant sur Amazon^{TM}site de vente de livres en ligne, il est possible, connaissant le numéro international standard d'un livre (ISBN) de déterminer les autres livres achetés par les consommateurs en même temps. Nous avons construit un graphe à partir de ces données et cherché les organisations. Nous en donnons un exemple sur les figures 4.5 et 4.6.

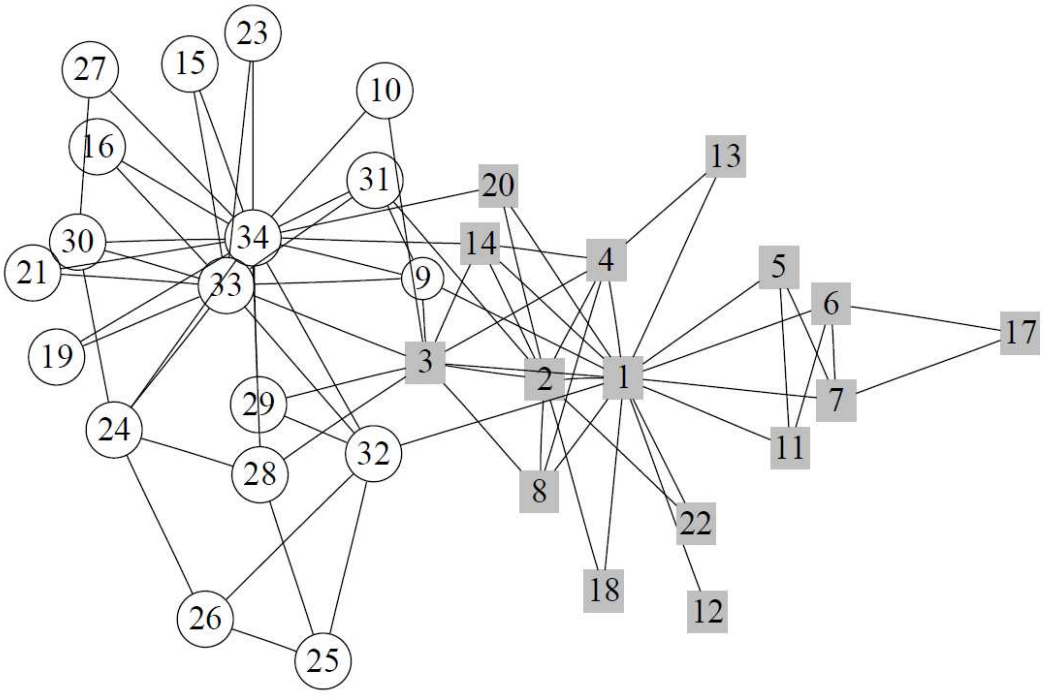
Chaque nœud représente un livre et chaque arc un lien du type «customers having bought this book also bought». Il est intéressant de constater que les recommandations sont presque toujours sur le même sujet. Ainsi sur la figure 4.5 on voit apparaître[39] des zones mises en évidence par les couleurs dont les sujets sont « le web», «programming», «architecture» ou encore «systems».

La figure 4.5 est obtenue à partir de l'une des éditions de «The art of computer programming, volume 1 [Knuth, 1997]. L'algorithme trouve 9 partitions distinctes de différentes tailles.

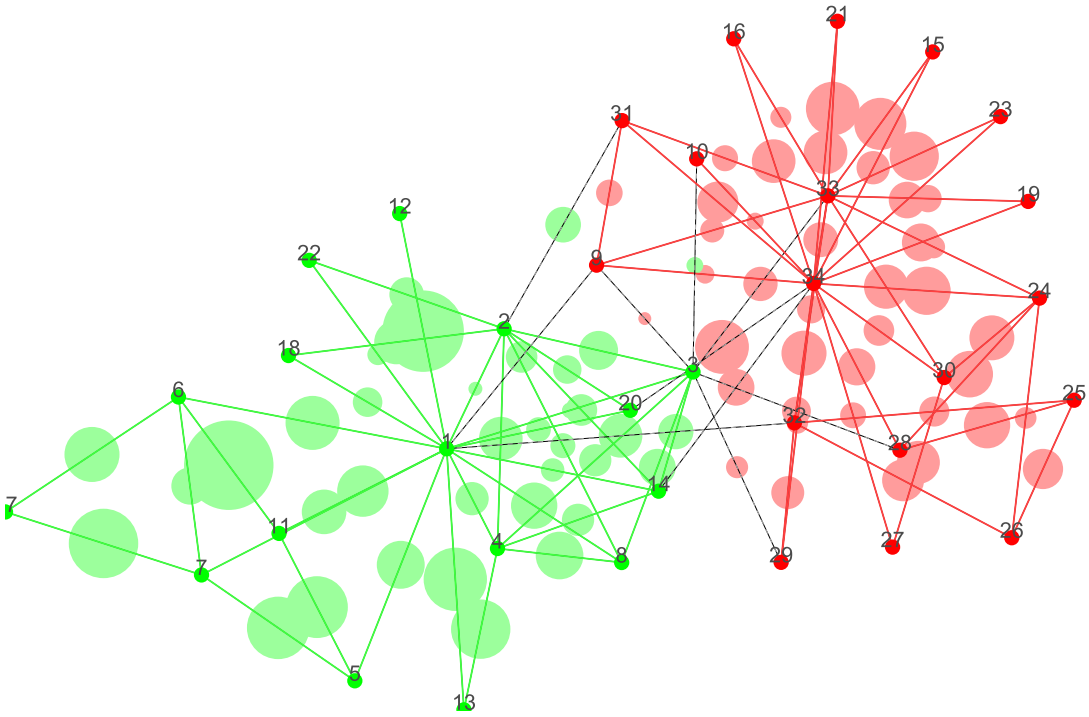
Deux vidéos [Dutot and Olivier, 2006a, Dutot and Olivier, 2006b] de plus grands graphes sont téléchargeables .

Nous avons également appliqué notre méthode à un graphe homologique de protéines, dans un tel graphe chaque nœud est une protéine et un arc existe entre deux protéines si elles sont proches et sont fonctionnellement apparentées. La source du graphe est [Adai et al., 2004] et on peut voir sur [Dutot and Olivier, 2006c] une application de notre algorithme mettant en évidence des groupes de protéines fonctionnellement voisines.

[39]Il faut reconnaître que nous demandons au lecteur des efforts certains, mais nous avons essayé de faire pour le mieux ....



(a) Solution obtenue par Newman



(b) Solution obtenue par notre algorithme. Les cercles sur les arcs représentent la phéromone dominante, le diamètre la quantité et l'épaisseur de l'arc l'importance de celui-ci

FIG. 4.4 – Organisations au sein du club de karaté étudié par Zachary

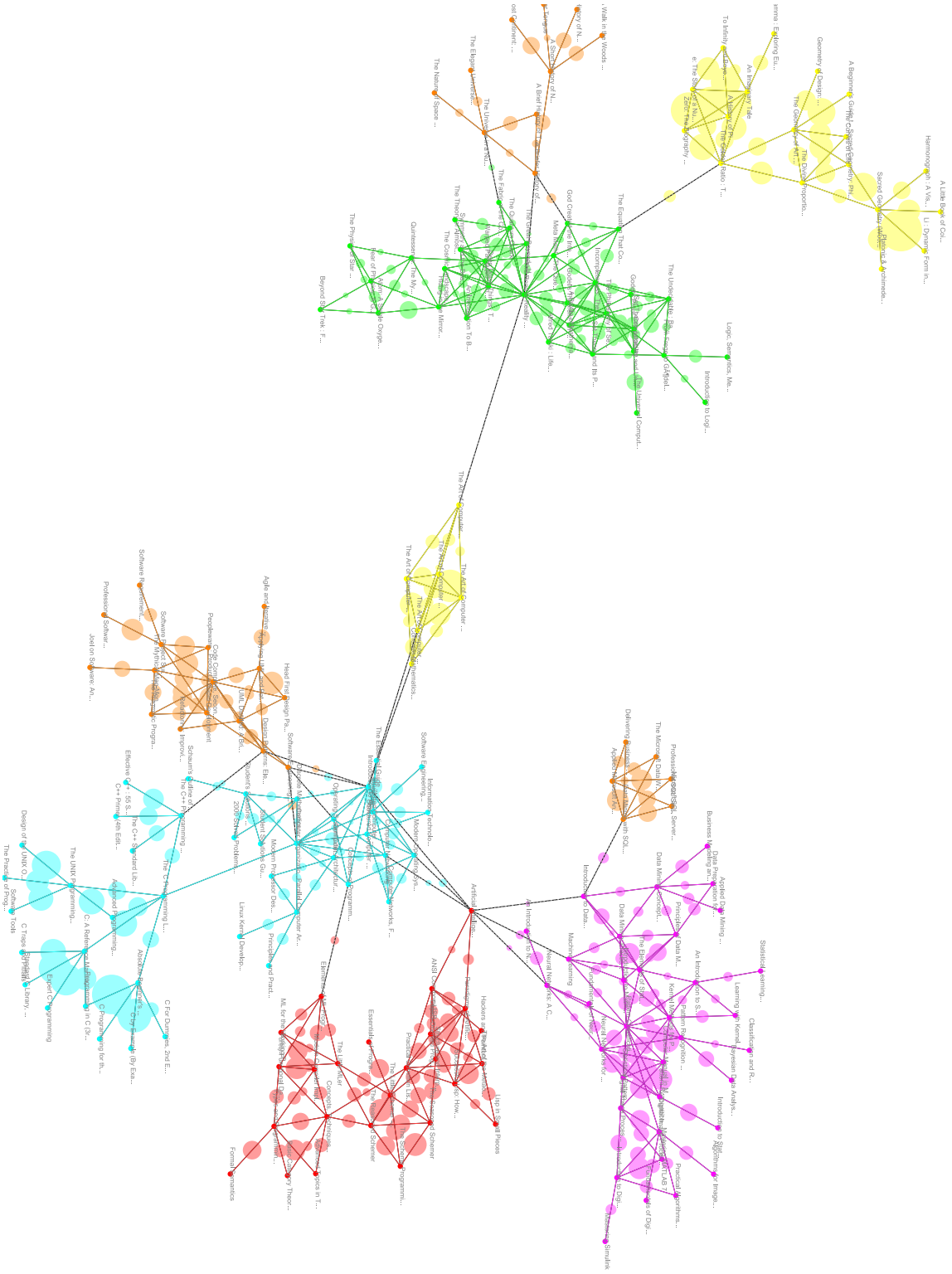


FIG. 4.5 – Exploration récursive de profondeur maximale 12 des bases de données d'Amazon.com à partir de "The Art of Computer Programming".

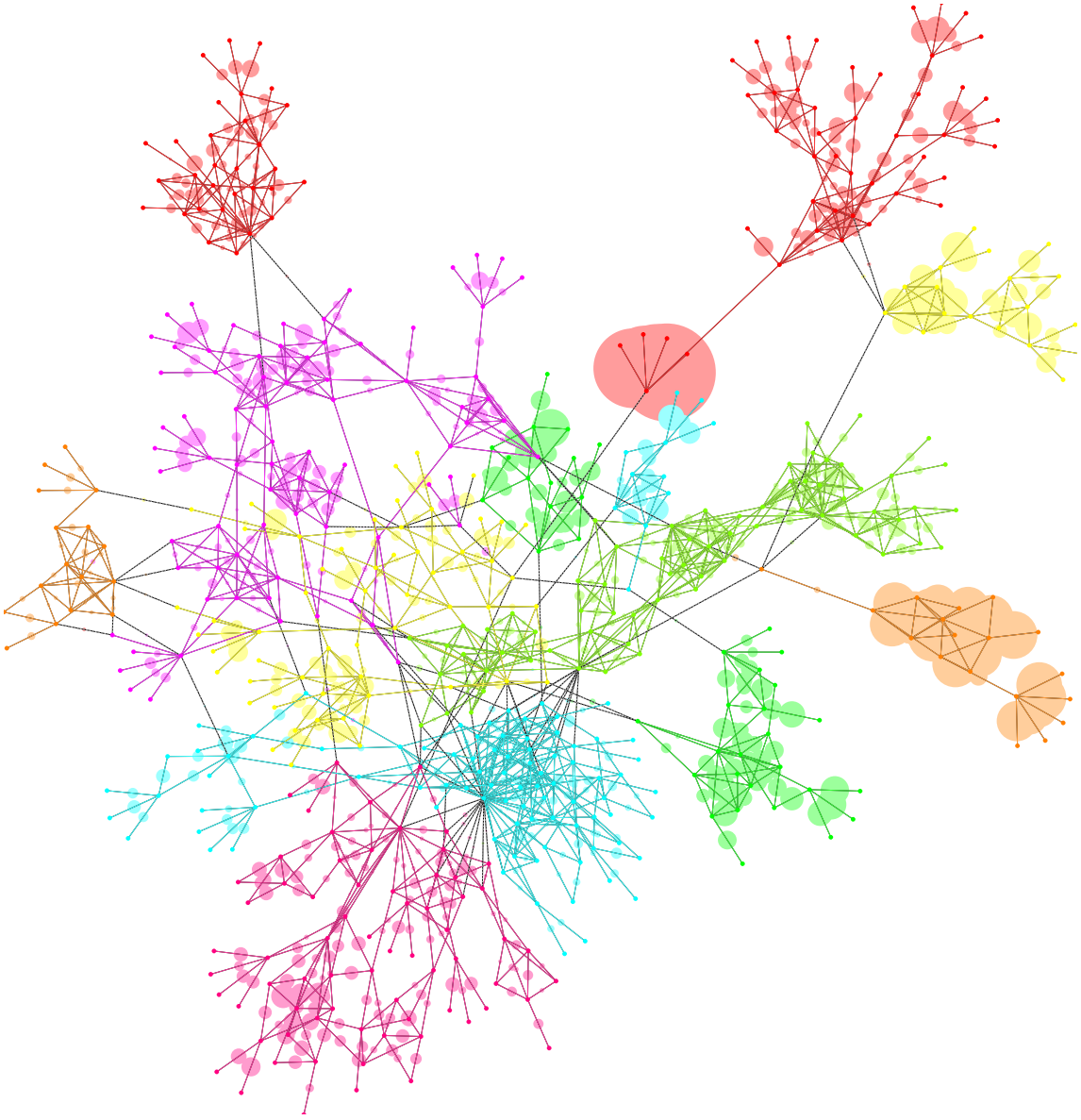


FIG. 4.6 – Exploration récursive de profondeur maximale 12 des bases de données d'Amazon.com à partir de "The Ruby Way".

4.3 Distribution dynamique adaptative

Le problème auquel nous nous intéressons consiste à distribuer de manière dynamique les constituants en perpétuelle réorganisation d'une application informatique, tout en s'adaptant aux reconfigurations continues de cette dernière et de son support d'exécution. Le problème posé tient dans la dynamique de l'application à distribuer. Alors que le calcul de distribution est quasi terminé, que se passe-t-il si les données du problème changent ?

Commençons par définir le type d'applications auquel nous nous intéressons en prenant un exemple concret. Plusieurs ressources de calcul, des micro-ordinateurs, des supercalculateurs, des PDAs, des ordinateurs portables équipés de Wi-Fi, peut-être un téléphone portable, participent à l'exécution d'une application. Il est en général nécessaire d'utiliser plus d'une machine pour exécuter cette application parce qu'elle est trop difficile à mettre en œuvre pour une unique machine. Cette application est prévue pour être exécutée de manière distribuée, et est découpée en de multiples éléments distincts capables de communiquer entre-eux que nous appelons *entités*, l'exemple auquel nous pensons en premier est bien évidemment la simulation d'un écosystème tel que nous l'avons présenté dans le chapitre 3. Sur la figure 4.7 ces entités sont représentées par des cercles dans la partie «représentation logicielle» et pourront être par exemple des holons, des vortex ou encore des grandeurs physiques. Cette vue d'une application distribuée est celle que nous adopterons par la suite, c'est-à-dire un ensemble de ressources de calcul contenant des entités en interaction. En parallèle, la figure montre la vue physique de l'environnement d'exécution de l'application, constitué de machines de types divers reliées par un réseau de communication.

L'application démarre et ses entités apparaissent, puis par la suite disparaissent et apparaissent continuellement sur diverses machines, suivant les besoins de l'application. Ces entités communiquent entre elles, souvent en privilégiant les échanges avec un groupe d'entités plutôt qu'avec un autre, et ceci de manière imprévisible. Sur la figure, ces communications sont présentées par des arcs reliant les cercles.

Cette application est tout à fait en état de fonctionner ainsi sans autre intervention, en plaçant par exemple les entités sur une machine libre dès qu'elles apparaissent. Cependant deux problèmes majeurs empêchent son exécution optimale :

1. Les communications passent indistinctement par le réseau entre les ressources de calcul ou directement d'entité à entité si ces dernières se trouvent sur le même hôte. Or rien n'est fait pour prendre en considération les préférences d'entités à communiquer avec d'autres entités. Lorsque la communication passe par le réseau, l'information peut traverser de nombreux liens physiques, réseau filaire cuivré, backbone en fibre optique, voies hertziennes, liens Wi-Fi, ... Cela peut introduire des latences considérables par rapport à une communication directe inter-entités situées sur la même ressource de calcul. C'est le problème de la *charge réseau*. La minimiser consiste à faire en sorte que des entités qui communiquent beaucoup soient regroupées sur un même hôte.
2. Les entités n'apparaissent et ne disparaissent pas de manière équilibrée sur toutes les ressources de calcul. De même, les hôtes qui deviennent disponibles au cours de

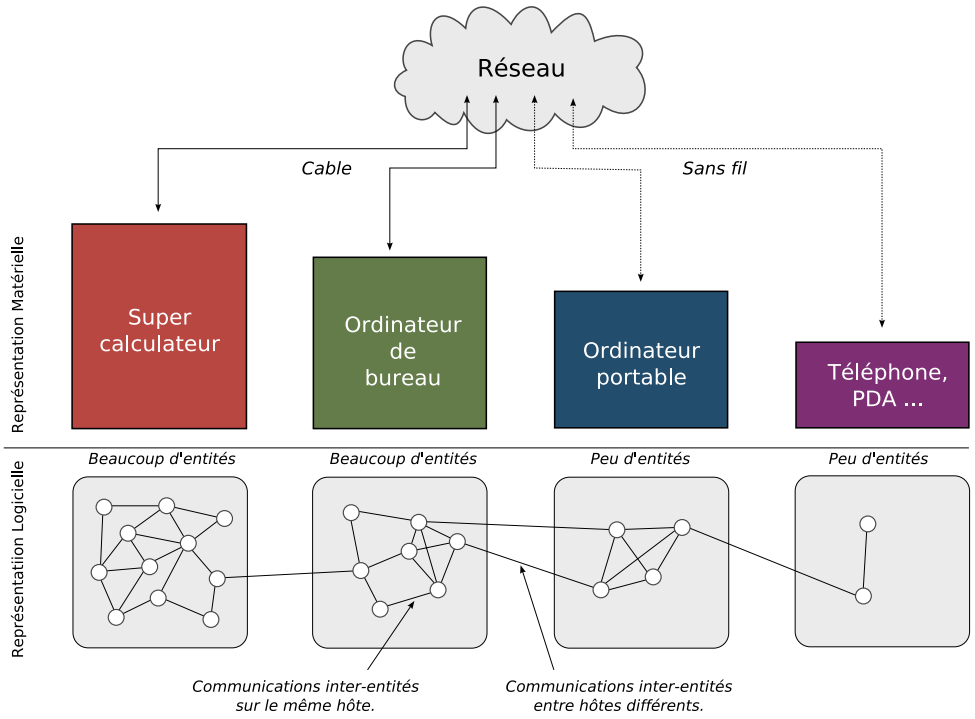


FIG. 4.7 – Exemple d'application répartie nécessitant une distribution dynamique adaptative.

l'exécution ne sont pas forcément directement utilisés. Il est donc possible qu'une ressource soit surchargée alors qu'une autre est sous employée. C'est le problème de la *charge machine*. L'équilibrer consiste à tenter de placer une charge proportionnellement à la capacité de calcul de l'hôte.

Une première amélioration est donc de trouver une méthode permettant de distribuer au mieux les entités de l'application sur toutes les ressources de calcul à disposition. Mais si distribuer de manière équitable les entités sur chaque hôte est une amélioration importante, elle peut être contrebalancée par les latences introduites par la communication réseau. Il devient donc nécessaire de tenir compte des «préférences d'une entité à communiquer avec un groupe d'entités» afin d'apporter une seconde amélioration permettant de minimiser la charge réseau.

Pour optimiser le temps d'exécution de notre application, nous devons donc travailler sur deux critères, la charge machine et la charge réseau, qui sont malheureusement antagonistes. En effet, placer toutes les entités sur une ressource de calcul minimise totalement la charge réseau mais maximise complètement la charge machine, alors que distribuer toutes les entités de manière parfaitement équitable sur les ressources minimise la charge machine mais peut très probablement augmenter la charge réseau. Nous cherchons donc un compromis entre ces deux critères. La figure 4.7 montre une telle répartition, pour laquelle chaque machine est chargée suivant ses possibilités avec un minimum de liens de communications inter-entités se faisant par le réseau de communication.

Ce problème a déjà été abordé de manière importante pour des entités non com-

muniquantes dans la littérature en se préoccupant uniquement de la charge machine, et largement, bien que de façon moins conséquente, lorsque la charge réseau entre en compte. Par contre, peu de méthodes savent gérer la dynamique de l'application. En effet, dans l'exemple ci-dessus, l'environnement d'exécution correspond à une grille de calcul sur laquelle des machines (à ne pas confondre avec les entités décrites précédemment) deviennent disponibles ou disparaissent, et ceci de manière imprévisible. De plus, l'application elle même est source de dynamique, en générant et retirant constamment des entités. Enfin, les préférences de communications dont nous devons tenir compte évoluent au cours de l'exécution. Pour résumer :

1. l'environnement de calcul est dynamique ;
   - les ressources de calcul apparaissent et disparaissent ;
2. l'application est dynamique :
   - ses composants apparaissent, évoluent et disparaissent ;
   - les interactions entre ces composants font de même ;
3. les deux dynamiques évoluent de manière non déterministe, la première parce qu'elle est plongée dans le monde réel, la seconde parce que nous n'avons aucune information sur elle.

La méthode proposée nommée $antCO^2$, s'inspire du comportement collectif d'insectes sociaux — les fourmis — pour résoudre le problème de la distribution dynamique adaptative. Ce travail prend racine dans les travaux sur l'ACO de [Dorigo et al., 1996] et plus largement dans le domaine de l'intelligence collective.

Le nom $antCO^2$ est l'acronyme de «Ant Competitive Colonies», c'est-à-dire « colonies de fourmis en compétition ». L'exposant signifie «deux fois CO» pour «COmpetitive»et «COlonies», et met en avant l'un des points originaux de la méthode proposée : les fourmis ne font pas que coopérer, elles entrent aussi en compétition. Nous verrons par la suite en quoi cela peut apporter un avantage lors de l'équilibrage de charge.

Nous proposons sur la figure 4.8 une petite taxinomie des méthodes ayant trait aux approches collectives. L'intention ici est de montrer les différences entre le modèle que nous proposons, et les approches qui l'ont inspirées.

Nous différencions les approches collectives dédiées à l'optimisation combinatoire ayant une fonction objectif explicite ou même implicite globale de celles qui n'en ont pas. Cette fonction est identifiée par une mesure réalisée de manière globale sur la ou les solutions apportées par la méthode, qui rétroagit sur la méthode. Cette rétroaction modifie les itérations futures de la méthode, et permet l'optimisation en vue d'un résultat escompté. Notre méthode n'utilise pas de mesure ou de fitness implicite ou explicite globale ayant un effet rétroactif sur son comportement.

Un tel choix serait possible, mais rendrait la distribution du modèle délicate en introduisant une ou des variables centralisées. La communication de ces informations à tous les éléments du modèle serait un goulot d'étranglement pour une application. De plus le graphe que nous utilisons est dynamique, et il n'est pas possible de conserver des données sur celui-ci très longtemps, la dynamique les rendant caduques.

Nous introduisons aussi, comme effet de l'absence de fonction objectif, une différence au niveau du mode d'exécution, en particulier sur la fin attendue de l'algorithme. Notre

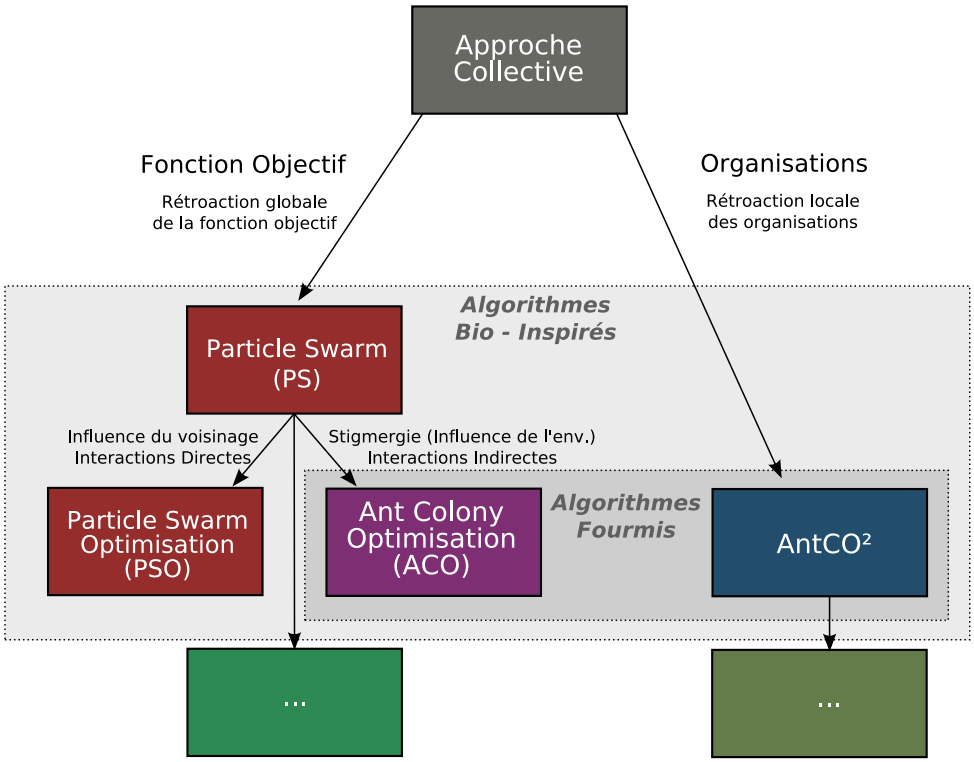


FIG. 4.8 – Positionnement de l'approche.

approche n'est pas définie pour avoir une fin particulière aboutissant à un résultat optimisé tout au long de son exécution en raison de la dynamique des entrées.

Ainsi nous séparons dans notre classement les approches basées sur l'évaluation d'une fitness globale, des approches comme la notre qui n'utilisent que des choix locaux. Si sur le diagramme nous avons nommé «essaim de particules» les approches utilisant une fonction objectif, c'est que les très nombreuses méthodes collectives qui en découlent sont quasiment toutes dans le domaine de l'optimisation.

Nous verrons que si certains traits saillants de ces approches caractérisent la méthode proposée, elle se dirige aussi vers une approche basée sur les systèmes complexes, que nous comparons aux écosystèmes, et que l'on qualifie d'écosystème computationel.

4.3.1 Le modèle

Nous allons préciser dans ce qui suit le modèle et l'algorithme nous permettant de réaliser la distribution dynamique.

AntCO^2 n'est pas autre chose qu'une extension du principe de détection des organisations tel que nous l'avons présenté au paragraphe 4.2. L'objectif est de détecter les organisations à l'intérieur desquelles les communications sont fortes et d'équilibrer la charge. Le graphe constitue donc à la fois l'environnement et la solution, c'est une structure de données en constante évolution. Les différentes colonies de fourmis représentent une ressource de calcul donnée, la taille de la colonie la capacité de la ressource et les différentes fourmis

vont alors s'«affronter» afin de coloniser des zones du graphe qui est la projection de l'application à distribuer. Il y a collaboration au sein d'une même colonie et compétition entre les colonies. La collaboration permet la détection d'organisation au sein des entités de l'application et la compétition une répartition de la charge.

L'algorithme utilise un graphe dynamique pondéré coloré. Le graphe est noté $G(t) = (\mathcal{V}(t), \mathcal{E}(t), \mathcal{C}(t))$ au temps t pour indiquer sa dynamique et celle des ensembles de sommets $\mathcal{V}(t)$, d'arcs $\mathcal{E}(t)$ et de couleurs $\mathcal{C}(t)$. Les arcs sont pondérés par un poids noté $w^{(t)}$ indiquant leur importance au niveau de l'application.

Nous ajoutons à cette description une information sur la phéromone déposée par les fourmis. Ainsi, les arcs contiennent un ensemble de messages représentant les phéromones des fourmis les ayant traversés. Tout comme les fourmis, les phéromones sont colorées. Chaque arc contient donc $card(\mathcal{C}(t))$ messages de phéromones au temps t, ces messages représentant tous la quantité de phéromone de leur couleur présente au temps t. On note $\mathcal{F}(t)$ l'ensemble des fourmis au temps t et $\mathcal{F}_c(t)$ l'ensemble des fourmis de couleur c au temps t. Une fourmi k de couleur c traversant un arc e entre les itérations t et $t+1$ dépose une quantité donnée de phéromone de couleur c notée :

$$\Delta_k^{(t)}(e, c) \tag{4.1}$$

On note la quantité totale de phéromone de couleur c déposée sur l'arc e par toutes les fourmis de couleur c ayant traversé cet arc entre l'intervalle de temps t et $t + 1$:

$$\Delta^{(t)}(e, c) = \sum_{k \in \mathcal{F}_c(t)} \Delta_k^{(t)}(e, c) \tag{4.2}$$

De même, la quantité totale de phéromones toutes couleurs confondues, déposée sur l'arc e au temps t est :

$$\Delta^{(t)}(e) = \sum_{c \in \mathcal{C}(t)} \Delta^{(t)}(e, c) \tag{4.3}$$

Lorsque $\Delta^{(t)}(e) \neq 0$, la proportion de phéromones de couleur c sur e par rapport aux autres couleurs entre t et $t + 1$ est :

$$K_c^{(t)}(e) = \frac{\Delta^{(t)}(e, c)}{\Delta^{(t)}(e)} \tag{4.4}$$

avec $K_c^{(t)}(e) \in [0, 1]$.

La quantité totale de phéromone de couleur c présente sur l'arc e entre t et $t + 1$ est notée :

$$\tau^{(t)}(e, c) \tag{4.5}$$

et la quantité totale toutes couleurs confondues :

$$\tau^{(t)}(e) \tag{4.6}$$

Au départ, cette valeur est fixée à :

$$\tau^{(0)}(e) = \epsilon \tag{4.7}$$

nous verrons par la suite que cette quantité ne peut être nulle. Ensuite cette phéromone s'évapore à chaque itération. Ainsi la quantité totale de phéromone de couleur c sur l'arc e au temps t est définie par la récurrence :

$$\tau^{(t)}(e,c) = \rho \cdot \tau^{(t-1)}(e,c) + \Delta^{(t-1)}(e,c) \tag{4.8}$$

Où $\rho \in]0,1]$ est un facteur de persistance des phéromones, c'est-à-dire la quantité de phéromones restant après évaporation. En d'autres termes l'évaporation est $1-\rho$.

La couleur $\xi^{(t)}(u)$ d'un sommet u du graphe est définie par la couleur principale de tous ses arcs adjacents, ainsi :

$$\xi^{(t)}(u) = \arg\max_{c \in \mathcal{C}(t)} \sum_{e \in \mathcal{E}_u(t)} \tau^{(t)}(e,c) \tag{4.9}$$

avec $\mathcal{E}_u(t)$ l'ensemble des arcs adjacents au sommet u au temps t.

L'algorithme 4.2 reprend, de manière très simple, le fonctionnement de l'environnement.

Algorithme 4.2 : Fonctionnement de l'environnement dans *AntCO*^{2}.

répéter
- Récupérer les informations de l'environnement d'exécution (ressources de calcul détruites ou crées) et mettre à jour le graphe;
- Récupérer les informations sur l'application (entités et communications) et mettre à jour le graphe;
- **pour** *toute fourmi x* **faire**
  - cf.. algorithme 4.3;
- **pour** *tout arc e* **faire**
  - Appliquer le facteur d'évaporation ρ sur la phéromone présente en utilisant l'équation 4.8;
- **pour** *tout sommet v* **faire**
  - Définir la couleur du sommet en fonction de l'équation 4.9;
- Communiquer ces informations si nécessaire;

jusqu'à *indéfiniment* ;

Les fourmis utilisent le graphe $G(t)$ comme environnement et se déplacent de nœud en nœud. Ainsi au temps t chaque fourmi est associée à un nœud particulier, et un nœud peut contenir plusieurs fourmis. *AntCO*^{2} est une méthode itérative. À chaque itération, les fourmis traversent un arc.

La phéromone perçue par les fourmis est fonction de $\tau^{(t)}(e,c)$, mais modulée par la présence d'autres phéromones sur l'arc. C'est cette partie qui permet le comportement de répulsion face aux phéromones de colonies «adverses». Les fourmis d'une couleur c sont bien attirées par les phéromones de couleur c, et plus la quantité de cette phéromone est élevée plus elles sont attirées, mais cette attraction est modulée par le fait qu'il peut y avoir bien plus ou bien moins de phéromones d'autres couleurs. Dans le premier cas on

minimise l'attraction dans le second cas non. On utilise le facteur $K_c^{(t)}(e)$ pour définir la phéromone perçue sur un arc e par une fourmi de couleur c :

$$\Omega^{(t)}(e,c) = K_c^{(t)}(e)\tau^{(t)}(e,c) \tag{4.10}$$

Ainsi à chaque itération, une fourmi k de couleur c placée sur un nœud u choisit d'emprunter un arc plutôt qu'un autre en fonction des phéromones — de sa couleur et des autres couleurs — présentes sur ces arcs. On note $p^{(t)}(e,c)$ la probabilité pour que cette fourmi traverse l'arc $e = (u,v)$ entre t et $t+1$:

$$\begin{cases} p^{(t)}(e,c) = \dfrac{w^{(0)}(e)}{\sum\limits_{e_i \in \mathcal{E}_u(t)} w^{(0)}(e_i)} & \text{si } t = 0 \\ p^{(t)}(e,c) = \dfrac{\left(\Omega^{(t)}(e,c)\right)^{\alpha} \cdot \left(w^{(t)}(e)\right)^{\beta}}{\sum\limits_{e_i \in \mathcal{E}_u(t)} \left(\Omega^{(t)}(e_i,c)\right)^{\alpha} \cdot \left(w^{(t)}(e_i)\right)^{\beta}} & \text{si } t \neq 0 \end{cases} \tag{4.11}$$

où les paramètres α et β (tous deux > 0) permettent de modifier l'importance relative des phéromones et des pondérations d'arcs, et $\mathcal{E}_u(t)$ est l'ensemble des sommets adjacents à u.

Afin d'éviter des mouvements oscillatoires, dans lesquels une fourmi passe d'un sommet u à un sommet v puis à nouveau au sommet u en boucle, on introduit dans chaque fourmi une mémoire des sommets visités. Cette technique est très similaire à une liste tabou. On introduit donc dans l'équation 4.11 un coefficient $\eta \in]0,1]$ dont le but est d'empêcher les fourmis de faire demi tour sans pour autant les bloquer s'il n'y a pas d'autre chemin. Ainsi, chaque fourmi peut se rappeler les M derniers arcs traversés, stockés dans une liste $\mathcal{W}_k$ avec $card(\mathcal{W}_k) \leq M$, M étant un seuil constant fixé par avance. La valeur de η pour une fourmi k sur le sommet u, considérant l'arc $e = (u,v)$ est :

$$\eta_k(v) = \begin{cases} 1 & \text{si } v \notin \mathcal{W}_k \\ \eta & \text{si } v \in \mathcal{W}_k \end{cases} \tag{4.12}$$

Pour une fourmi k de couleur c sur le sommet u, la probabilité de traverser l'arc $e = (u,v)$ entre t et $t+1$ est :

$$p^{(t)}(e,c) = \frac{\left(\Omega^{(t)}(e,c)\right)^{\alpha} \cdot \left(w^{(t)}(e)\right)^{\beta} \cdot \eta_k(u)}{\sum\limits_{e_i \in \mathcal{E}_u(t)} \left(\Omega^{(t)}(e_i,c)\right)^{\alpha} \cdot \left(w^{(t)}(e_i)\right)^{\beta} \cdot \eta_k(v_i)} \tag{4.13}$$

L'algorithme 4.3 reprend le fonctionnement des fourmis.

4.3.2 Gestion de Population et démographie

Dans un tel algorithme, il faut un nombre critique de fourmis pour maintenir les solutions, les organisations, malgré les reconfigurations du graphe. Cependant il faut veiller

Algorithme 4.3 : Comportement d'une fourmi de couleur c dans $AntCO^2$.

répéter
  $\tau_c \leftarrow 0$;
  $\tau \leftarrow 0$;
  pour *chaque arc e adjacent au sommet courant v* **faire**
    Calculer la probabilité $p(e, c)$ de choisir cet arc en fonction de la couleur c de la fourmi (éq. 4.15);
    $\tau_c \leftarrow \tau_c + \tau_c(e)$;
    $\tau \leftarrow \tau + \tau(e)$;
  si $\frac{\tau_c}{\tau} < \phi$ **alors**
    `/* Mécanisme de répulsion. */`
    Fuir;
  sinon
    `/* Déplacement normal. */`
    Sélectionner le prochain arc à traverser e_{next} parmi tous les arcs connectés au sommet v en fonction de sa probabilité;
    Déposer sur e_{next} une quantité $\Delta(e, c)$;
    Se déplacer sur le sommet u connecté à v par e_{next};
jusqu'à *indéfiniment* ;

à ne pas surcharger le graphe en fourmis afin de ne pas trop influencer les résultats, d'abord la solution elle-même, mais aussi le coût d'exécution d'$AntCO^2$.

Cependant, le nombre de sommets dans le graphe ainsi que le nombre de couleurs, c'est-à-dire de ressources de calcul sont des variables. La population de fourmis ne peut donc pas être constante, et une politique de gestion démographique doit être mise en place.

Nous verrons par la suite d'autres mécanismes tels que la «pression démographique» qui nécessitent une gestion de la population, mais le mécanisme majeur est celui de la répartition de charge. C'est le nombre de fourmis au sein d'une colonie donnée qui détermine sa capacité à coloniser de nouvelles organisations au sein du graphe. Si le nombre de fourmis est trop limité, elles ne pourront déposer suffisamment de phéromones sur une partie donnée du graphe pour la colorer, et une autre colonie se l'appropriera. Ainsi il est aussi nécessaire de faire varier la population de fourmis d'une couleur donnée en fonction de la puissance d'une ressource de calcul.

Nous utilisons une politique de population proportionnelle à la taille du graphe. Par taille du graphe nous entendons son nombre de sommets, mais ce paramètre peut varier (on peut penser au nombre d'arcs, ou au diamètre par exemple). À chaque sommet apparaissant, on ajoute un nombre δ donné de fourmis. De la même manière, à chaque sommet disparaissant, on retire ce même nombre de fourmis. Ces nombres sont bien entendu modulés pour que l'on ajoute et retire un nombre de fourmis comparable dans chaque colonie.

Il pourrait sembler idéal de créer $\delta = card(\mathcal{C}(t))$ fourmis par nœud (créer un nombre

de fourmis égal au nombre de couleurs par nœud), mais le nombre de colonies varie et rend cette politique parfois inefficace. Cependant il faut garder à l'esprit que la taille du graphe est à considérer en même temps que le nombre de ressources de calcul à disposition. En fonction de la charge induite par les entités de l'application il serait probablement inutile d'utiliser six ressources de calcul pour un graphe de seulement une centaine de sommets.

Si l'on sait que le nombre de ressources de calcul restera fixe, une politique donnant de bons résultats est effectivement d'allouer $\delta = card(\mathcal{C}(t))$ fourmis par nœud apparaissant (et identiquement de détruire $\delta = card(\mathcal{C}(t))$ fourmis par nœud disparaissant). Si l'on sait au contraire que le nombre de sommets du graphe ne variera presque pas, mais que de nouvelles ressources de calcul peuvent devenir disponible à tout moment, il peut être préférable de fixer δ et de créer moins de fourmis par nœud apparaissant qu'il y a de couleurs. On essaye alors de répartir les fourmis de manière approximativement égale.

Si une telle politique est préférée, c'est qu'elle est locale. En effet on cherche, pour des raison de facilité de distribution et d'encombrement réseau minimal, à éviter tout mécanisme de communication global nécessitant un gestionnaire centralisé. Il serait possible de mettre en œuvre des mécanismes plus précis de gestion de la population avec de tels gestionnaires, mais au prix d'une perte de facilité de distribution.

4.3.3 Conditions initiales

Il est possible de faire démarrer $AntCO^2$ avec un graphe déjà connu représentant une application, par exemple pour faire une expérimentation, ou parce qu'$AntCO^2$ démarre alors que l'application est déjà en train de s'exécuter. Mais il est plus probable que l'application et $AntCO^2$ vont démarrer de concert. $AntCO^2$ sera alors utilisé non seulement pour distribuer l'application, mais aussi pour la déployer.

Dans les deux cas, la question de l'initialisation d'$AntCO^2$ se pose. Comment allons nous placer les fourmis sur les nouveaux nœuds ? Au départ les arcs n'auront qu'une quantité minime et quasiment égale de phéromones de toutes couleurs[40], mais le nombre de fourmis d'une couleur donnée sur une zone peut très vite amener à la colonisation d'une partie plutôt que d'une autre. Il est impossible cependant de choisir un «meilleur» emplacement pour les fourmis (puisque ce sont elles qui détectent les organisations), et on a donc choisi de les répartir le plus uniformément possible.

Avec une telle répartition, pour un graphe déjà créé dès le départ, on a une valeur de r_2 (cf. eq. 4.18, mesure la qualité de l'équilibrage de charge) qui est quasi optimale, et une valeur de r_1 (cf. eq. 4.17, mesure de la quantité de communication entre ressources), généralement très mauvaise.

4.3.4 Ajouts de couleurs

Lorsqu'une ressource de calcul apparaît il faut ajouter une nouvelle colonie d'une autre couleur. Puisque nous avons choisi une politique de population proportionnelle à la taille du graphe, on peut procéder de deux façons :

[40]Il est en effet préférable d'éviter de placer exactement la même valeur initiale de phéromone sur tout le graphe pour éviter dans le premières étapes que trop de fourmis suivent le même comportement, bien que celui-ci est aussi probabiliste.

– ajouter un nombre de fourmis proportionnel à la taille du graphe, c'est-à-dire augmenter δ (par exemple en fixant $\delta = card\mathcal{C}(t)$).
– garder δ constant et répartir une proportion de fourmis déjà existantes dans la nouvelle couleur.

Ceci doit être fixé en fonction du mode d'évolution du graphe et des ressources de calcul.

4.3.5 Gestion de conditions particulières et mécanismes supplémentaires

L'algorithme de base tel qu'il a été décrit jusqu'à présent, rencontre plusieurs types de situations que l'on peut toutes ramener au fait que le graphe entier doit être parcouru à tout moment pour qu'une coloration correcte soit maintenue. On peut isoler trois situations importantes :

Les encerclements sont des zones où les fourmis d'une couleur sont « capturées » par les fourmis d'une autre couleur. La zone est supérieure à la taille de la mémoire des fourmis et le mécanisme de répulsion les empêche d'aller explorer des nœuds autres que ceux de la partie encerclée.

Les embouteillages sont des zones dans lesquelles beaucoup trop de fourmis se pressent. Les rétroaction positives (de la phéromone attire la fourmi qui en dépose plus) ne cessent d'amplifier l'attirance pour les fourmis qui recrutent de plus en plus de la population d'une colonie à ce point.

Les déserts à l'inverse des embouteillages sont des zones que les fourmis ne visitent pas ou plus. La phéromone dans ces aires est devenue voisine de zéro par rétroaction négative de l'évaporation et les chances pour que des fourmis d'une couleur ou d'une autre les choisissent, bien que non nulles, deviennent trop faibles pour entamer un processus de colonisation.

La figure 4.9 donne un exemple de chacune de ces difficultés. Deux mécanismes locaux sont à l'œuvre dans $AntCO^2$ pour les contrecarrer :
– la pression démographique ;
– les mécanismes de fuite.

Pression démographique

La pression démographique s'inspire directement des phénomènes naturels d'embouteillages (cf. photo 4.10(c)). Lorsque les fourmis constatent que l'un des chemins, bien que plus attirant par sa phéromone, est bouché par un nombre trop important d'individus, elles sélectionnent l'autre chemin. En d'autres termes, le nombre d'individus sur un chemin peut jouer un rôle répulsif même si ce chemin est très chargé en phéromones.

Ce mécanisme est quasi-directement implanté dans le comportement des fourmis numériques, de la même manière que η, par un facteur de répulsion minimisant l'importance d'un arc. On note $\gamma(u)$ ce facteur qui est défini en fonction du nombre de fourmis sur le sommet u, par rapport à un seuil N^* fixé :

$$\gamma(u) = \begin{cases} 1 & \text{si } N(u) \leq N^* \\ \gamma \in]0,1] & \text{sinon} \end{cases} \tag{4.14}$$

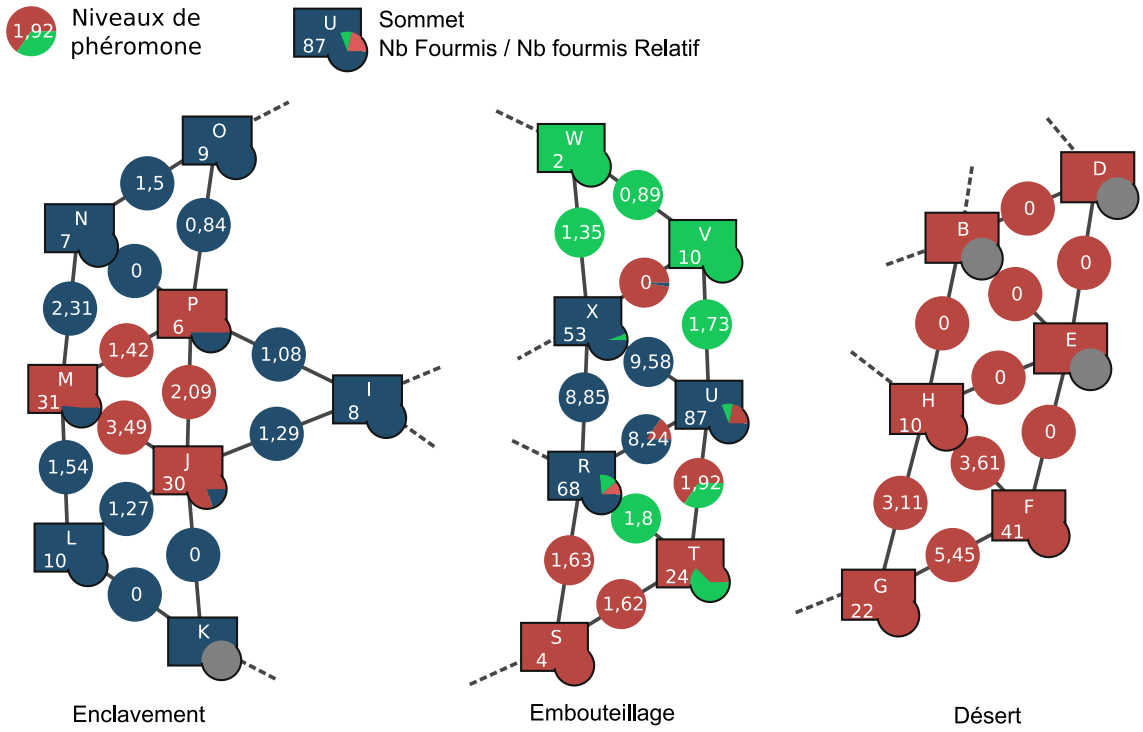


FIG. 4.9 – Problèmes auxquels est confronté l'algorithme de base.

Ainsi l'équation 4.13 est modifiée ainsi :

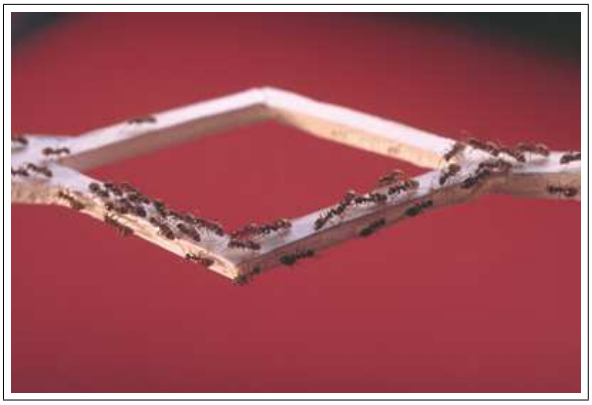
$$p^{(t)}(e,c) = \frac{\left(\Omega^{(t)}(e,c)\right)^{\alpha} \cdot \left(w^{(t)}(e)\right)^{\beta} \cdot \eta_k(u) \cdot \gamma(u)}{\sum_{e_i \in \mathcal{E}_u(t)} \left(\Omega^{(t)}(e_i,c)\right)^{\alpha} \cdot \left(w^{(t)}(e_i)\right)^{\beta} \cdot \eta_k(v_i) \cdot \gamma(v_i)} \tag{4.15}$$

Le mécanisme de la pression démographique aide les colonies de fourmis à mieux se disperser sans créer des zones de surpopulation et résout ainsi les situations d'embouteillage, et en partie les encerclements.

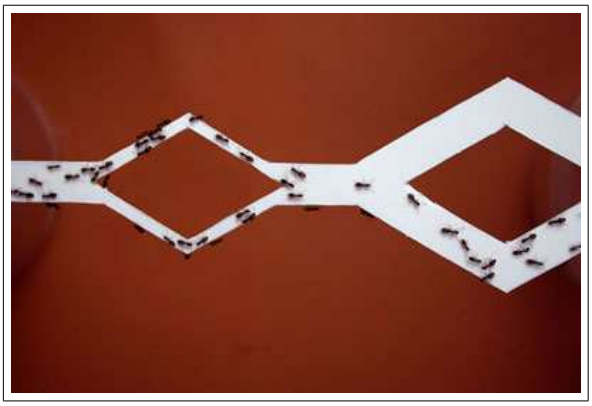
Mécanismes de fuite

Les mécanismes de fuite permettent aux fourmis de détecter les environnements particulièrement hostiles et de s'en échapper plus rapidement que ne leur permettrait leur comportement de base. La détection d'environnement « hostile » est effectuée en comparant la proportion des valeurs de phéromones de sa propre couleur par rapport aux valeurs de toutes les couleurs sur l'ensemble des arcs adjacents au sommet sur lequel elle se trouve. Si cette proportion est inférieure à un seuil $\phi \in]0,1[$, la fourmi choisit la fuite. Ainsi la

(a) Au départ les fourmis passent indifféremment par les deux voies du pont



(b) Par amplification des fluctuations, un chemin est sélectionné



(c) Les embouteillages rétablissent l'usage de la seconde voie, ici démontré par l'utilisation de voies larges et fines

© CNRS Photothèque VIDAL Gilles

FIG. 4.10 – Photos d'une expérience réelle.

fourmi de couleur c sur le sommet u fuit si :

$$\frac{\sum_{e \in \mathcal{E}_u(t)} \tau^{(t)}(e, c)}{\sum_{c_i \in \mathcal{C}(t)} \left(\sum_{e \in \mathcal{E}_u(t)} \tau^{(t)}(e, c_i) \right)} \leq \phi \tag{4.16}$$

Il existe plusieurs méthodes pour implanter la fuite. La plus simple consiste à faire « sauter » la fourmi à un endroit aléatoire sur le graphe. On peut comparer cette technique à une mort suivie d'une éclosion (ce qui préserve donc une population constante). Cette méthode possède le désavantage de n'être pas locale, il faut pouvoir considérer tout le graphe. Dans la suite nous décrivons une architecture possible pour l'implantation d'*AntCO*^{2} dans laquelle le graphe est distribué. Dans ce cas, la fourmi peut sauter aléatoirement sur la zone distribuée du graphe uniquement, ce qui n'implique aucune communication distante.

Une autre technique consiste à laisser la fourmi parcourir aléatoirement (tout en conservant le mécanisme de mémoire) n nœuds en une seule itération. Cette technique est purement locale, et permet à la fourmi de s'échapper très rapidement d'une zone encerclée.

L'avantage direct de la fuite, quelle que soit son implantation, est de permettre de sortir de mauvaises solutions. Elle permet :

- de recoloniser des zones désertes ;
- de casser les encerclements ;
- et de bouger rapidement des fourmis qui perturberaient une zone en cours de colonisation par une autre couleur.

En effet, l'un des autres avantages, mais présent uniquement dans la première implantation du mécanisme (par « saut » ou par « mort / éclosion »), est qu'il permet de sortir des composantes du graphe non-connexe. En effet, la dynamique des entrées ne nous permet pas d'assurer une connexité au graphe, et le comportement de base des fourmis ne leur permet pas de s'échapper s'il n'y a pas d'arcs. Ainsi, il est possible que des fourmis de deux couleurs soient emprisonnées en nombre quasi égal sur une petite composante, empêchant sa coloration uniforme en faisant osciller les couleurs sur ses nœuds. Or le mécanisme de fuite par saut permet à l'une des colonies de migrer d'une telle zone.

Autres mécanismes

Les phéromones jouent un rôle prépondérant dans le fonctionnement de l'algorithme. Cependant, il est impossible de borner exactement la quantité de phéromone qui peut être présente sur un arc (bien qu'au niveau des fourmis, on observe uniquement les proportions de phéromones). Outre les phéromones, la population de fourmis à un instant donné à un endroit particulier joue aussi un rôle important. Ceci nous a mené à tester la remise à zéro des phéromones sur tous les arcs du graphe afin d'observer la capacité des fourmis à retrouver une solution, en partant de la simple répartition démographique.

On pourrait nommer ce mécanisme «colonisation démographique». Bien que la phéromone soit ramenée à un seuil identique sur tous les arcs, la coloration du graphe est

influencée par la répartition démographique. Le nombre de fourmis présentes sur les sommets influence donc encore leur comportement de manière indirecte.

L'algorithme est très réactif, et dans le cas de graphes statiques, comme dans le cas du pont à double voies de tailles différentes, il est possible qu'une mauvaise solution soit d'abord choisie aléatoirement, puis par rétroaction positive malheureusement renforcée. Lorsque le graphe est dynamique, les modifications sont généralement suffisantes pour permettre une variation significative des solutions. Dans le cas de graphe statique, il est possible que ces mauvaises solutions perdurent. La remise à zéro des phéromones permet alors de briser ce problème.

Ces cas sont en fait rares, mais on a aussi constaté un «lissage» des solutions grâce à cette technique. En effet lorsque la solution sur un graphe statique approche de la meilleure solution, la remise à zéro permet d'effacer les légers défauts liés aux trois conditions défavorables décrites plus haut qui n'auraient pas été corrigés par les mécanismes de fuite ou de pression démographique.

Ce mécanisme est cependant délicat car il est global. Nous l'avons cependant utilisé sans lien avec une quelconque fitness, c'est-à-dire qu'il a été déclenché sur le graphe à des intervalles réguliers. Il est donc possible de l'utiliser de manière distribuée.

4.3.6 Architecture et implémentation

AntCO^2 est à la fois un service d'un middleware et un utilisateur de ce dernier. Le middleware offre un service de communication utilisé par l'application et *AntCO*^{2} et des capacités de migration et de mesure pour ce qui concerne en particulier les communications. Il sert également à fournir les événements en relation avec l'apparition ou la disparition de ressources de calcul ainsi que leur charge. La figure 4.11 montre l'architecture.

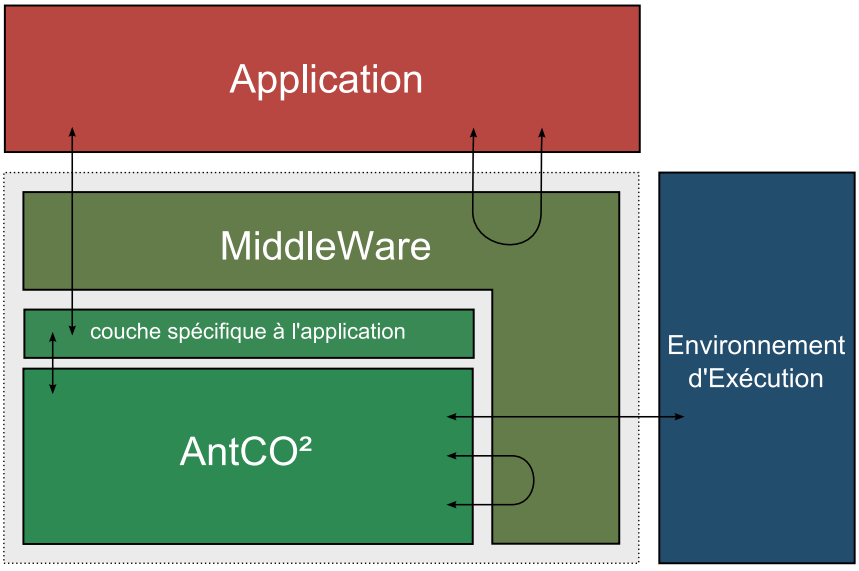
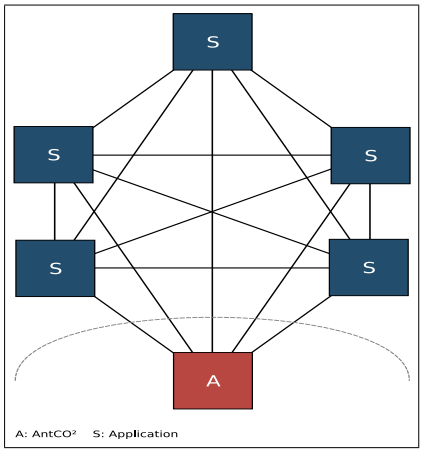


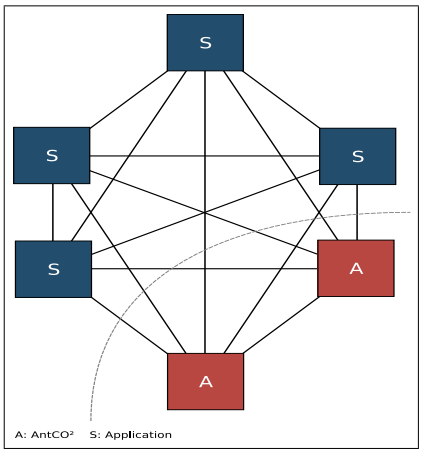
Fig. 4.11 – Architecture dans laquelle s'insère *AntCO*^{2}.

En tant que service, $AntCO^2$ fournit des suggestions de placement pour les entités composant l'application. L'application n'est à aucun moment obligée de suivre ces indications pour diverses raisons. Par exemple, l'entité peut ne pas être en mesure de migrer pour une période donnée par ce qu'elle est liée à une ressource particulière non migrable qu'elle utilise pour un temps.

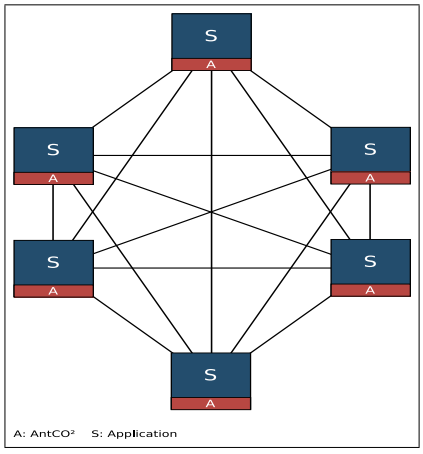
Plusieurs méthodes peuvent être utilisée pour distribuer $AntCO^2$ (cf. figure 4.12). La figure 4.12(a) décrit un environnement où l'application utilise la totalité du cluster pour son utilisation propre excepté la ressource dédiée à $AntCO^2$, la seconde figure 4.12(b) montre la même architecture mais avec plusieurs machines dédiées à $AntC0^2$. Sur la figure 4.12(c), tout comme l'application $AntCO^2$ est également distribué avec éventuellement une instance sur chaque ressource de calcul utilisée par l'application.



(a) $AntCO^2$ à part sur une ressource de calcul dédiée.



(b) $AntCO^2$ à part sur plusieurs ressources de calcul dédiées.



(c) $AntCO^2$ sur les mêmes ressources de calcul que l'application à distribuer.

FIG. 4.12 – Différentes méthodes pour distribuer $AntCO^2$.

Chaque instance d'$AntCO^2$ (cf. algorithme 4.4) a un ensemble de fourmis et un sous-

graphe qui représente la partie de l'application qu'il sert. Au fil des itérations les fourmis sont échangées entre les instances d'*AntCO*^{2} et les événements sont reçus de l'application comme par exemple : création/suppression de nœuds, nouvelle valuation d'un arc .... Des événements sont également reçus de l'environnement d'exécution (ressources de calcul ajoutées ou supprimées par exemple). À intervalle régulier ou sur requêtes de l'application les instances d'*AntCO*^{2} envoient des conseils à l'application. Une migration est proposée quand la couleur d'un sommet change, indiquant que l'entité correspondante de l'application devrait être localisée sur une autre ressource de calcul. L'application est libre de suivre ou pas cette recommandation en fonction des informations spécifiques qu'elle possède ainsi que des contraintes qu'elle doit respecter (cf. algorithme 4.5).

Algorithme 4.4 : Instance d'*AntCO*^{2}.

```
pour toujours
    pour toutes les fourmis faire
        si la fourmi ne fuit pas (eq. 4.16) alors
            Choisir le nouveau nœud à visiter en fonction du taux de phéromone et
            du poids des arcs (eq. 4.15);
    pour chaque arc faire
        Appliquer le facteur de persistance ρ sur les phéromones τ^(t−1) (eq. 4.8);
    pour cahque nœud faire
        Déterminer la couleur de la phéromone dominante en fonction de tous les
        arcs incidents (eq. 4.9) Colorer le nœud avec;
    Prendre en compte les événements issus de l'application et de l'environnement
    et modifier le graphe en conséquence;
    Envoyer les conseils de migration à l'application;
fin
```

Algorithme 4.5 : Instance de l'application

```
pour toujours
    ...;
    Regarder les suggestions provenant d'AntCO² et faire migrer les entités en
    fonction des contraintes et des heuristiques;
    Envoyer les mesures, évènements et migration éventuelle à AntCO²;
fin
```

Considérons l'exemple suivant : soit l'architecture décrite figure 4.12(c) où chaque ressource de calcul héberge à la fois une partie de l'application et une partie de *AntCO*^{2}. Pour simplifier nous fixons le nombre de ressources à deux (R_1 et R_2) mais cela peut être étendu sans problème. L'application démarre ses deux instances App_1 et App_2 (figure 4.13), deux instances d'*AntCO*^{2} sont également créées, respectivement Ant_1 and Ant_2. Des entités de l'application apparaissent sur App_1, respectivement sur App_2 et sont notifiées à

Ant_1 respectivement à Ant_2. Les couleurs initiales sont fixées par la couleur de la ressource de calcul où sont apparues les entités. À chaque fois qu'une entité de l'application App_1 (resp. App_2) interagit avec une entité de App_1 (resp. App_2), Ant_1 (resp. Ant_2) est averti et un arc est créé entre ces entités. Des entités peuvent interagir fortement avec certaines alors qu'elles sont faiblement en relation avec d'autres, créant ainsi des organisations. Si une entité de l'application App_1 (resp. App_2) interagit avec une entité de App_2(resp. App_1), Ant_1 et Ant_2 sont averties. Imaginons maintenant que cette interaction devienne de plus en plus importante, l'arc partagé par Ant_1 et Ant_2 est mis à jour et voit son poids augmenter, une organisation se crée ou une jonction d'organisation est en train de se faire. De plus en plus de fourmis vont emprunter cet arc et il est également possible que de nouveaux arcs apparaissent renforçant encore l'organisation (la réorganisation) naissante. Ces mécanismes vont conduire les fourmis de l'une des couleurs à coloniser l'organisation, des changements de couleur vont donc s'effectuer sur des nœuds du graphe indiquant que les entités devraient migrer si cela est possible en fonction de la stratégie de l'application et des contraintes. Ainsi si il y a des interactions fortes entre des entités, elles vont probablement s'«exécuter» sur la même ressource.

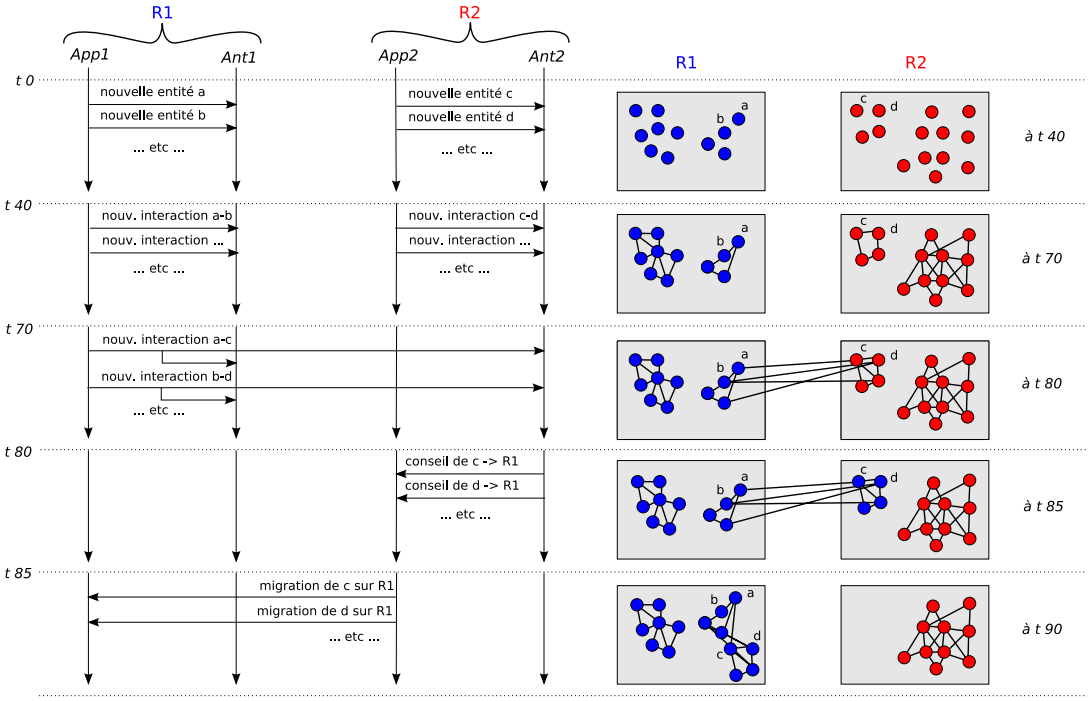


FIG. 4.13 – Diagramme de séquence d'$AntCO^2$ et une application fonctionnant en parallèle.

De la même façon une organisation, s'exécutant par exemple sur R_1, peut se diviser en deux, alors l'application informe $AntCO^2$ que l'importance d'un ensemble d'interaction décroît ou disparaît, ceci se traduisant numériquement sur le poids des arcs correspondants. Si l'une des «sous»-organisations résultantes avait des interactions faibles au sens de l'organisation précédente avec une organisation de R_2, elle va pouvoir être colonisée par des fourmis de la couleur de R_2 et $AntCO^2$ détectera un changement de couleur et

informera l'application App_1 qu'elle devrait faire migrer les entités correspondantes sur R_2.

4.3.7 Expérimentations et résultats

L'équilibrage dynamique de charge entre dans la catégorie des problèmes dépendant très fortement du temps. Il semble donc difficile voire impossible d'effectuer une comparaison des résultats d'$AntCO^2$ avec les solutions optimales sur des graphes dynamiques, à cause de notre incapacité à calculer ces dernières. Supposons maintenant que nous soyons capable de diviser le problème dynamique en une série d'états statiques, trouver une solution optimale est en soit un problème difficile, pour s'en convaincre on pourra consulter [Garey and Johnson, 1979] de plus les solutions optimales obtenues pour t et $t+1$ ne le sont pas du fait des migrations générées par les choix statiques. D'autre part les organisations ne sont pas nécessairement conservées d'un pas à l'autre.

Mesures

Nous utilisons deux critères principaux de mesure de la qualité des distributions produites. Le premier se rapporte à la charge réseau, le second à la charge machine. Si deux critères sont nécessaires, c'est qu'il est particulièrement délicat d'obtenir une unique mesure de qualité pour des concepts qui s'opposent tel que la charge réseau et la charge machine. De manière évidente en effet, optimiser la charge machine revient à dégrader la charge réseau, et inversement optimiser la charge réseau revient à dégrader complètement la charge machine, en n'en utilisant qu'une seule. Ces critères sont contradictoires et toute approche de distribution dynamique devra trouver un *compromis*.

Le premier critère, r_1, représente la charge de communication. Il introduit la notion de *communication effective*, c'est-à-dire de communication réifiée sur le réseau, opposé aux communications directes qui se font entre deux entités *sur la même ressource de calcul*. En effet, le temps nécessaire à l'établissement d'une communication entre deux ressources de calcul prend 100 fois plus de temps et pafois même d'avantage qu'une communication directe entre deux entités sur la même ressource. Étant donné le graphe coloré de l'application $G(t)$ au temps t, les communications effectives sont identifiées par l'ensemble $\mathcal{A}(t)$ des arcs entre deux sommets de couleurs différentes au temps t. Les communications directes sont donc $\mathcal{E}(t) \cap \mathcal{A}(t)$. Le critère r_1 est la proportion de communications effectives rapporté au nombre de communications total :

$$r_1 = \frac{\sum_{a \in \mathcal{A}(t)} w^{(t)}(a)}{\sum_{e \in \mathcal{E}(t)} w^{(t)}(e)} \tag{4.17}$$

Plus ce critère est proche de 0, meilleur il est.

Le second critère, r_2, est lié à la charge des ressources de calcul. Pour ce dernier on prend en compte la charge de la ressource la plus occupée, et celle de la ressource la moins occupée. Ainsi, si $\mathcal{V}_c$ représente l'ensemble des sommets ayant la couleur c :

$$r_2 = \frac{min(card(\mathcal{V}_1), \ldots, card(\mathcal{V}_n))}{max(card(\mathcal{V}_1), \ldots, card(\mathcal{V}_n))} \tag{4.18}$$

Plus r_2 est proche de 1, meilleur il est. Le minimum et le maximum sont normalisés en fonction de la puissance de la machine, la machine la plus puissante ayant une puissance de 1. Ceci permet de prendre en compte les ressources de calcul hétérogènes.

Résultats

Bien qu'*AntCO*^{2} soit prévu à la base pour gérer des applications faites d'un grand nombre d'entités en interaction, et donc particulièrement dynamiques, nous ne l'avons pas testé uniquement sur des graphes dynamiques mais aussi sur des graphes statiques.

Nous ne détaillerons pas la totalité des résultats obtenus, en particulier pour les cas statiques, le lecteur intéressé pourra consulter [68] en particulier sur les points suivants :

- Grilles :
  - Grille avec pondération ;
  - Grille pondérée ;
- Graphes aléatoires ;
- Graphes complets ;
- Graphes invariants d'échelle (figure 4.14), graphes petit-monde ;
- Archive de partitionnements de graphe.

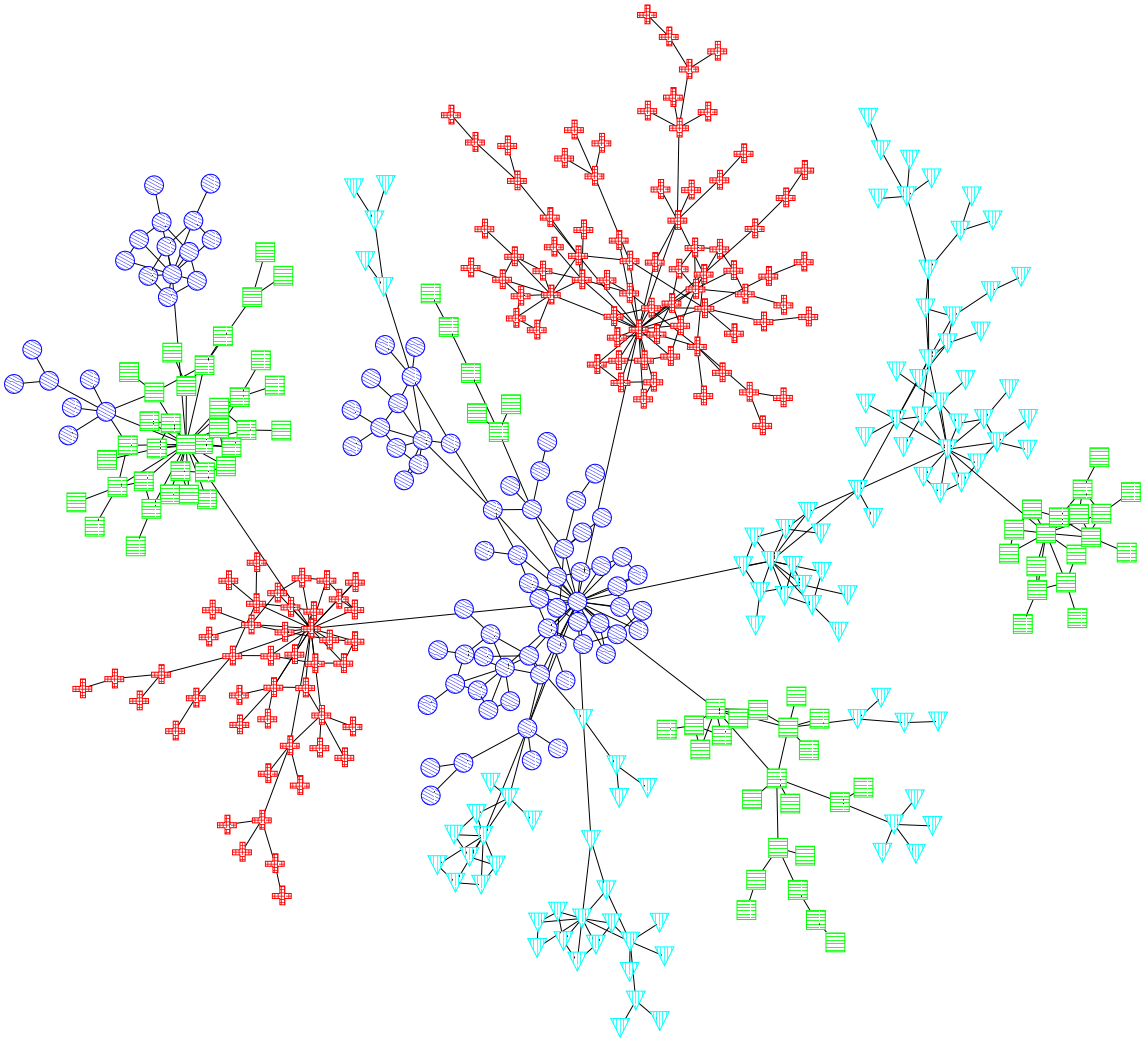
Avant de présenter les résultats obtenus dans le cadre d'une simulation d'un écosystème nous allons détailler deux expériences effectuées avec de la dynamicité. Pour chacun de ces tests une application est simulée en créant un graphe et en appliquant des événements dessus. Les événements sont l'apparition ou la disparition d'un arcs, d'un nœud ou d'une ressource de calcul, mais aussi des modifications au niveau des poids sur les arcs.

Le premier graphe dynamique représente une grille statique que parcourt une autre plus petite. Des connections ont lieu continuellement, lors des déplacements, entre les sommets de deux grilles en fonction de la proximité. Cela représente, par exemple, une organisation qui explore un plus grand ensemble d'entités en interaction (cf. figure 4.15[41].).

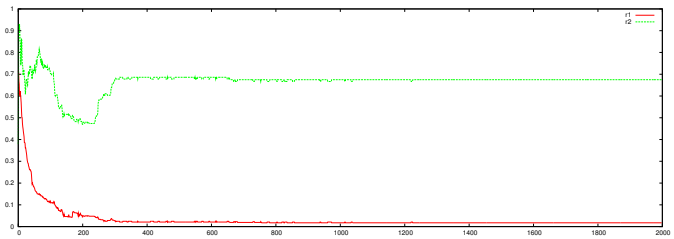
Du fait que les communications dans le petit graphe sont plus fortes que celles avec le grand graphe et que ces dernières durent moins longtemps, le petit graphe garde la même couleur durant l'expérience bien qu'il croise différentes zones de couleurs différentes. L'organisation formée par le petit graphe n'est donc pas perturbé par ses interactions avec la grille. On constate que la dynamique du graphe et la structure sont utilisées pour déterminer les clusters de façon correcte. En effet c'est le comportement dans le temps de la petite grille, avec des apparitions et des disparitions d'interactions, qui permet d'en faire une organisation à part entière Ce graphe est une réduction d'un phénomène rencontré dans les écosystèmes aquatiques dans lesquel un banc de poissons évolue dans un environnement. Les interactions à l'intérieur du banc sont basées sur le cône de vision, et sont plus importantes et durables qu'avec l'environnement.

Pour notre deuxième exemple que nous présentons rapidement, le graphe n'est pas dynamique dans sa topologie, mais par contre l'environnement est changeant, c'est à dire que des ressources de calcul peuvent apparaître ou disparaître à tout moment. On considère que la projection des entités génère une grille comme par exemple dans des

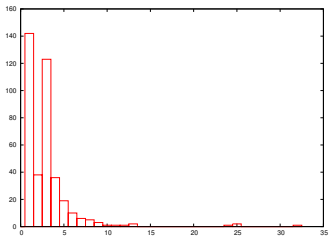
[41] la dynamique peut être observée sur une vidéo [Dutot et al., 2004]



(a) Graphe invariant d'échelle coloré.



(b) Évolution de r_1 and r_2 sur 2000 étapes.



(c) Distribution de degrés.

FIG. 4.14 – Graphe invariant d'échelle de 391 sommets et 591 arcs.

modèles de flux, ou tout autre modèle physique qui utilisent des maillages. Une grille de 30×30 est utilisée (cf. figure 4.16) et on introduit une nouvelle colonie représentant donc

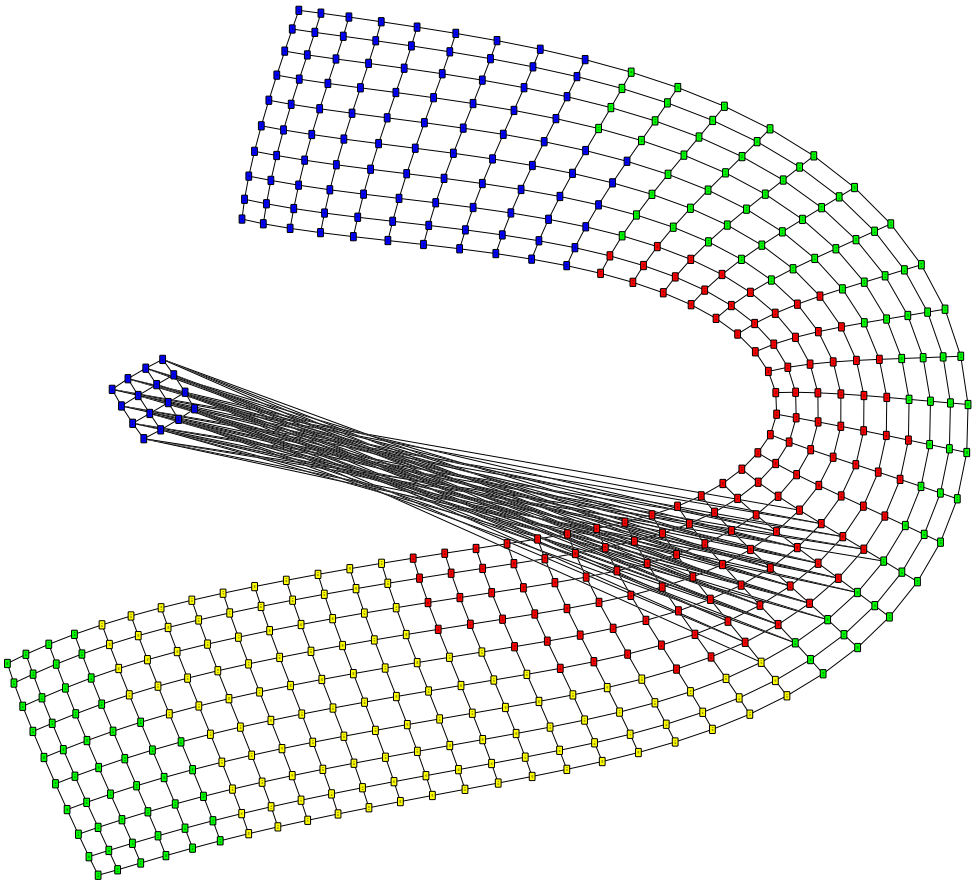
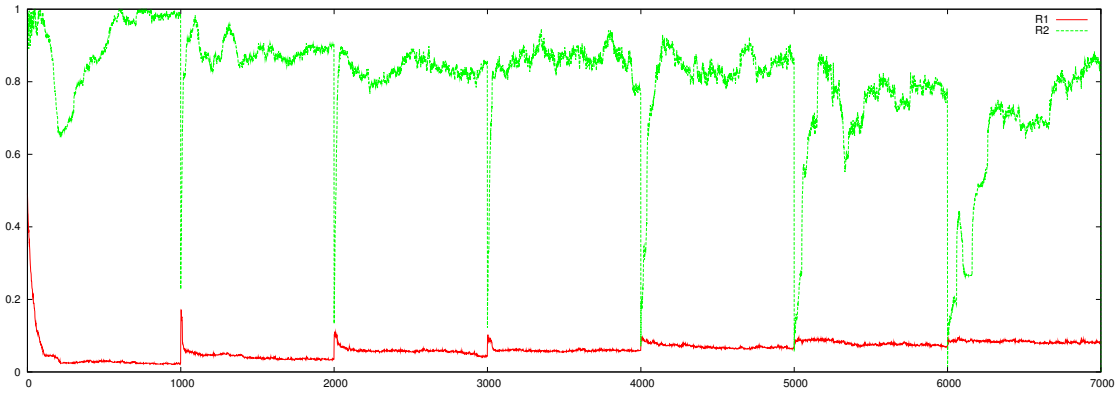


FIG. 4.15 – Organisation interagissant avec une plus grande structure

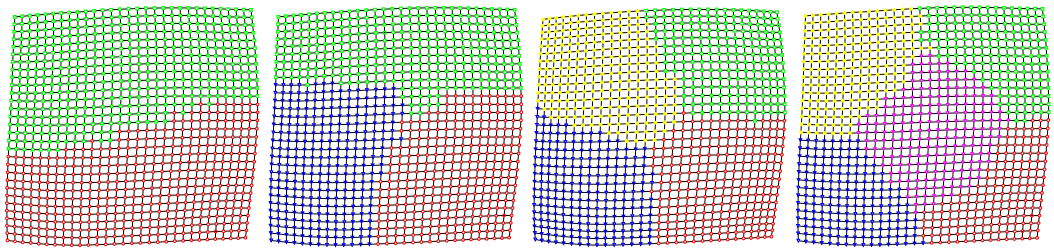
une nouvelle ressource de calcul toutes les 1000 étapes. Nous présentons le résultat obtenu lorsque le nombre de ressources croît, avec la proposition de répartition et l'évolution de nos deux critères de qualité r_1 et r_2. On constate que la taille restreinte de la grille vis-à-vis du nombre de plus en plus élevé de ressources de calcul amène une convergence légèrement moins rapide vers une solution de bonne qualité, mais que cette dernière se maintient.

Il est intéressant de voir qu'aucune réorganisation massive du graphe n'est opérée lorsque les ressources de calcul sont ajoutées. Certaines zones sont coupées tandis qu'une partie reste en position, minimisant ainsi le nombre de migrations.

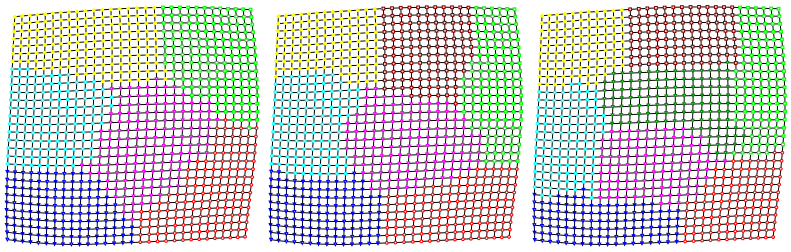
Une expérience analogue a également été effectuée sur un graphe de plus grande taille (cf. figure 4.17(a)) issu d'une archive de partitionnement de graphe (2851 sommets et 15093 arcs) [Soper et al., 2004, Soper et al., 2005]. La figure 4.17(b) montre l'évolution des critères r_1 et r_2 avec des résultats similaires à l'expérience précédente.



(a) Évolution des critères r_1 et r_2.

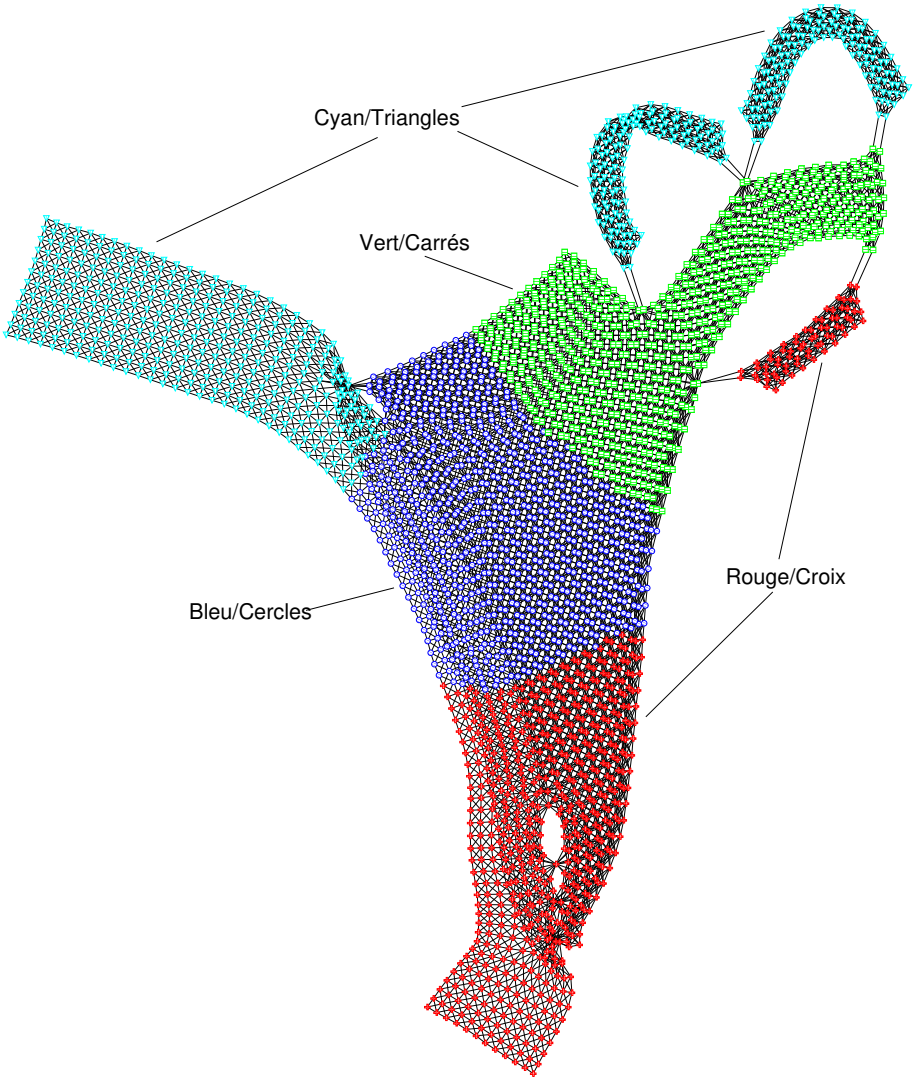


(b) 1 colonie (c) 2 colonies (d) 3 colonies (e) 4 colonies

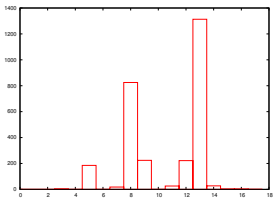


(f) 5 colonies (g) 6 colonies (h) 7 colonies

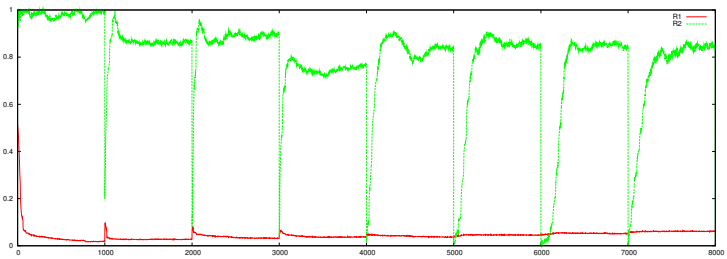
FIG. 4.16 – Ajout d'une colonie toutes les 1000 étapes dans une grille 30×30.



(a) graphe «data» coloré par 4 colonies (le graphe n'est pas planaire et par endroit deux couches se superposent).



(b) Distribution de degrés du graphe



(c) Ajout d'une colonie toutes les 1000 étapes sur le graphe «data» de 2851 sommets et 15093 arcs.

FIG. 4.17 – Évolution du graphe «data» .

$AntC0^2$ a été couplé avec une application de simulation d'écosystème marin [80, 77]. Le comportement collectif des animaux au niveau du déplacement repose sur le principe des Boids de [Reynolds, 1987] avec plusieurs modifications comme la prise en compte du flux et plusieurs espèces s'attirant ou se repoussant suivant leur nature (proies/prédateurs). Cette application non seulement permet de tester $AntCO^2$ sur un problème réel, mais permet de comparer ses résultats avec deux autres méthodes de distribution.

Ainsi le comportement de nos espèces vivantes est régit par :

- Des rétroactions positives :
  - attraction vers le barycentre du groupe perçu ;
  - attraction vers les proies éventuelles ;
  - orientation dans le direction générale du groupe ;
  - adaptation à la vitesse du groupe ;
- qui sont contrecarrées pas plusieurs rétroactions négatives :
  - distance minimale vis-à-vis des membres du groupe ;
  - angle de vue inférieur à 360 degrés ;
  - réaction de fuite vis-à-vis des prédateurs.

Ces mécanismes génèrent des organisations (des bancs) qui, au lieu de ne former finalement un unique groupe, se scindent en plusieurs organisations, évoluant au fil du temps, pouvant être brisées par des interactions avec d'autres espèces.

L'implantation de cette simulation utilise une grille évitant ainsi de parcourir tout l'espace pour déterminer le voisinage d'individus à prendre en compte lors du déplacement. De plus cette grille est utilisée pour simuler un mode de distribution par maillage de l'environnement.

Chaque boid est modélisé par un nœud dans le graphe dynamique. Lorsqu'un boid entre dans le champ de vision d'un autre cela crée une interaction qui se traduit par un arc dans le graphe et la durée de l'interaction value l'arc. Les figures 4.18 and 4.19 montrent à la fois la simulation et le graphe dynamique coloré par $AntCO2$. La figure 4.19 montre l'état de l'application lorsque des organisations ont émergé.

Trois modes de distributions ont été testés avec cette simulation :

1. aléatoire,
2. par maillage,
3. $AntCO^2$.

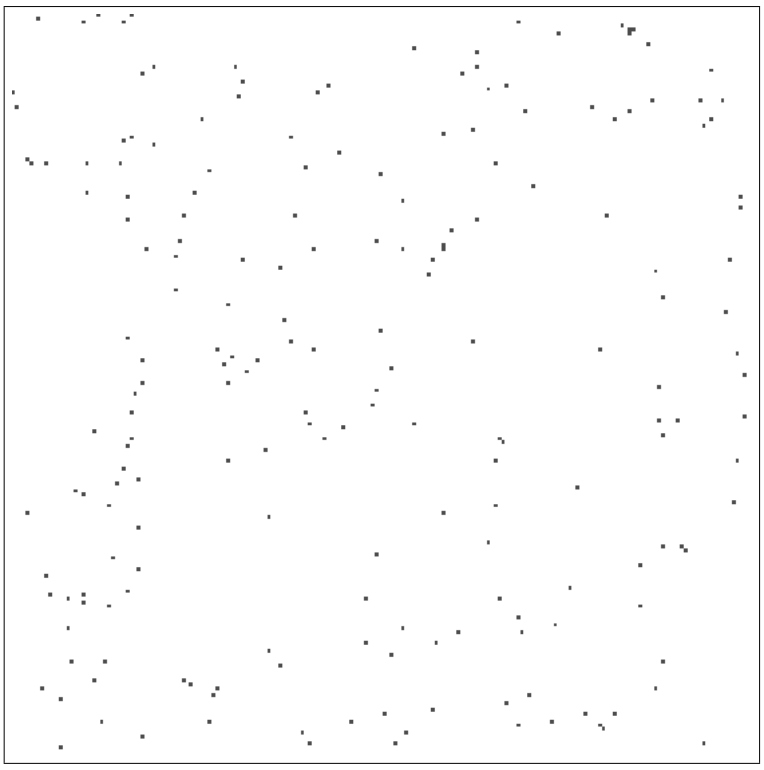
Dans le mode aléatoire, les boids se voient assigner un processeur dès leur apparition et n'en changent plus par la suite. Dans la simulation que nous avons utilisé, le nombre de boids est fixé par avance, et ne varie pas par la suite. Ce mode de distribution donne un équilibrage de la charge optimal. Chaque machine est chargée de manière équivalente. Par contre la charge de communication n'est pas prise en compte. Au sein d'une organisation il y a donc de fortes chances que deux boids communicants soient sur des processeurs différents. Ce mode de distribution est donc le pire en ce qui concerne la charge réseau.

Dans le mode par maillage, l'environnement est découpé en mailles, et ces dernières sont assignées chacune à une ressource de calcul. Les boids s'exécutent sur la ressource de calcul assignée à la maille dans laquelle ils se trouvent. Ce mode améliore la minimisation

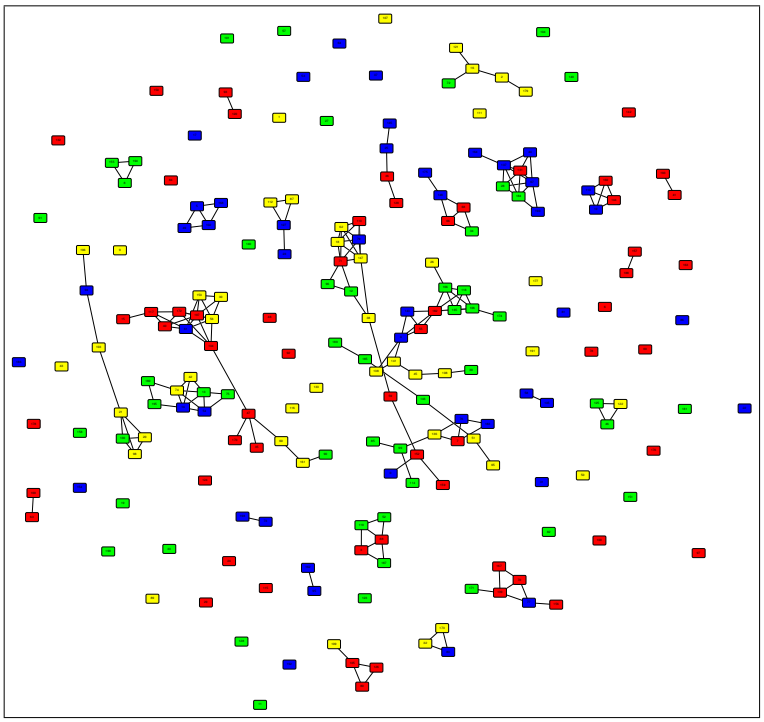
des communications au détriment de l'égalisation de la charge machine. En effet dans ce mode, les boids se déplaçant sans contrainte, il est possible que tous les individus migrent sur une machine donnée. De plus, vis-à-vis des communications, il est possible qu'une organisation stagne à la frontière de deux mailles gérées par des processeurs différents, plaçant donc des communications de forte intensité sur le réseau.

Ces deux modes ont été comparés aux résultats produits par $AntCO^2$. On constate que ce dernier opère un bon compromis entre charge réseau et charge machine. En ce qui concerne le critère de qualité r_1, les communications, les résultats sont meilleurs que les deux autres approches. Pour r_2, il donne des résultats similaires voir meilleurs que le maillage. Il est par contre bien entendu, impossible de dépasser le mode aléatoire sur le critère r_2, le nombre de Boids étant invariant, et l'allocation parfaite dès le début.

Les figures 4.20 et 4.21 montrent l'évolution des critères r_1 et r_2 respectivement sur un test avec 200 boids répartis dans 4 espèces durant 5000 étapes de temps. Les figures comparent les trois stratégies évoquées : aléatoire, par maillage et $AntCO^2$. Pour r_2, l'allocation aléatoire est toujours idéale n'est pas montrée.

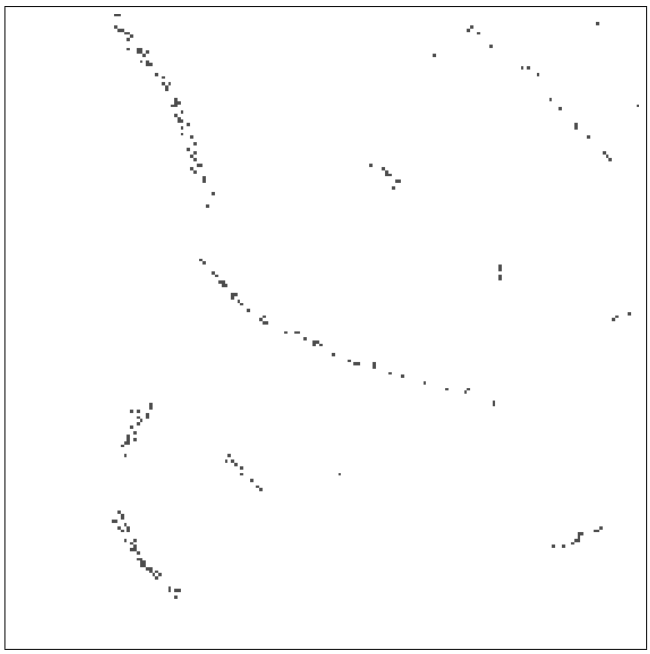


(a) Simulation

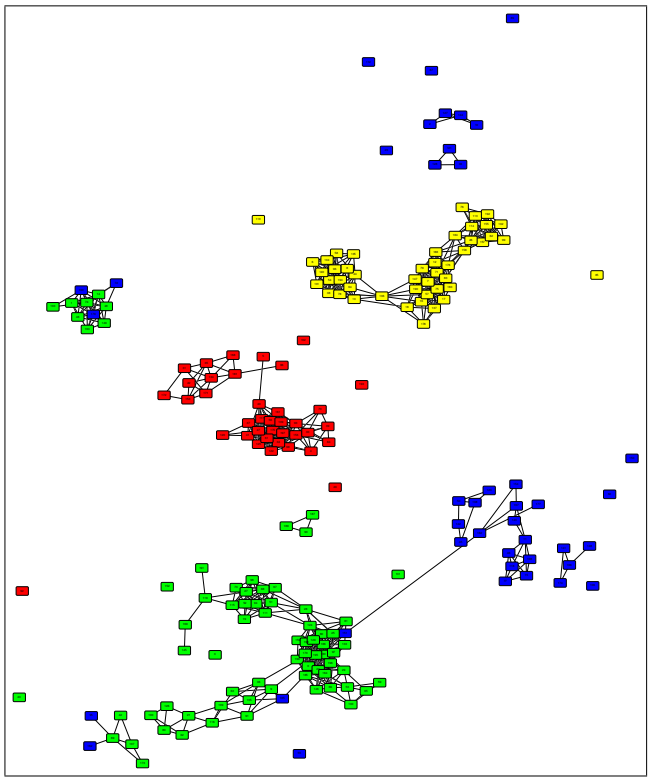


(b) Graphe dynamique coloré représentant les entités, les interactions et les organisations.

FIG. 4.18 – Début de la simulation lorsque les organisations n'ont pas émergé.



(a) Simulation



(b) Graphe dynamique coloré représentant les entités, les interactions et les organisations.

FIG. 4.19 – Des organisations ont émergé.

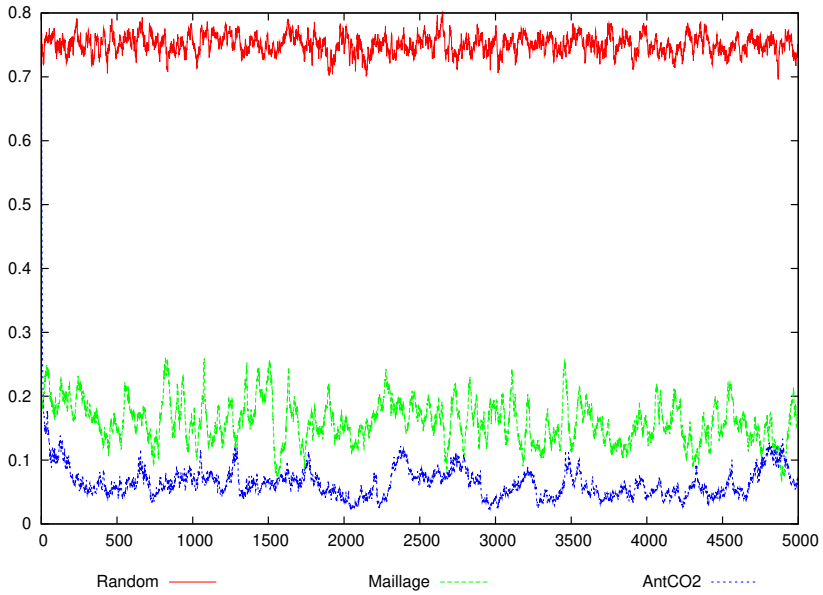


FIG. 4.20 – Comparaison sur le critère r_1 entre les stratégies «aléatoire», «maillage» et «$AntCO^2$» avec 200 boids.

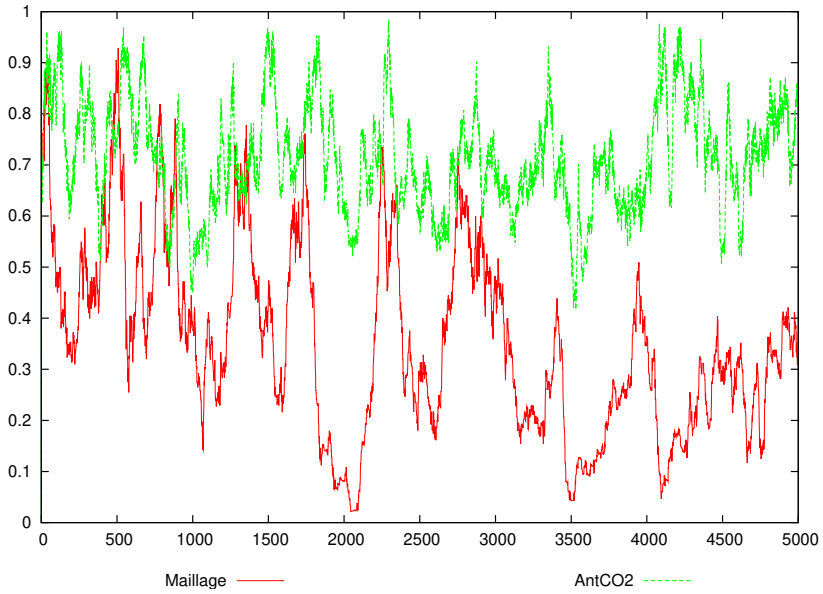


FIG. 4.21 – Comparaison sur le critère r_2 entre les stratégies «maillage» et «$AntCO^2$» avec 200 boids.

4.4 Modification du modèle

*AntC*02 a été modifié et adapté pour traiter des problèmes voisins comme la recherche de lieu de contamination dans un milieu hospitalier [41] ou encore la reconstruction de séquence (cf. § 5.2), [17, 19]. Nous l'avons également adapté dans le cadre d'un système d'aide à la décision pour le trafic routier [24, 23, 25].

On peut distinguer deux objectifs pour la gestion du trafic routier :
- permettre à des utilisateurs du réseau routier de choisir le chemin le plus court vers une destination arbitraire à partir de n'importe quelle position ;
- réguler le trafic afin d'éviter les embouteillages.

Ces deux objectifs sont en relation l'un avec l'autre, l'amélioration du second pouvant améliorer le premier, et l'utilisation du premier pouvant améliorer le second ...

Le modèle présenté dans [24] utilise plusieurs éléments afin de réguler le trafic :
- un système de collecte d'informations sur le trafic utilisées à l'étape de recherche des meilleurs chemins ;
- un graphe dynamique pondéré et orienté représentant le réseau routier et les informations sur le trafic ;
- un système de régulation s'appuyant sur ce graphe et gérant le système de contrôle ;
- un système d'aide à la décision, utilisant le graphe dynamique et le système de contrôle. Une interface multimodale informe et aide les utilisateurs en fonction de leur profil.

La figure 4.22 synthétise l'architecture globale du modèle présenté. On y voit les deux parties principales interagissant entre-elles : le système de contrôle et le système d'aide à la décision. Les informations circulent entre les deux, allant du premier au second, puis du second au premier en une boucle de rétroaction typique des systèmes complexes.

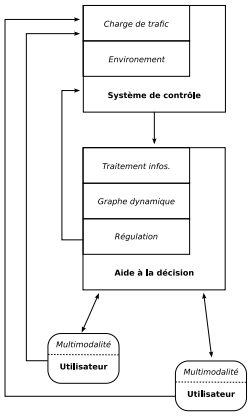


FIG. 4.22 – Architecture globale pour la gestion de trafic routier.

Le système d'aide à la décision basé sur un algorithme fourmi est une variante d'*AntCO*^{2}. Le système de régulation utilise algorithme de perceptron multicouche avec rétro-propagation qui est décrit en détail dans [24].

4.5 Conclusion

Nous avons donc proposé une approche basée sur un mécanisme d'intelligence collective permettant de détecter des organisations et éventuellement de les regrouper afin par exemple de pouvoir les distribuer durant l'exécution d'une application dans laquelle elles auraient pu émerger. L'algorithme général repose sur un graphe dynamique et utilise deux propriétés :

1. Le feedback positif qui maintient les chemins dans le graphe entre les nœuds fortement connectés ;
2. Le feedback négatif qui isole les communautés. Cet isolement créant une membrane au sens où on l'a déjà exposé avec un «dedans» et un «dehors». Tout comme dans le cas des tourbillons, l'organisation est close opérationnellement mais ouverte aux flux d'informations/d'énergie.

Le premier point est contrôlé par les fourmis numériques par l'intermédiaire du dépôt de phéromone, alors que le second est complètement contrôlé par l'environnement (évaporation, suppression d'arcs, poids ...). Le feedback négatif permet également, entre autre, que l'algorithme soit adaptatif face à la dynamicité du graphe, en «oubliant» les organisations devenues caduques à cause des évolutions. Les organisations détectées émergent du comportement des fourmis, cette émergence n'est pas explicitement implémentée. Ces organisations font la solution.

Jetons maintenant un regard croisé entre les écosystèmes naturels et ce que nous venons d'aborder. Pour cela je vous propose de considérer les deux définitions suivantes :

> **Écosystème** :
> Ensemble structuré comprenant un substrat et la biocénose qui y vit. Cet ensemble est caractérisé par des échanges de matière et d'énergie dus aux interactions entre les organismes vivants et le substrat.

Et maintenant la définition que nous pourrions avoir d'une simulation telle que nous les avons considérées jusqu'à présent :

> **Simulation** :
> Ensemble structuré comprenant un environnement d'exécution en éventuelle évolution, et les composants logiciels qui s'y exécutent. Cet ensemble est caractérisé par des échanges d'information dus aux interactions entre les composants du système.

Les applications que nous avons décrites présentent de grandes similitudes avec la vue que l'on a d'un écosystème. Ainsi, quelles sont les propriétés d'un écosystème ?

- Il y a auto-organisation de ses constituants et rétroaction du système sur lui-même ;
- L'écosystème et ses sous-parties passent par des phases juvéniles, adultes et sénescentes ;
- L'écosystème est un système complexe, dans le sens où le tout est plus que la somme de ses parties. En d'autres termes, décrire les composants à part n'est pas suffisant.

- Les interactions en grand nombre au sein du système sont primordiales.
- Le système est adaptatif dans son ensemble. Cependant sa capacité d'adaptation est limitée, si on perturbe trop son état, ce dernier s'effondre (on peut citer par exemple les phénomènes d'eutrophisation comme la nitrification).
- Le système possède une frontière perméable, et des flots de matière, d'énergie et d'information le traversent et le structurent.

Les parallèles avec un système informatique sont nombreux :

- Dans une simulation faite d'un nombre important d'entités en interaction, il y a des mécanismes d'auto-organisation.
- Des organisations émergent, à divers niveaux d'échelle, et ces dernières passent par les phases juvéniles, adultes, et sénescentes.
- Les interactions en grand nombre au sein du système sont primordiales.
- La simulation utilisant ces mécanismes est plus que la somme de ses parties. Les composants ne sont pas explicitement programmés pour produire le résultat global. Ceci est vrai aussi pour $AntCO2$.
- Le système s'adapte à ses entrées dans son ensemble, même s'il est constitué de parties réactives. Cependant, sa capacité d'adaptation est limitée, trop de changements le font s'effondrer.
- Le système possède une frontière perméable, et des flots de matière, d'énergie et d'information le traversent et le structurent.

Pour désigner un tel système on peut utiliser le terme *écosystème computationel* proposé par [Huberman and Hogg, 1988], cependant avec une acception différente.

Un tel écosystème computationel, tout comme sa contrepartie naturelle possède plusieurs niveaux d'échelle. Considérons une simulation couplée à $AntCO^2$. L'ensemble des deux dans l'environnement d'exécution forme l'écosystème computationel complet. Chacun est un sous-système avec ses entrées et sorties bouclées l'une sur l'autre. Ces deux systèmes rétroagissent mutuellement en s'observant. Au sein de chacun, de nombreuses entités en interactions forment des organisations (entités de l'application, fourmis), elles mêmes délimitées par une frontière, ... jusqu'au niveau des entités elles-mêmes.

De même, on peut prendre l'exemple d'un écosystème estuarien, formant un tout, composé de sous systèmes (populations diverses, faune, flore, ou a divers niveaux dans la chaîne alimentaire, poissons, plancton). Au sein de ces sous-systèmes on trouve des organisations, en fonction des espèces, et des modes d'interaction, ceci jusqu'aux individus eux-mêmes.

Chapitre 5

Bioinformatique

Sommaire

5.1 Introduction 138
5.2 Séquençage par hybridation 138
5.2.1 Mécanisme d'hybridation 138
5.2.2 Le modèle 140
5.2.3 Recherche de la séquence d'origine 141
5.3 Modélisation du système immunitaire 142
5.3.1 Les différents modèles 149
5.3.2 Simulation d'un réseau idiotypique 153
5.3.3 Principes généraux du modèle 155
5.4 Épidémiologie et résistance aux antibiotiques 161
5.4.1 Mécanismes de résistance 161
5.4.2 Le modèle 163
5.4.3 Résultats 167
5.5 Informatique destinée à un public handicapé 174
5.5.1 Interfaces multimodales 174
5.5.2 Méthodologie 174
5.5.3 Architecture 177
5.6 Conclusion et perspectives 177

5.1 Introduction

L'informatique et la biologie peuvent sembler deux disciplines scientifiques totalement déconnectées. La première est formelle et virtuelle, elle manipule des données symboliques et numériques alors que l'autre est une science expérimentale du réel confrontée aux aléas du vivant. Cependant elles entretiennent des liens très forts et se fertilisent mutuellement. D'un coté on trouve par exemple l'utilisation des métaphores du vivant pour chercher des solutions à des problèmes informatiques, de l'autre la simulation mais aussi par exemple la théorie des codes. Cette relation riche a donné naissance à la bioinformatique [42]. La vision que j'en ai est très large, cela va du séquençage du génome, en passant par une modélisation du système immunitaire, mais aussi en considérant les problèmes épidémiologiques et la résistance aux antibiotiques, sans oublier l'aide aux handicaps.

Ce travail s'est effectué avec Dominique, Frédéric, Guilhem, Julien et Pierre mais aussi avec des gens venus du froid, je pense en particulier à Harry et Krister sans oublier de l'autre coté de l'atlantique Erika, Glenn et Shigui que je n'ai encore jamais vus mais qui sont pris dans la toile et montrent que les organisations peuvent avoir franchi les océans et être bien réelles.

5.2 Séquençage par hybridation

Dans le séquençage du génome les objets qui sont manipulés sont des séquences nucléotidiques. Elles sont formées à partir des quatre bases azotées, Adénine, Cytosine, Guanine et Thymine donnant l'alphabet A, C, G, T. Le séquençage par hybridation (noté SBH pour *Sequencing By Hybridization*) est une méthode proposée pour effectuer le séquençage *de novo*[43] d'une séquence nucléotidique [Bains and Smith, 1988, Drmanac et al., 1989, Drmanac et al., 2002, Lysov et al., 1988]. La méthode utilise des puces à ADN qui sont composées d'un support (verre, nylon ou silicium) sur lequel des courtes séquences d'ADN de même longueur, qui constituent les sondes, sont fixées. Sous certaines conditions chimiques, les sondes peuvent s'hybrider (se lier) avec certaines parties des séquences avec lesquelles elles sont mises en contact (cf. figure 5.1).

5.2.1 Mécanisme d'hybridation

La molécule d'ADN est formée de deux brins qui se font face et qui sont maintenus par des liaisons hydrogènes. Chaque liaison implique un couple de bases, les purines (adénine et guanine) d'un brin font toujours face à des pyrimidines de l'autre brin (Thymine et Cytosine). Les nucléotides sont complémentaires entre eux. Ainsi, l'adénine est complémentaire à la thymine et la guanine est complémentaire à la cytosine. Deux liaisons hydrogènes retiennent ensemble la paire A-T et trois retiennent la paire G-C. Ces ponts hydrogènes matérialisent le principe d'hybridation à la base du SBH. De plus la molécule

[42] L'orthographe correcte est bio-informatique selon les règles du français, mais l'usage semble pencher vers bioinformatique, c'est donc celle que nous avons retenue.

[43] Des peptides.

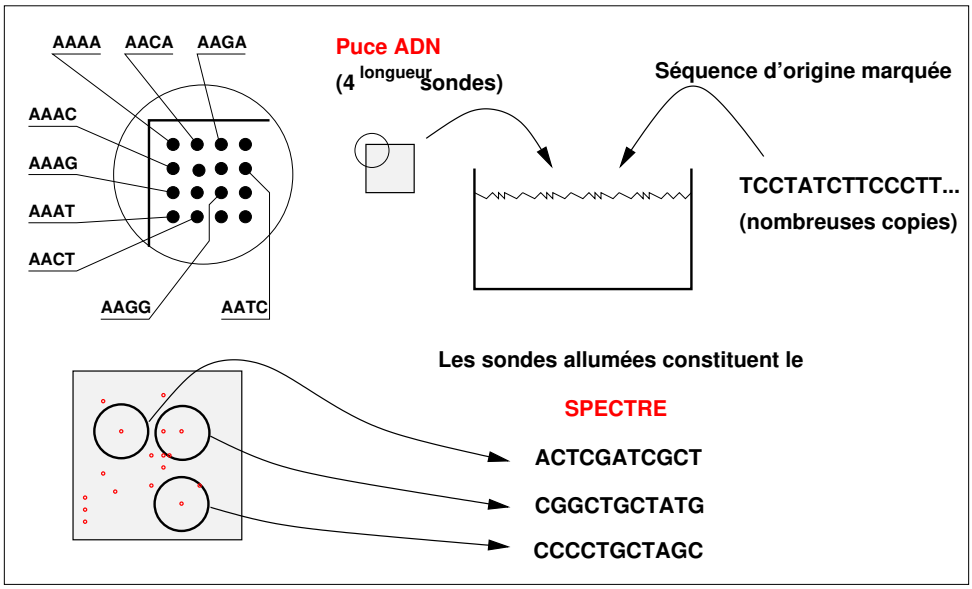
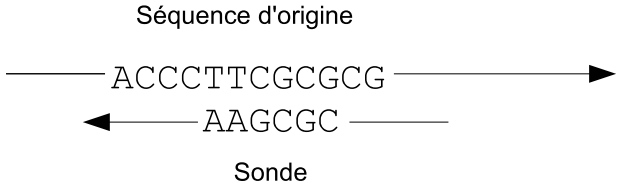


FIG. 5.1 – Séquençage par hybridation.

d'ADN est orientée. En effet, chaque brin de la molécule d'ADN est formé d'une longue suite de nucléotides qui sont constitués d'un groupe de phosphate lié au désoxyribose, un sucre, lui-même lié à une base azotée. Le sucre contient cinq atomes de carbone numérotés de 1' à 5', cette numérotation évitant toute confusion possible avec les carbones des bases. Le lien entre deux nucléotides résulte de la liaison du carbone 3' d'un nucléotide lié à un composé phosphaté lui même lié au carbone 5' du nucléotide suivant. De ce fait les brins d'ADN sont orientés et par convention les séquences sont écrites de 5' vers 3'. Les deux brins d'une molécule étant opposés, il faut donc considérer la suite inversée et complémentée des nucléotides d'une séquence pour en déduire la séquence qui l'hybride (cf. figure 5.2).



La sonde `CGCGTA` peut s'hybrider avec la sous séquence inversée qui lui est complémentaire : `TTCGCG`.

FIG. 5.2 – Hybridation de la sonde CGCGTA avec une partie de séquence.

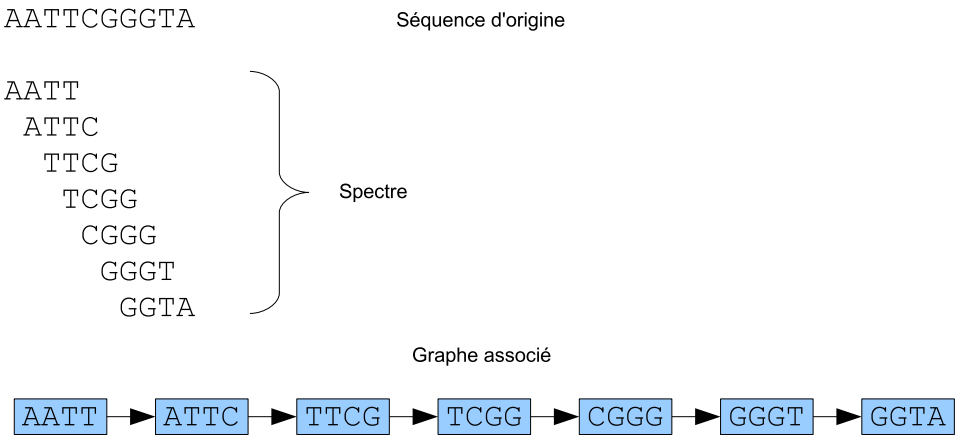
Si les nucléotides peuvent être marqués par fluorescence ou radioactivité il est alors possible de déterminer si une suite de nucléotides dont la longueur est celle d'une sonde fait partie de la séquence d'origine. Dans le cas du SBH, les puces à ADN doivent contenir

la totalité des séquences d'ADN mono-caténaires (simple brin) d'une longueur donnée, soit 4^k sondes si celles-ci sont de longueur k. Cette méthode présente deux problèmes bien identifiés : le premier est celui des erreurs se produisant lors de la phase biochimique et le second est la présence de répétitions dans les séquences biologiques.

Du point de vue informatique, le problème du SBH se décompose en deux sous-problèmes : la modélisation du problème à partir des données expérimentales d'une part et la reconstruction de la séquence d'origine à partir du modèle d'autre part.

5.2.2 Le modèle

Les données obtenues à la suite de la phase biochimique sont des oligonucléotides, mots correspondant aux sondes hybridées inversées et complémentées, l'ensemble constituant le spectre. Lors d'une expérience idéale, le spectre contient l'ensemble des mots de longueur k recouvrants contenus dans la séquence d'origine (cf. figure 5.3).



Le graphe associé fait correspondre à chaque oligonucléotide un sommet et ajoute un arc entre deux oligonucléotides A et B si les 3 dernières bases de A sont identiques aux 3 premières bases de B.

FIG. 5.3 – Spectre associé à la séquence `AATTCGGGTA` obtenu par hybridation des sondes de longueur 4 d'une puce à ADN.

La modélisation que nous avons retenue considère les oligonucléotides comme les sommets d'un graphe dont les arcs matérialisent les recouvrement maximaux entre les oligonucléotides correspondant aux sommets associés [Lysov et al., 1988], comme l'illustre la figure 5.3. Le graphe constitue l'espace de recherche de la solution, à partir de ce modèle le problème de la reconstruction de la séquence est défini comme celui de la recherche d'un chemin présentant des propriétés particulières. Le problème revient à la recherche d'un chemin hamiltonien, connu pour être NP-difficile/complet [Garey and Johnson, 1979]. [Pevzner, 1989] a montré qu'en considérant une modélisation légèrement différente, le problème pouvait se ramener à la recherche d'un chemin Eulérien dans un graphe, problème qui peut être résolu en un temps polynomial.

5.2.3 Recherche de la séquence d'origine

Dans ce qui précède nous avons considéré une expérience idéale et donc la modélisation du spectre obtenu à partir de cette dernière. En réalité il faut considérer différents problèmes qui compliquent très largement la reconstruction de la séquence, comme nous allons le voir. En premier lieu, la séquence d'origine peut contenir des répétitions indétectables à la lecture du spectre puisque le principe repose sur l'hybridation/non hybridation sur la puce ADN et ne permet pas de compter le nombre de copies d'un oligonucléotide donné. En second lieu, il y a les erreurs d'hybridation : les erreurs positives qui correspondent aux sondes qui sont hybridées (ou détectées comme telle), mais qui ne correspondent à aucun oligonucléotide de la séquence ; les erreurs négatives qui représentent des oligonucléotides absents du spectre bien qu'ils soient présents dans la séquence cible.

Le graphe représente l'espace de recherche celui-ci doit donc contenir implicitement ou explicitement les erreurs dans sa représentation afin que l'algorithme de reconstruction opère dans un espace de recherche qui contient la solution. La présence de répétitions éventuelles interdisant l'obtention d'une solution unique.

Pour cela, on commence par construire un $k-graphe$ (cf. figure 5.4) dans lequel :

- Les sommets sont les oligonucléotides du spectre ;
- Les arcs pondérés décrivent tous les recouvrements possibles entre les oligonucléotides. Leur pondération vaut $n-1$ pour n correspondant au nombre de décalages nécessaires pour obtenir le recouvrement.

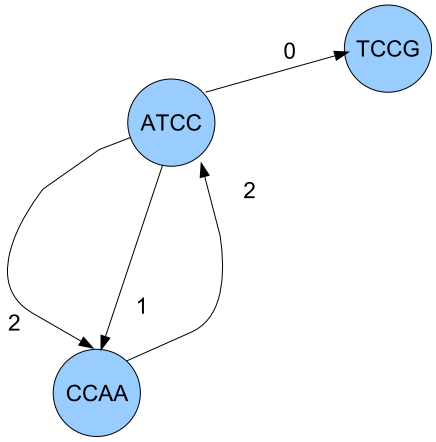


FIG. 5.4 – $k-graphe$ du spectre `ATCC, TCCG, CCAA`.

On en déduit alors un graphe appelé $SBH-graphe$ (cf. figure 5.5) :

- Les sommets sont les oligonucléotides du spectre et éventuellement ceux supposés manquants de la séquence d'ADN. Ces derniers traduisent des erreurs négatives potentielles qui sont matérialisées par les cercles jaunes ;
- Les arcs matérialisent les recouvrements obtenus par un unique décalage.

Le problème posé consiste alors à retrouver une séquence de bases qui satisfasse à certaines contraintes sur le nombre total de ses éléments constitutifs, mais également sur des bornes concernant le nombre d'erreur de chaque type. Cela se traduit alors sur le modèle à base de graphes, à explorer des chemins qui satisfont à des contraintes :

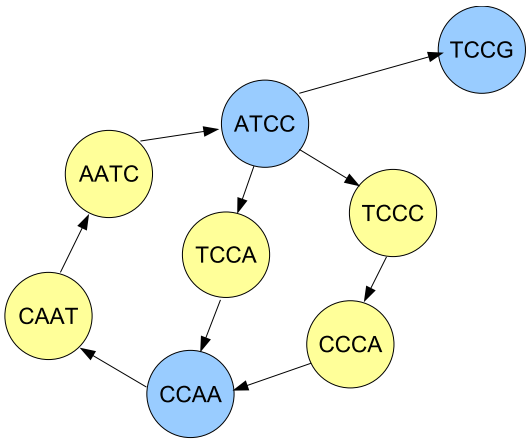


FIG. 5.5 – *SBH – graphe* du spectre `ATCC, TCCG, CCAA`.

- longueurs extrêmes bornées par des constantes,
- nombre d'erreurs négatives et positives également bornés.

Pour résoudre ce problème, une résolution distribuée modélisée par des castes de fourmis artificielles, appelé DiMAntS -Distributed Multi-castes Ant System [17, 19] a été défini :

- des fourmis exploratrices parcourent le graphe et y déposent leur chemin parcouru ;
- des nettoyeurs compressent les chemins en y identifiant les boucles et en construisant des expressions rationnelles afin de représenter de manière compacte et non restrictives les répétitions.

Ce processus de traitement par répartition de tâches permet d'obtenir, par une approche distribuée, les solutions possibles cherchées. Une implémentation a été effectuée par O. Douville dans le cadre de son stage de maîtrise d'informatique (cf. figure 5.6). Par ce travail, on montre comment des procédés d'intelligence collective développés par ailleurs dans le cadre de la détection d'organisation, peut permettre d'élaborer des méthodes de résolution de problèmes connexes.

5.3 Modélisation du système immunitaire

Le système immunitaire d'un organisme multicellulaire agit comme une défense contre les pathogènes, tels que les virus, les bactéries, les parasites, les cellules cancéreuses, et certains poisons.

Le système immunitaire constitue un exemple d'école concernant l'autonomie des systèmes vivants. Nous allons profiter de cette autonomie pour l'interroger sur son rôle et sur son fonctionnement[44].

[44]Le lecteur pressé pourra sans aucun doute sauter cette partie qui tente d'expliquer, sur un ton contestable, comment fonctionne le système immunitaire. J'ai toujours été émerveillé devant ce fonctionnement qui est encore un sujet de débat chez les immunologistes concernant le modèle.

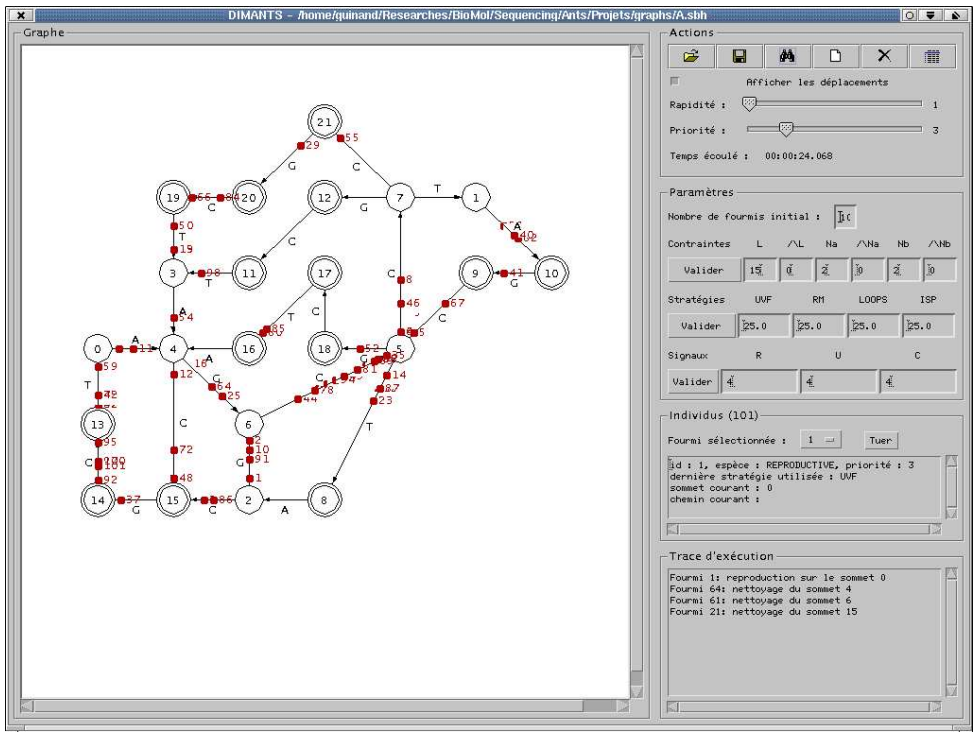


FIG. 5.6 – DiMAnts

Tout d'abord merci de répondre à mes questions. Peux tu me précisez que est ton rôle ?[45]

C'est bien normal tu m'héberges je te dois bien cela. Vois tu, tu vis dans un monde dangereux, ton environnement grouille de virus, de bactéries, de parasites et de champignons qui pourraient bien te tuer si je ne faisais pas attention. Mais rassure toi quand je suis en forme et que je fais correctement mon travail, je te protège de ces ennemis qui rodent. Imagine, ils sont là quand tu te coupes, mais aussi quand tu manges, quand tu respires. Malheureusement j'ai quelques ratés et quand tu vieillis je vieillis avec toi.

Si je m'observe bien tu te caches à l'intérieur de mon organisme !

Ne crois pas que je sois un planqué. Mais comme tous les militaires j'utilise des barrières et des protections. Alors avant que je ne me mette réellement au travail, il y a toutes sortes de systèmes, qui sont très efficaces et que tu connais bien. On appelle cela les barrières naturelles. On trouve dans ce groupe la peau, qui exerce une fonction d'exclusion de la plupart des micro-organismes et qui pourra aussi avoir une fonction d'information pour que je me mette au travail si le besoin s'en fait sentir. C'est pourquoi les brûlures, les plaies, les abrasions cutanées sont à l'origine d'infections, dans la mesure où cela correspond à une ouverture de la barrière que constitue la peau. Il

[45] Ce dialogue est librement inspiré d'un cours sur l'immunologie disponible à `http://srvlnx0.u-strasbg.fr/immunologie/eva/rubrique.php3?id_rubrique=30` consulté le 12/09/2006, merci à ses auteurs.

faut bien comprendre que la plupart des micro-organismes pénètrent dans le corps par l'épithélium (autrement dit la surface...) du nez et de la gorge, par l'intestin, par les poumons ou par les voies génito-urinaires.

Un certain nombre de symptômes pas toujours agréables, (vomissements et diarrhées, éternuements, larmoiement, toux et expectoration) sont essentiels pour expulser et éliminer les micro-organismes et les substances toxiques.

Bon d'accord excuse-moi mais si ces barrières sont inefficaces ou sont enfoncées que se passe t-il ?

C'est là que j'interviens, les premières troupes entrent en action et le mécanisme d'immunité naturelle non-spécifique fait intervenir des molécules, comme :

- Le système du complément (complément : groupe d'environ 20 protéines fabriquées dans le foie qui aide à la destruction des micro-organismes) ;
- Les interférons (ils «interfèrent» avec la multiplication des virus dans les cellules) ;
- Les phagocytes (macrophages et neutrophiles, qui phagocytent les germes pathogènes et les déchets cellulaires) ;
- les cellules NK (Natural Killer), qui peuvent détruire, sans attendre d'ordre particulier, les cellules cancéreuses, ou les cellules infectées par des virus ...

Tout ce mécanisme tente de te débarrasser des intrus mais il prépare également l'intervention future si nécessaire des troupes d'élites mettant en œuvre le mécanisme d'immunité spécifique qui lui, apprend de l'ennemi.

En quoi les réponses immunes spécifiques et les réponses immunes non spécifiques diffèrent-elles les unes des autres ?

Eh bien, les défenses non-spécifiques ne distinguent pas un germe d'un autre, alors que les défenses spécifiques te protègent de germes pathogènes particuliers. Et cette spécificité provient du fait que les cellules responsables sont différentes. En d'autres termes, l'immunité spécifique est sous la responsabilité de tes lymphocytes (globules blancs), qui eux, sont spécifiques. Ils vont reconnaître les antigènes.

C'est quoi un antigène ? ?

C'est toute molécule que je peux reconnaître. Ce qui veut dire aussi qu'un antigène n'est pas forcément «étranger» à l'organisme ... Toute molécule de ton corps est un antigène pour moi, système immunitaire. Ce qui ne veut pas dire que je vais réagir contre cet antigène. la «tolérance» peut entrer en jeu.

Il y a quelque chose que je ne comprend pas, une bactérie c'est bien plus qu'une molécule !

Tu as raison, en fait ce que je reconnais n'est qu'un morceau. La partie avec laquelle je suis en contact est une toute petite partie que l'on appelle le déterminant antigénique ou épitope (cf. figure 5.7).

Un antigène est tout ce qui fait réagir une cellule spécifique appartenant à mon système. Quand la cellule réagit, elle passe à l'action en fabriquant de nouvelles cellules et en sécrétant des cytokines ou des anticorps.

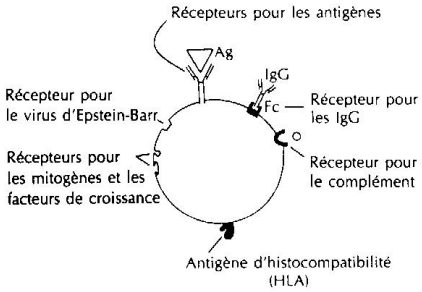


FIG. 5.7 – Protéines membranaires intervenant dans les communications intercellulaires.

En général les immunoglobulines reconnaissent et lient les antigènes intacts, ou de gros fragments dont la structure tertiaire est conservée. A l'opposé, les cellules T ne reconnaissent que les fragments (des peptides) des antigènes qui sont associés aux molécules codées par le complexe majeur d'histocompatibilité (CMH), molécules exprimées à la surface des autres cellules de l'organisme.

Les antigènes possèdent habituellement plusieurs déterminants qui peuvent être différents les uns des autres, ou être des structures répétitives. Virtuellement, toute la surface d'une protéine est potentiellement antigénique.

Bon d'accord je crois que je commence à comprendre, mais comment intervient la réponse immunitaire ?

Tout est basé sur une structure que l'on appelle la cellule. Les cellules sont la structure de base de tout organisme et ce sont d'ailleurs des systèmes, lors d'un prochain entretien tu pourra peut être leur demander comment elles fonctionnent. Les cellules de mon système sont toutes issues de la moelle osseuse. Tout d'abord les cellules immunitaires dans le sang s'appellent des leucocytes. Il y a trois types différents de globules blancs qui vivent dans le corps humain :

1. Le groupe le plus important de ces cellules est le groupe des granulocytes. Il y a trois sous-groupes de granulocytes, lesquels diffèrent par leur nombre et leur fonction.
   - Les neutrophiles, le sous-groupe le plus important de granulocytes, ne vivent pas longtemps ; ils ingèrent les corps étrangers (on dit que ce sont des phagocytes), les tuent et ensuite meurent.
   - Les éosinophiles agissent contre les parasites tels que les vers ; quand tu as une allergie on voit aussi leur nombre augmenter.
   - Les basophiles représentent 10% ou moins du nombre des globules blancs du sang. Les basophiles migrent vers les zones de blessures et libèrent de l'héparine et de l'histamine. Ces substances chimiques provoquent des inflammations, c'est d'ailleurs comme cela que tu peux facilement te rendre compte que je suis en action (rougeur, chaleur ou fièvre, douleur, grosseur ou gonflement).

2. Le second groupe de leucocytes est le groupe des lymphocytes. C'est d'eux que viennent les réponses immunes spécifiques. Chaque lymphocyte provient d'une cellule souche dans la moelle osseuse. En fait certains de ces lymphocytes s'y développent et on les appelle des cellules B (ou lymphocytes B, B pour Bone). D'autres lymphocytes, les cellules T (T pour Thymus) en l'occurrence, quittent la moelle osseuse et se développent pour devenir matures dans un organe que l'on appelle le thymus .
3. Le dernier groupe de leucocytes est celui des monocytes. Ce sont les moins nombreux, représentant à peu près 10% des globules blancs. Les monocytes se développent pour devenir des macrophages. Un macrophage est un phagocyte, ce qui veut dire qu'il engloutit et digère les micro-organismes. Certains macrophages sont fixés dans les tissus et ne circulent pas alors que d'autres macrophages sont libres de circuler dans le sang.

Comment tes troupes se déplacent elles ?

Mes et tes lymphocytes sont particulièrement mobiles. Ils se déplacent en utilisant deux réseaux de communication :

1. Ton système sanguin (artères, veines . . .)
2. Ton système lymphatique qui est responsable du drainage des tissus et du retour de l'exsudat dans le sang. Il remplit aussi le rôle de canal conduisant les antigènes depuis la périphérie jusqu'aux ganglions, et permettant la recirculation des lymphocytes et des macrophages.

Les lymphocytes constituent de 20 à 30% des globules blancs dans le sang. Ils circulent beaucoup, allant du sang aux ganglions et vice versa. Les lymphocytes en mouvement sont seulement une petite portion de l'ensemble de la population des lymphocytes. A tout moment, la plupart des lymphocytes dans notre corps (98%) se trouvent dans les ganglions et les autres organes du système immunitaire.

Comment fais tu pour reconnaître les antigènes ?

Je peux reconnaître les antigènes de deux façons différentes, selon les cellules qui s'en chargent :

– À l'aide des cellules B qui reconnaissent les antigènes natifs (c'est-à-dire tels qu'ils sont, sans modification...) grâce à leur récepteur de type immunoglobuline (anticorps) ;
– À l'aide des cellules T qui ont évolué de façon à reconnaître l'antigène provenant de l'intérieur d'autres cellules, grâce à leur TcR (récepteur des cellules T pour l'antigène).

Je crois avoir compris quelles étaient les forces en présence, comment elles détectaient l'ennemi et comment elles se déplaçaient mais si on parlait maintenant de stratégie.

Si je comprend bien ta question, tu veux savoir comment cela marche ?

Au cours d'une réponse immunitaire, on peut distinguer 3 phases (cf figure 5.8)

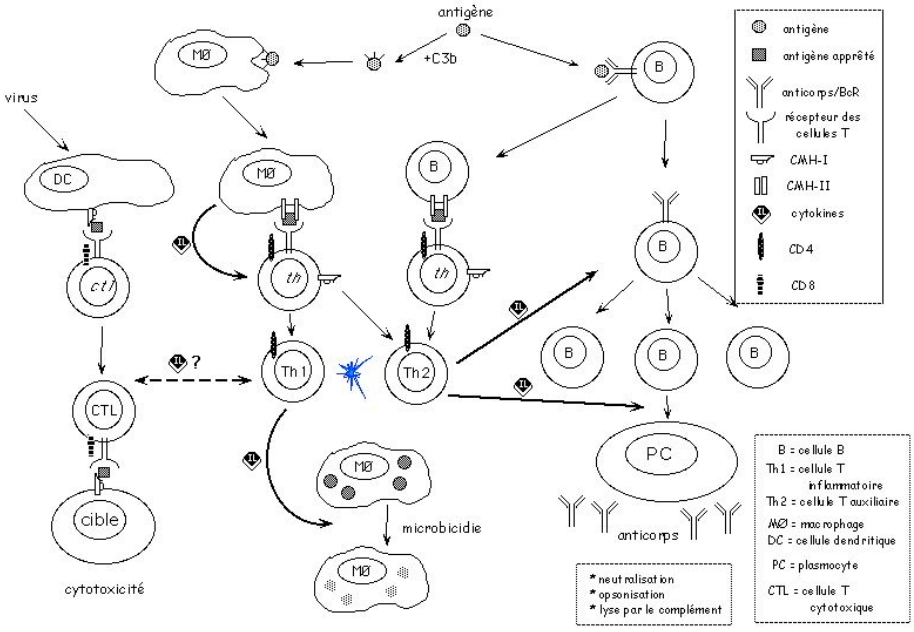


FIG. 5.8 – Réponse du système immunitaire.

1. La phase de reconnaissance. Elle correspond à une interaction non-covalente entre 2 molécules, l'une portant une information (antigène) et l'autre capable de recevoir cette information (récepteur). L'élément reconnu c'est le déterminant antigénique, ou épitope. Cette phase englobe toutes les relations entre les Cellules de Présentation de l'Antigène (CPA) et les lymphocytes T et B.
2. La phase d'activation. Après reconnaissance et traitement de l'antigène, les cellules vont communiquer par l'intermédiaire de molécules (cytokines) ou par contact direct (= coopération) et vont subir 2 types de changement : elles vont proliférer (expansion des clones spécifiques de l'antigène et donc amplification de la réponse), puis se différencier en cellules effectrices. Un mécanisme de mémorisation est mis en place permettant alors l'amplification et l'accélération de la réponse secondaire lors d'une attaque ultérieure.
3. La phase effectrice. Ce sont les mécanismes effecteurs de destruction et d'élimination de l'antigène, soit par action cellulaire (cytotoxicité, microbicidie) ou par l'action de molécules anticorps ou de médiateurs solubles cytotoxiques. Il faut inclure dans ces mécanismes effecteurs le système du complément.

J'espère que tu es sensible à cette stratégie, car si je suis bien informé tu retrouveras ce qui te tient à cœur, de nombreuses interactions où l'on retrouve coopération et compétition ainsi que des mécanismes d'adaptation d'apprentissage. Même si ton ego doit en souffrir, je suis un système com-

plexe et les systèmes complexes que tu peux essayer de construire sont bien loin de ce que je sais faire !

OK. Merci pour la leçon, est-ce que les réponses sont toujours les mêmes, quelque soit l'agent pathogène ou l'antigène ?

Non, on peut distinguer 3 types de réponses selon l'antigène :

1. Humorale. Les humeurs sont les liquides de l'organisme, ce qui veut dire que cette réponse peut être mesurée ou associée au sérum sanguin.
2. Cellulaire cytotoxique. Ce qui veut dire que je vais stimuler des cellules spéciales qui vont tuer l'agresseur.
3. Cellulaire inflammatoire, dans laquelle je vais m'arranger pour déclencher une sorte d'inflammation locale permettant de tuer les micro-organismes qui ont envahi une cellule.

	Humorale	Cytotoxique	Inflammatoire
Dirigée contre	Bactéries Champignons Virus (libres) Antigènes solubles	Virus (intracellulaires) Tumeurs Parasites Greffes	Parasites intracellulaires
Lymphocytes répondeurs	B	Tc	Th1
Mécanismes effecteurs	Anticorps sécrétés	Lyse des cellules cibles infectées	Activation des macrophages (microbicidie)

Chaque cellule B est spécifique d'un antigène et ne produit des anticorps que contre ce seul antigène. Chaque cellule T ne réagit qu'à un seul antigène, mais elles ne produisent pas d'anticorps, par contre elles vont aider les autres cellules, soit cellules B, soit T cytotoxiques, soit macrophages en difficulté parce qu'ils ont mangé des trucs qu'ils n'arrivent pas à digérer.

Tu sais que les mécanismes de collaboration m'intéressent peux-tu m'expliquer simplement comment les lymphocytes T et les lymphocytes B se mettent à travailler ensemble ?

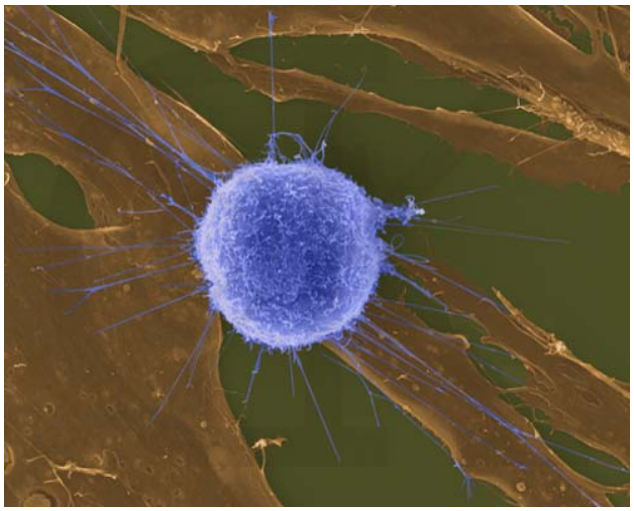
Le plus simple, pour que tu comprennes est de prendre un exemple. Un jour que tu travaillais dans le jardin tu t'es déjà piqué le doigt avec une épine de rosier, il s'est alors infecté avec une bactérie X. Un lymphocyte B spécifique de cette bactérie X l'a reconnue et a donc produit l'anticorps contre ce pathogène. L'anticorps a ensuite fixé l'antigène et a alors formé un complexe anticorps-antigène. Ensuite, un autre lymphocyte T, lui aussi spécifique à la bactérie X a indiqué aux autres lymphocytes B de passer à l'action. Ces cellules B se sont ensuite différenciées pour devenir des plasmocytes (cellules du plasma) et ont ensuite fabriqué plus d'anticorps contre l'infection. D'autres cellules, telles que les macrophages et les neutrophiles ont ingéré les complexes anticorps-antigènes qui en résultent.

Tu sais qu'en général les mécanismes de collaboration reposent sur des communications. Pour cela j'utilise des cytokines. Une cytokine est habituellement un facteur de croissance ou un facteur qui pousse les cellules à se transformer (en général à devenir matures). Si une cellule T veut alerter d'autres cellules immunitaires de la présence d'un corps étranger, elle va émettre une

cytokine. Les cellules qui possèdent un récepteur propre à cette cytokine vont recevoir le message et répondre en conséquence. Tout ce processus correspond à la sélection clonale.

Tu m'as déjà parlé des mécanismes inflammatoire mais peux tu m'expliquer rapidement l'immunité cellulaire, s'il-te-plait.

Eh bien, quand tu attrapes la grippe, cette maladie est causée par un virus. Les virus vivent à l'intérieur des cellules humaines et les anticorps n'ont donc aucun effet contre les cellules infectées par des virus. Il faut donc que j'utilise d'autres cellules comme les lymphocytes T cytotoxiques (Tc) (cf. figure 5.9) ou les cellules tueuses naturelles (cellules NK). Elles ont la capacité de tuer les cellules infectées par des virus. Les Tc spécifiques de la grippe vont se mettre à la recherche des cellules infectées par la grippe et les tuer, par exemple.



© Dennis Kunkel Microscopy, Inc.

FIG. 5.9 – Lymphocyte T attaquant une tumeur.

Bon je vais te quitter, merci pour toutes ces informations. Je vais maintenant m'attaquer à ta modélisation pour mieux comprendre ta dynamique.

Tu veux faire quoi ? Me modéliser et me simuler, alors que je ne t'ai pas encore livré tous mes secrets !

C'est vrai, le modèle sera bien imparfait, mais ce qui m'intéresse surtout ce sont tes propriétés et la métaphore que tu m'offres. Je sais que tu sera toujours là, à bientôt.

5.3.1 Les différents modèles

Un certain nombre de modèles sont proposés dans la littérature pour représenter le fonctionnement du système immunitaire. Ces modèles tentent d'expliquer en particulier

comment se déclenche la réaction du système immunitaire ainsi que la mémorisation. En effet pourquoi tel ou tel élément est perçu comme un antigène et pourquoi ce n'est pas le cas de nos propres cellules ? Comment expliquer la permanence d'anticorps spécifiques ? Plusieurs réponses sont possibles : persistance d'une production en faible quantité de l'antigène ; création de lymphocytes B ou T vivant plusieurs années ou encore auto-entretien des anticorps dans un réseau autopoiètique *etc.* Voila le type de questions auxquelles sont amenés à répondre les immunologistes.

Actuellement trois modèles se dégagent en particulier :

1. La théorie du soi et du non-soi ;
2. La théorie du danger ;
3. La théorie du réseau idiotypique.

Même si nous allons les présenter indépendemment, ils ne sont pas obligatoirement en opposition.

Le modèle du soi et du non-soi

Le principe du modèle du soi et du non-soi a été formulé par [Burnet and Fenner, 1941]. Selon eux un organisme déclenche une réaction immunitaire contre toute entité qui lui est étrangère (non-soi), alors qu'il tolère toute entité qui lui est propre (soi). Tout ce qui déroge à ce principe est considéré comme une exception, par définition rare.

Un phénomène de sélection des lymphocytes T [Kappler et al., 1987], s'effectue donc au cours de leur différenciation dans le thymus ce qui a pour effet de limiter la production de lymphocytes T auto-réactifs. Seuls des lymphocytes pas ou faiblement auto-réactifs sont libérés dans la circulation (ces lymphocytes sont susceptibles de reconnaître avec une plus forte affinité des antigènes étrangers). Plusieurs millions de nouveaux lymphocytes sont produits chaque jour, mais près de la moitié sont détruits au cours du processus d'éducation thymique. Avec ce mécanisme de sélection négative les seuls lymphocytes T subsistant sont ceux qui reconnaissent le non-soi et des éléments comme l'eau, la nourriture les bactéries du système digestif ...

Le modèle du soi et du non-soi est largement contesté pour plusieurs raisons. Le terme «soi» se révèle, à l'analyse, particulièrement équivoque et imprécis. Le soi immunitaire oscille suivant les auteurs entre quatre définitions : l'organisme dans son ensemble, le génome de l'individu, l'ensemble des peptides présentés aux immunocytes lors de leur maturation et, tautologie, ce qui ne déclenche pas de réaction immunitaire. De plus, les données expérimentales semblent infirmer cette hypothèse, plusieurs équipes ont montré, depuis les années 90, que les lymphocytes T ne survivent lors de la sélection lymphocytaire que s'ils réagissent faiblement au soi (et non s'ils n'y réagissent pas du tout), et qu'ils ne survivent ultérieurement dans l'organisme que s'ils sont continûment stimulés par des constituants du soi [Freitas and Rocha, 1999]. Ajoutons à cela les cellules T régulatrices qui régulent l'intensité d'autres cellules immunitaires [Chatenoud et al., 2001], et tout ce qui touche à la tolérance immunitaire [Hooper and Gordon, 2001], ces derniers points étant en contradiction avec la théorie (du soi et non-soi).

La théorie du danger

Selon [Matzinger, 1998] les pathogènes ne seraient pas eux-mêmes détectés mais plutôt les dégâts qu'ils induisent chez l'hôte, comme par exemple la nécrose des cellules. La réponse immune est provoquée par tous les agents susceptibles d'entraîner des destructions tissulaires nécrotiques et inflammatoires. Ce n'est donc plus le caractère étranger d'un constituant qui déclenche la réponse immunitaire, mais sa capacité à provoquer une mort cellulaire anormale. En revanche, si les cellules meurent par apoptose et sont phagocytées par les macrophages, il n'y aura pas de réponse immune dirigée contre elles. Selon cette hypothèse, le système immunitaire réagit donc à ce qui est dangereux pour l'organisme. Il est certain que du point de vue évolutif, être capable d'identifier une agression dangereuse pour l'organisme est plus important que de faire la distinction entre le soi et le non-soi. La question qui se pose est quels signaux et comment sont-ils transmis ? Matzinger attribue un rôle essentiel à l'immunité innée. Elle suggère qu'une réponse innée «primitive», appartenant aux tissus, a précédé le système immunitaire inné et adaptatif et que, au cours de l'évolution, les tissus ont acquis la capacité d'envoyer des signaux de détresse s'ils sont gravement altérés. Ces derniers appartiennent à deux catégories : les signaux prêts à l'emploi et les signaux inductibles. L'intérêt du premier groupe est de permettre à une cellule qui meurt d'envoyer instantanément un signal d'alarme. La seconde catégorie correspond à des substances synthétisées par les cellules soumises à des agressions (irradiation, chaleur, infection).

Le réseau idiotypique

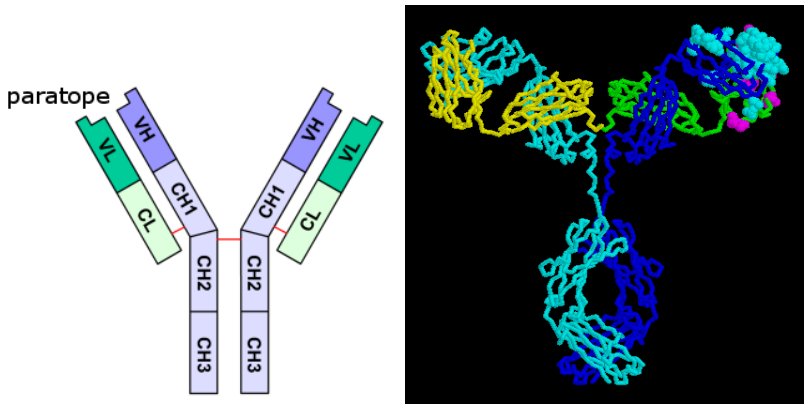
Cette théorie a été initiée par les travaux de [Jerne, 1974]. Il propose une interprétation du système immunitaire comme un système auto-centré[46] basé sur les interactions entre les différents constituants (lymphocytes, macrophages, ...), les communications s'effectuant par l'intermédiaire des interleukines [Tauber, 2000]. Avec ce modèle, on s'écarte ainsi du modèle où les anticorps sont avant tout une réponse antagoniste. Selon cette théorie, les anticorps d'un individu, en formant un véritable réseau, interagissent entre eux de façon permanente. Les éléments du système immunitaire réagissent prioritairement soit entre-eux avec par exemple les cellules T, soit aux constituants de l'organisme ceci sans déclencher de réponse immunitaire effectrice, sauf dans le cas des maladies auto-immunes. La réaction immunitaire fait suite alors à une perturbation du système et ce n'est pas la réponse à l'intrusion d'une entité relevant du «non-soi».

Pour bien comprendre le fonctionnement du réseau idiotypique, il nous faut maintenant rentrer un peu plus dans les détails. Ainsi dans le cas d'antigènes protéiques, on nomme épitope ou déterminant antigénique la partie de l'antigène reconnue par un anticorps ou un récepteur lymphocytaire. Un même antigène peut comporter plusieurs épitopes (identiques ou différents) et ainsi provoquer une réponse immunitaire variée. Il existe des épitopes séquentiels, correspondant à une séquence d'acides aminés, et des épitopes conformationnels, liés à la structure de la protéine et donc sensibles à la dénaturation. La reconnaissance de l'antigène par les lymphocytes dépend de la nature de l'épitope. Les

[46] *idios.*

lymphocytes B se lient directement aux épitopes conformationnels grâce aux immunoglobulines de leur membrane. Les lymphocytes T eux reconnaissent les épitopes séquentiels présentés par les cellules présentatrices d'antigène. Le réseau va donc être constitué par les lymphocytes B.

Les anticorps sont formés de 4 chaînes polypeptidiques : 2 chaînes lourdes (H pour heavy, en violet sur la figure 5.10(a)) et 2 chaînes légères (L pour light, en vert) qui sont reliées entre elles par un nombre variable de ponts disulfures (en rouge) assurant une flexibilité de la molécule. Ces chaînes forment une structure en Y et sont constituées de domaines globulaires de 110 acides aminés environ. Chaque molécule est un dimère symétrique en forme de «Y». Les deux moitiés d'une immunoglobuline (anticorps) sont identiques.



(a) Schéma d'un anticorps. D'après `http://fr.wikipedia.org/wiki/Image:Anticorps.png` (consulté le 5/10/2006).

(b) Structure moléculaire d'un anticorps

FIG. 5.10 – Anticorps

Les domaines constants sont caractérisés par une séquence en acides aminés très proche d'un anticorps à l'autre. Chaque chaîne légère en possède un exemplaire noté CL. Les chaînes lourdes comportent, selon la classe d'anticorps, trois ou quatre domaines constants CH1, CH2, CH3 et CH4. Les domaines constants ne sont pas impliqués dans la reconnaissance de l'antigène, mais interviennent dans l'activation du système du complément. Ils possèdent également des sites de liaison aux cellules immunitaires. Un antigène possède quatre domaines variables situés aux extrémités des deux «bras». L'association entre un domaine variable porté par une chaîne lourde (VH) et le domaine variable adjacent porté par une chaîne légère (VL) constitue le paratope, site de reconnaissance de l'antigène. Ainsi, une molécule d'immunoglobuline possède deux sites de liaison à l'antigène, un au bout de chaque bras. Ces deux sites sont identiques, d'où la possibilité de lier deux molécules d'antigène par anticorps. Les anticorps et antigènes possèdent donc des sites de reconnaissance moléculaire, paratope et épitope respectivement. Un anticorps régit spécifiquement avec un antigène complémentaire en formant un complexe $Ab - Ag$.

En 1963, H. Kunkel et J. Oudin [Oudin and Michel, 1963] observèrent indépendamment que des anticorps obtenus chez un premier animal et injectés à un second animal provoquaient chez ce dernier la formation d'anti-anticorps comme si les premiers anticorps se comportaient comme des antigènes. Ils proposèrent d'appeler idiotype l'ensemble des déterminants antigéniques d'un anticorps. Tout anticorps porte donc un idiotype, y compris les anti-anticorps. Ces anti-anticorps se comportent donc eux-mêmes comme des antigènes, provoquant la formation d'anti-anti-anticorps. S'il existe la moindre boucle rétroactive limitant la production excessive d'un anticorps, cette rétroaction doit jouer aussi sur les anticorps anti-idiotypiques. N. Jerne fit alors l'hypothèse qu'il y avait là un mécanisme puissant d'auto-régulation, d'autant plus puissant que les lymphocytes sont porteurs en surface des mêmes idiotypes que les anticorps ; à l'autorégulation des anticorps, s'associe une autorégulation de la prolifération des lymphocytes. On se trouve dans la situation d'un réseau d'interactions avec auto-régulation :

- la formation spontanée des anticorps débute tôt durant le développement embryologique, avec l'apparition des lymphocytes.
- anticorps et lymphocytes étant porteurs d'idiotypes provoquent immédiatement la formation d'anticorps anti-idiotypiques qui freinent la production des premiers anticorps. Mais ce freinage lui-même et la formation d'anticorps anti-anti-idiotypiques limite la production des anti-idiotypes et les premiers anticorps ne disparaissent pas totalement.
- il s'établit donc spontanément un réseau d'interactions qui assure le renouvellement a minima de tous les anticorps formés.

Le système immunitaire dans cette approche est vu comme un système auto-organisé alors que dans la théorie du soi et du non-soi il n'est vu que comme un système «fermé» à l'extérieur. En effet, on considère dans cette hypothèse qu'après une brève période embryonnaire et éventuellement post-natale, le système immunitaire est défini et réagit à tout ce qui est étranger.

Nous n'avons pas compétence néanmoins pour trancher, mais dans ce qui suit nous proposons une modélisation du système immunitaire s'appuyant sur le modèle de Jerne, qui reprend en partie les travaux de [Stewart and Varela, 1994]. Notre motivation est essentiellement d'étudier le modèle pour mettre en évidence ses propriétés, en particulier sa criticalité auto-organisée et éventuellement par la suite l'utiliser en tant que métaphore dans des approches de type systèmes immunitaires artificiels. Néanmoins l'étude du modèle peut éventuellement aider à mieux comprendre la biologie.

5.3.2 Simulation d'un réseau idiotypique

Plusieurs propositions [Farmer et al., 1986, Carneiro and Stewart, 1995] ont déjà été faites pour modéliser le système immunitaire et en particulier les interactions entre les différentes cellules. Les travaux de Farmer *et al* prennent en compte la description faite par [Jerne, 1974] et mettent en évidence les mécanismes de mémorisation, ceux de Carneiro et Stewart sont par contre plutôt orientés vers la notion du soi et du non-soi. C'est donc la direction des premiers que nous avons choisi pour construire notre simulation.

La stimulation d'un lymphocyte B dépend donc des interactions, avec les autres lymphocytes du réseau et les antigènes et elle prend un compte un facteur de mortalité. Le niveau de stimulation permet de savoir si la cellule survit ou non.

$$stimulation = c\lfloor(\text{anticorps reconnus}) - (\text{on me reconnaît}) + (\text{antigène reconnu})\rfloor - (\text{mort})$$

$$stimulation = c\lfloor\sum_{j=1}^{N} m_{ji}x_i x_j - k_1 \sum_{j=1}^{N} m_{ji}x_i x_j + \sum_{j=1}^{n} m_{ji}x_i y_j\rfloor - k_2 x_i \tag{5.1}$$

Dans laquelle :
- c est un taux constant
- N est le nombre d'anticorps, n le nombre d'antigènes.
- x_i,x_j est la concentration respective des anticorps i et j
- y_j est la concentration en antigènes j
- k_1 est une constante de l'effet de suppression, k_2 est le taux de mortalité.
- m_{ij} est la fonction d'affinité entre un anticorps i et une autre entité j.

Le réseau idiotypique est projeté dans un espace de forme (cf. figure 5.11). Dans un espace de forme, une dimension donnée correspond à une propriété stéréochimique caractéristique d'un site de combinaison épitope-paratope. Cela permet d'avoir une reconnaissance qui se fait à l'aide d'un voisinage propre à chaque anticorps, lorsqu'un antigène se trouve dans ce voisinage, il est reconnu. L'affinité est alors inversement proportionnelle à la distance. Un anticorps est également recruté par le réseau si sa stimulation appartient à un intervalle donné.

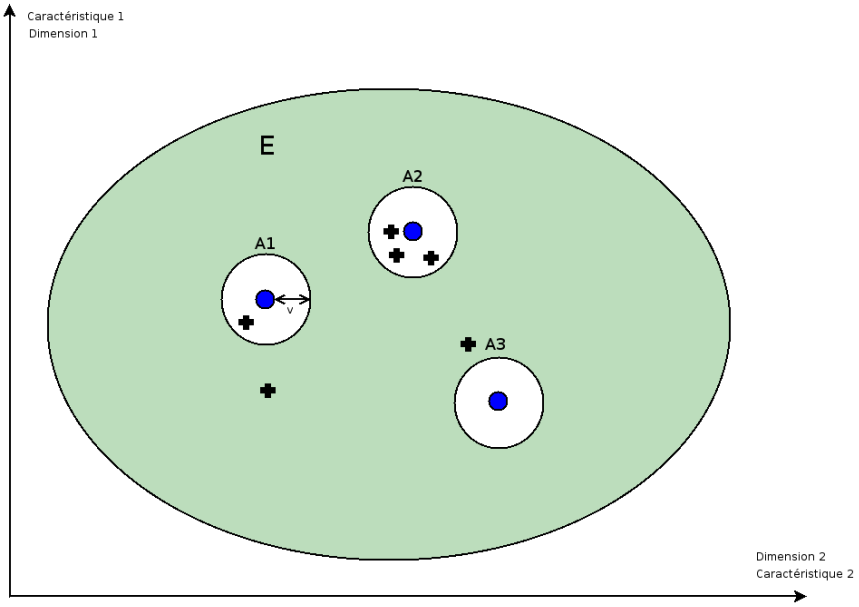


FIG. 5.11 – Espace de forme à deux dimensions

5.3.3 Principes généraux du modèle

Dans des travaux [Stewart and Varela, 1994] montrent certaines qualités cognitives du réseau idiotypique. Pour cela, ils ont réalisé une simulation informatique et proposent un modèle que nous avons repris et complété.

Leur modèle utilise un espace de formes représentant les p paramètres stéréochimiques de chaque molécule. Ces p paramètres impliquent un espace à p dimensions dont chaque coordonnée correspond à un paramètre. Dans la simulation du système immunitaire, ces paramètres correspondent au codage de chaque site actif des immunoglobulines. Dans cet espace, deux immunoglobulines semblables sont très proches. D'un autre côté, des immunoglobulines en interactions (affinités entre leurs sites chimiques) seront représentées par des points de l'espace proches mais appartenant à des plans différents. Les interactions ou affinités ne pouvant se faire que de plan à plan. Ces affinités sont définies comme suit :

$$m_{ij} = e^{-d_{ij}^2} \tag{5.2}$$

m_{ij} est l'affinité et d_{ij} la distance dans l'espace de forme. La distance utilisée est la distance euclidienne, mais une distance de type Manhattan peut également être considérée. Dans ce modèle, les clones sont soit présents soit absents, il n'y a pas de prolifération ni d'expansion clonale. Chaque lymphocyte présent dans le système subit un champ qui correspond à la somme des affinités du plan opposé. Pour un plan p donné :

$$h_i = \sum_{k=1,k\neq p}^{P-1} \sum_{j=1}^{N_k-1} m_{ij} \tag{5.3}$$

h_i est la stimulation reçue par l'anticorps i qui appartient au plan p, P est le nombre de plans et N_k le nombre d'anticorps pour un plan k.

On considère les différents plans comme des tores. La simulation est initialisée en introduisant au centre d'un plan choisi aléatoirement un anticorps, ensuite d'autres anticorps sont présentés au recrutement et sont introduits dans le système si la *stimulation* appartient à la fenêtre de recrutement fixée. Cette phase de développement est détaillée dans l'algorithme 5.1 qui se termine si le système devient stable.

Certains systèmes s'effondrent parfois suite à la disparition d'un anticorps en particulier celui qui subit la plus forte stimulation. Pour offrir de la liberté au système tous les plans et toutes les positions sont choisies aléatoirement.

Suivant la valeur des bornes le système présente différentes caractéristiques :

- N'importe quelle configuration initiale conduit à un état homogène. Le réseau ne se maintient pas et disparaît ou bien les lymphocytes remplissent l'espace de façon aléatoire sans organisation apparente (cf. figure 5.12).
- Des structures périodiques émergent (cf. figure 5.13).
- Le système présente de l'auto-organisation (cf. figure 5.14). Tout d'abord la population de lymphocytes augmente de façon peu organisée et l'organisation croit au fur et à mesure de l'introduction des lymphocytes jusqu'à devenir stable et robuste face à l'introduction des antigènes.
- Le système est auto-organisé mais présente en plus une criticalité auto-organisée caractérisée par des avalanches de tailles variables (cf. figure 5.15). Elles se pro-

Algorithme 5.1 : Principe du développement

```
début
    Introduction du premier lymphocyte ;
    Évolution ← VRAI ;
    tant que Évolution faire
        Évolution ← recrutementLymphocyte();
        /* cf. algo. 5.2                                          */
        Calculer les interactions des lymphocytes dans les différents plans ;
        Suppression (éventuelle) d'un lymphocyte dont la stimulation n'appartient
        pas à la fenêtre de recrutement ;
        /* On propage la perturbation                             */
        tant que il y a suppression d'un lymphocyte faire
            Calculer les interactions des lymphocytes dans les différents plans ;
            Suppression (éventuelle) d'un lymphocyte dont la stimulation
            n'appartient pas à la fenêtre de recrutement ;
fin
```

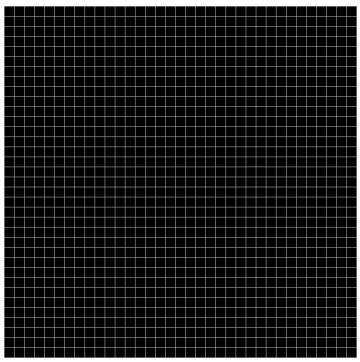
Algorithme 5.2 : Mécanisme de recrutement : **recrutementLymphocyte()**

```
tant que il existe des candidats faire
    Sélectionner aléatoirement un lymphocyte dans la population de candidats ;
    Sélectionner aléatoirement un plan ;
    tant que il existe un plan opposé faire
        Calculer les interactions du lymphocyte avec chaque plan opposé ;
        si il peut être recruté alors
            insérer l'anticorps dans le système;
            retourner VRAI ;
        fin
        Sélectionner aléatoirement un nouveau plan opposé ;
    fin
    Sélectionner aléatoirement un nouveau candidat ;
fin
retourner FAUX ;
```

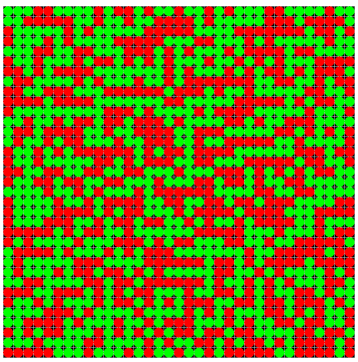
duisent durant la phase de développement, mais également lors de l'introduction des antigènes.

La figure 5.14 montre un développement présentant de l'auto-organisation dans un espace de forme de dimension deux. Chaque couleur représente un plan complémentaire, il y en a ici quatre. Au début, le système se développe à partir du centre du plan et devient stable à l'itération 898. La figure 5.16 montre l'évolution du nombre de lymphocytes par plan et la population globale pour le précédent exemple.

Les systèmes critiques auto-organisés [Bak et al., 1987, Bak et al., 1988] modélisent une situation dans laquelle des contraintes sont accumulées localement jusqu'à un point de rupture : la relaxation de la contrainte induit alors en général un phénomène de réaction

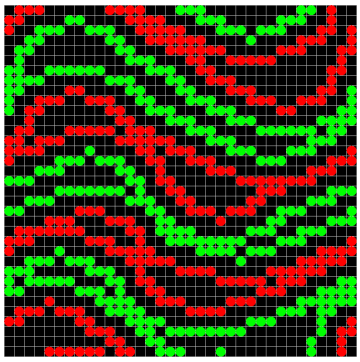


(a) Le réseau ne se maintient pas

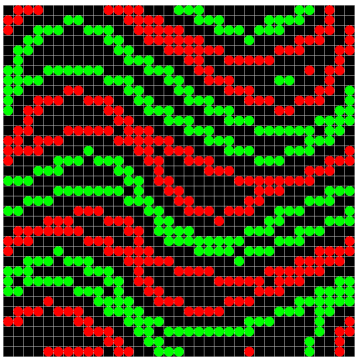


(b) Envahissement de tout l'espace

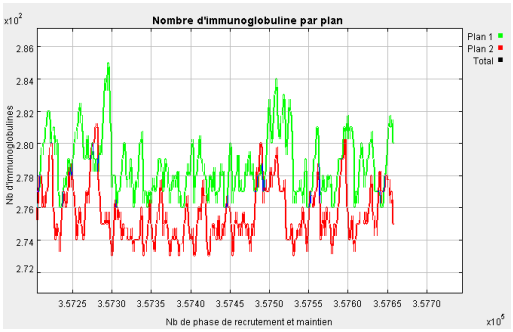
FIG. 5.12 – Conditions extrêmes de développement du réseau idiotypique.



(a) Itération n



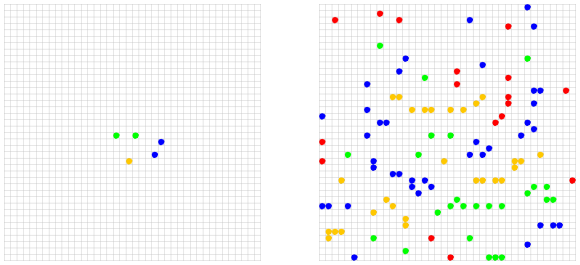
(b) Itération $n + \alpha$



(c) Nombre d'immunoglobulines par plan en fonction du nombre de phases de recrutement et de maintien

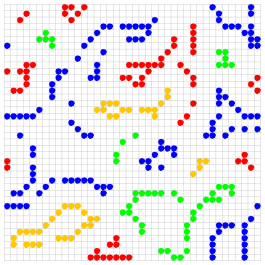
FIG. 5.13 – Configuration stable mais oscillante du réseau idiotypique.

en chaîne ou avalanche qui se propage sur une échelle plus ou moins grande. Par ailleurs, moyennant que les contraintes soient appliquées sur une échelle de temps suffisamment lente, on observe que la taille des avalanches est statistiquement distribuée selon une loi de puissance tronquée. Le point de rupture est un point critique comme ceux que l'on observe

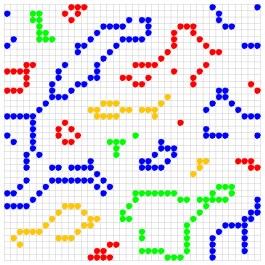


(a) Itération 5

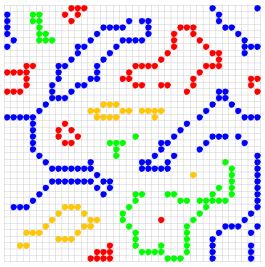
(b) Itération 140



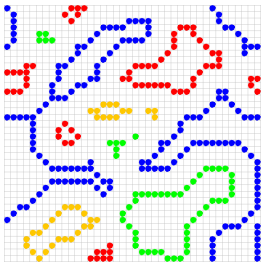
(c) Itération 293



(d) Itération 493

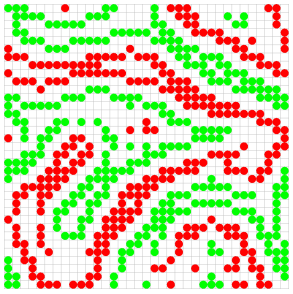


(e) Itération 672

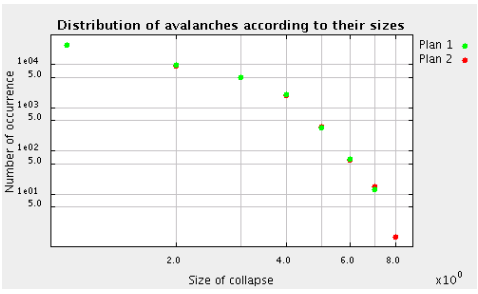


(f) Itération 898

FIG. 5.14 – Développement d'un réseau idiotypique avec auto-organisation.



(a) Système instable présentant des avalanches.



(b) Nombre d'avalanches en fonction de leurs tailles (échelle logarithmique).

FIG. 5.15 – Criticalité auto-organisée d'un réseau idiotypique.

dans les systèmes critiques avec changement de phases, mais contrairement à ces derniers ceci n'est pas obtenu avec un paramètre de contrôle mais un effet de l'auto-organisation. Le résultat que nous présentons (figure 5.15), n'est certes pas une loi de puissance mais

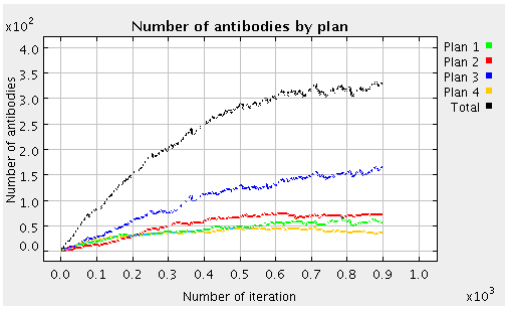


FIG. 5.16 – Évolution du nombre de lymphocytes pour chacun des plans durant le développement

bien une distribution en fonction de la taille des avalanches.

Introduction d'antigènes

On introduit dans le système un antigène ou plusieurs antigènes. Ils ne subissent pas la phase de maintien ou de recrutement. L'introduction modifie les champs et change les stimulations des lymphocytes voisins et influence donc localement la configuration du réseau. Un autre aspect est que plus l'exposition de l'antigène est longue plus le système est modifiée et réciproquement peu d'exposition modifie faiblement la configuration. La durée d'exposition correspond au nombre d'itérations. La mémorisation s'effectue donc en fonction de l'exposition et se traduit par une déformation du réseau.

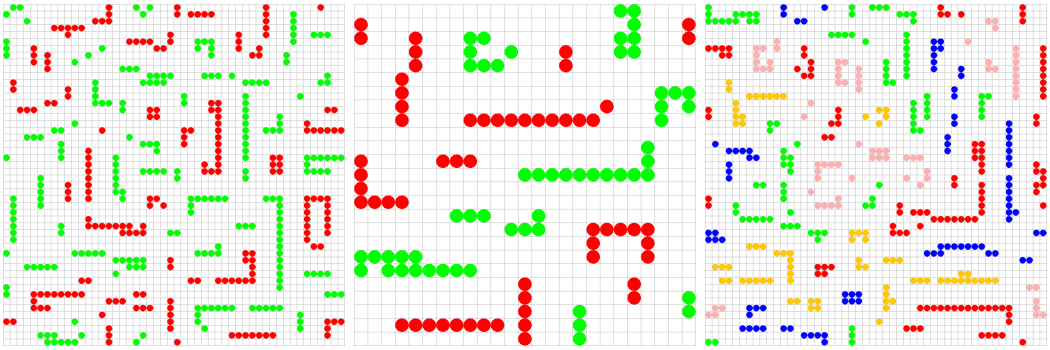
Classification

Quand on étudie le développement de la simulation du réseau idiotypique, il est difficile de ne pas faire le parallèle avec les automates cellulaires. Le modèle est en effet très proche des automates cellulaires continus. On peut dégager plusieurs classes [Wolfram, 1984] qui dépendent ici de la fenêtre de recrutement. Notre propos n'est pas de proposer une nouvelle classification, néanmoins il nous semble intéressant de mettre en évidence l'influence des bornes en particulier sur l'existence ou non d'auto-organisation. On recherche donc :

- Les systèmes ne se développant pas ;
- Les systèmes se développant mais qui ne se maintiennent pas ;
- Les systèmes se développant et qui se maintiennent, autrement dit auto-organisés.

Tout d'abord on constate que le nombre de plans et la taille n'ont pas d'influence sur les formes émergentes pour des bornes identiques ($b_{min} = 36.10^{-9}, b_{max} = 36.10^{-8}$) comme le montre la figure 5.17.

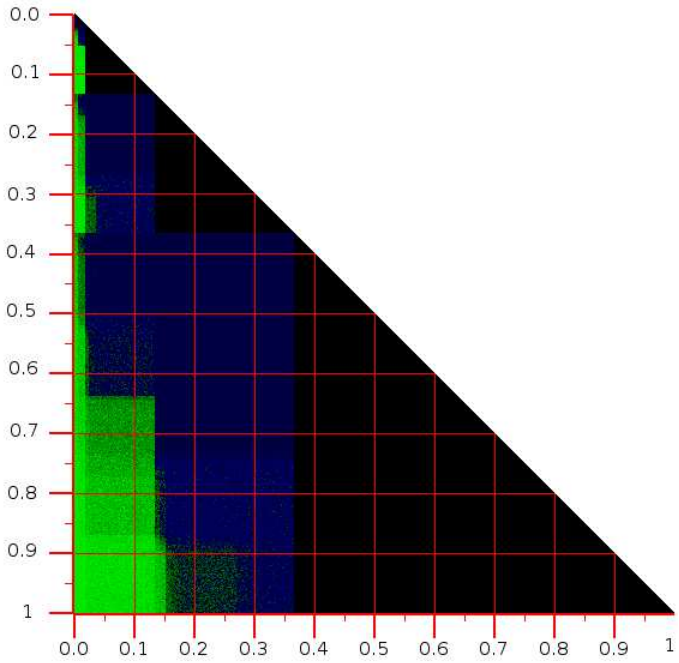
Nous avons tracé des cartes de comportements afin de déterminer les bornes pour lesquelles un réseau auto-organisé apparaît. Le bleu correspond aux systèmes qui ne se maintiennent pas, le vert représente les systèmes qui se maintiennent et le noir les systèmes qui ne se développent pas, ceci pour un nombre de plans et une taille donnés. L'inten-



(a) 2 plans, 50×50 (b) 2 plans, 100×100, vue partielle (c) 5 plans, 50×50

FIG. 5.17 – Morphologies très voisines avec les mêmes bornes.

sité[47] représente la vitesse de convergence vers l'état donné en fonction de la couleur. Les résultats sont lissés par plusieurs simulations.



b_{min} en abscisse, b_{max} en ordonnée, 2 plans, 25×25.

FIG. 5.18 – Carte de comportement $b_{min}, b_{max} \in [0, 1]$.

[47]Si cette représentation peut sembler adaptée à une visualisation sur écran durant les simulations, il n'en est pas de même sur un document ...

5.4 Épidémiologie et résistance aux antibiotiques

La résistance aux antibiotiques est la capacité d'un micro-organisme à résister aux effets des antibiotiques. Elle se développe par mutation ou échanges de gènes de résistances entre les bactéries. Si une bactérie est porteuse de plusieurs gènes de résistance pour différents antibiotiques, elle est alors multirésistante. La résistance aux antibiotiques est la conséquence de l'évolution par sélection naturelle. L'action de l'antibiotique exerce une pression sélective dans l'environnement ; les bactéries présentant une mutation leur permettant de survivre continuent de se reproduire. Elles transmettent à leur descendance leur gène de résistance et donnent une génération de bactérie pleinement résistante. C'est donc réellement un problème de santé publique car à peine cinquante ans après la découverte des antibiotiques nous en avons rendu certains inopérants face à certaines bactéries.

Les bactéries résistantes sont particulièrement présentes dans les problèmes des infections nosocomiales. Notre travail a consisté à proposer et étudier un modèle de contamination et de transmission des caractères de résistance au sein d'un hôpital. Avant d'exposer le modèle et les résultats nous allons tout d'abord expliquer les mécanismes de transmission de la résistance aux antibiotiques chez les bactéries.

5.4.1 Mécanismes de résistance

Il faut tout d'abord bien distinguer la résistance naturelle ou intrinsèque et la résistance acquise. La première est présente dans toutes les souches de l'espèce considérée et préexiste à l'usage des antibiotiques. Elle constitue une caractéristique propre à l'espèce et délimite le spectre d'activité des antibiotiques. En revanche, la résistance acquise n'est présente que chez quelques souches d'une espèce et elle est le résultat d'une forme d'apprentissage chez les bactéries.

La question qui se pose est donc comment les bactéries ont-elles appris à résister à des antibiotiques ? Nous l'avons déjà évoqué, c'est par l'intermédiaire d'un mécanisme de pression/sélection qui est le résultat en particulier de l'abus des antibiotiques dans le secteur médical mais aussi des patients qui interrompent leur traitement et de l'utilisation d'antibiotiques dans la nourriture animale.

Comme tous les autres êtres vivants les bactéries s'adaptent aux modifications de leur environnement et les bactéries présentent deux formes de matériel génétique : les chromosomes et les plasmides. La résistance va s'exprimer par leurs intermédiaires.

La première forme de résistance peut être le résultat d'une mutation qui survient sur le chromosome bactérien, dans ce cas, la résistance est transmise uniquement à la descendance, on parle de transmission verticale. La mutation confère un caractère de résistance vis-à-vis d'un antibiotique donné. Les bactéries sensibles meurent, la bactérie résistante survit et donne des clones résistants. Cette forme est rare car peu probable, c'est de l'ordre de une sur 10 à 100 millions de multiplications. Ce taux extrêmement faible rend d'autant plus impossible la multirésistance par cette cause. Par exemple, si l'on considère une bactérie résistante à quatre antibiotiques et qu'une mutation apparaît tout les 10^6 réplications, il faut la bagatelle de 10^{24} duplications pour obtenir les quatre mutations simultanément !

Concernant la résistance d'origine extrachromosomique, la bactérie acquiert une information génétique provenant d'une autre bactérie déjà résistante. Dans ce cas, la résistance se transmet aussi d'une bactérie à l'autre (transmission horizontale) et d'une espèce à l'autre.

Le mécanisme le plus probable se fait par l'intermédiaire des plasmides. Ce sont des éléments génétiques accessoires formés de doubles brins d'ADN, refermés sur eux-mêmes en cercle de petite taille et capable de se dupliquer seuls. Il peut y avoir éventuellement plusieurs millier de copies d'un plasmide dans une bactérie. Ces plasmides peuvent porter entre trois et trois cents gènes supplémentaires. Les informations portées par les plasmides offrent au micro-organisme des fonctionnalités nouvelles qui ne sont pas dans son répertoire chromosomique, par exemple l'adhérence au tractus gastro-intestinal mais aussi malheureusement la résistance aux antibiotiques. Le procédé utilisé est une conjugaison. Un plasmide portant un facteur de résistance est transféré à une bactérie sensible. L'acquisition de ce plasmide confère la résistance. La conjugaison mérite d'être décrite car c'est un phénomène étonnant. La bactérie qui contient le plasmide développe un filament protéique, le pilus, qui assure la liaison avec une autre bactérie. Une fois le contact établi le pilus rapproche les deux bactéries jusqu'à ce qu'elles se touchent. Le micro-organisme donneur duplique ses plasmides et transmet ses copies à la seconde. Certains plasmides ne sont pas transférables et vont utiliser des plasmides transférables comme des vecteurs. Je ne peux résister à la tentation de décrire une autre forme de transmission des plasmides, car comme dans le cas des fourmis elle va mettre en jeu des phéromones. Une des bactéries produit une phéromone qui attire une autre bactérie, une fois en contact il semblerait qu'il y ait fusion des membranes et libre circulation des éléments cellulaires, dont les plasmides. La phéromone attire des bactéries de la même famille, mais également d'autres bactéries sensibles aux phéromones. C'est le cas des entérocoques, des streptocoques mais aussi des staphylocoques. Il est très étonnant de constater que ce système de reproduction ou plus exactement favorisant la reproduction soit présent aussi bien chez les insectes, les poissons, les oiseaux et les mammifères.

Les virus bactériophages peuvent également intervenir dans la transmission de gènes de résistance, c'est le mécanisme de transduction. Les phages infectent uniquement les bactéries qui possèdent un site sur lequel ils peuvent s'accrocher. Une fois cette liaison faite, ils injectent leur ADN dans la bactérie. Soit l'ADN se multiplie et tue la bactérie, soit il trouve un emplacement sur le chromosome et il pourra ensuite emporter un morceau de chromosome lorsqu'il se déplacera pour se reproduire. Le bactériophage transmet alors à une autre bactérie un fragment d'ADN de la bactérie qui l'hébergeait précédemment.

Le transfert de gène s'effectue également à partir d'ADN libre qui provient d'une bactérie morte, il s'agit de la transformation. La bactérie «récupère»un morceau d'ADN nu et l'intègre à son ADN.

Le dernier mécanisme (connu) met en œuvre les transposons (gènes sauteurs) qui sont des morceaux d'ADN plus petit que les plasmides et qui peuvent être porteurs d'un gène de résistance. Ces transposons sont capables de passer d'un plasmide à un autre, d'un plasmide à un chromosome ou l'inverse.

5.4.2 Le modèle

Les infections nosocomiales causées par des agents pathogènes qui sont résistants aux antibiotiques est un problème important de santé publique, en particulier aux États-Unis mais aussi en France. Nous avons donc commencé un travail avec Glen Webb du département de mathématiques de l'université de Vanderbilt, Shigui Ruan de l'université de Miami, Erika D'agata du Beth Israël Deaconness Medical Center de l'université d'Harvard et Pierre Magal du laboratoire de mathématiques du Havre sur ce problème. Pour cela nous avons développé un modèle individus centré basé sur des contacts entre le personnel hospitalier et les malades et intégrant des paramètres quantifiables et mesurables dans le milieu hospitalier. Dans ce modèle le personnel de santé est contaminé par les patients et l'infection des patients se fait par l'intermédiaire de ce même personnel. Nous modélisons également l'évolution de la maladie chez les malades en prenant en compte à la fois la souche non résistante des bactéries, la souche résistante et le traitement antibiotique. Le modèle démontre que plus tôt le traitement antibiotique débute et plus on réduit sa durée plus cela minimise la diffusion de souches résistantes dans le milieu hospitalier (cf. figure 5.23).

Environ 5 à 10% des malades admis aux Etats-Unis développerons une infection liée directement à leur hospitalisation. Ces infections provoquent plus de 90000 décès par an aux USA. On estime que 70% des agents pathogènes en cause sont resistant à un ou plusieurs antimicrobiens [Burke, 2003]. En France, même si les chiffres ne sont pas aussi importants, ils restent non négligeables. Dans [Vasselle, 2006] on trouve les chiffres suivants : les maladies nosocomiales augmentent par 3 les risques de décès à l'hôpital, globalement les maladies nosocomiales sont la cause (unique) de $6,6\%$ des décès durant des courtes hospitalisations. Cela représente environ 9000 morts par an et parmi ces 9000, 4200 avaient un pronostic favorable. Ces chiffres démontrent, si besoin en était, que comparés aux infections dont l'agent pathogène n'est pas résistant, celles dues à une souche résistante augmentent le taux de mortalité, nécessitent des traitements avec des antibiotiques plus toxiques et plus chers et prolongent la durée de l'hospitalisation [Holmberg et al., 1987].

Même si une politique de prévention a été le plus souvent mise en place au niveau des pays riches, il y a encore de fréquentes épidémies causées par les bactéries résistantes dans les hôpitaux [Farr, 2001, Palumbi, 2001]. Ce problème est sans doute du à une connaissance incomplète du mécanisme de transmission des souches résistantes qui est complexe et qui nécessite de prendre en compte un grand nombre de paramètres dynamiques et interdépendants et leurs interactions qui concernent à la fois les patients mais aussi le personnel de santé. La pression effectuée par les antibiotiques doit également être considérée pour bien comprendre les facteurs favorisant la propagation des infections car elle intervient de façon majeur dans l'émergence de la résistance.

Un certain nombre de modèles mathématiques ont été proposés pour, en particulier, modéliser la dynamique de la transmission des bactéries résistantes [Austin et al., 1999, Bergstrom et al., 2004, Casey and Pichichero, 2005, Webb et al., 2005]. Ces modèles en général agrègent les patients et le personnel de soin (Health Care Workers HCW) à l'aide de compartiments comme patients infectés ou non-infectés et HCW contaminés et non contaminés. Le problème de ce type de modèles est qu'ils considèrent les compartiments homogènes et les interactions déterministes, ceci en contradiction avec la réalité

où l'«aléatoire» intervient dans les transmissions lors des interactions patients HCW [Koopman et al., 2002].

Les modèles individus centrés, à l'inverse, considèrent les patients et les HCW comme des entités/agents et permettent de prendre en compte l'hétérogénéité des patients et leurs interactions avec les HCW.

Nous avons développé un modèle individu centré (IBM, Individual Base Model) pour identifier les paramètres qui contribuent à la diffusion de la résistance aux antibiotiques au sein de l'hôpital. Un modèle analytique correspondant [**?**] a ensuite été établi afin d'étudier plus facilement les trajectoires. Les effets des paramètres principaux dans le modèle différentiel sont représentés par R_0 défini comme le nombre moyen de cas secondaires produits par un patient infectieux. Si $R_0 < 1$ l'épidémie s'éteint sinon elle devient endémique. Le modèle utilise deux niveaux de population :

1. Au niveau de bactéries, on considère des souches non résistantes et des souches résistantes ;
2. Au niveau des patients, les patients dits «susceptibles d'être infectés» le seront éventuellement par l'intermédiaire des HCW contaminés par un ou plusieurs patients infectés.

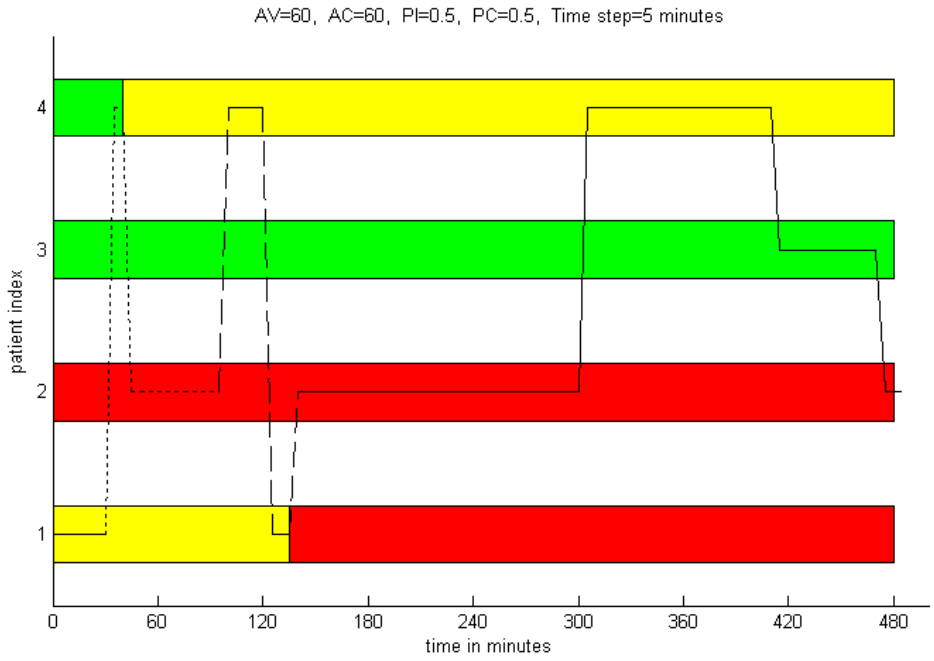
D'autre part puisque la pression sélective créée par les antibiotiques est la cause de l'apparition et la diffusion des souches résistantes, nous analysons spécifiquement le rôle de la thérapie antimicrobienne, en prenant en compte la durée du traitement et sa date de début.

Dans le modèle individus centré nous considérons trois événements :
– L'admission et la sortie des malades ;
– L'infection des malades par les HCW ;
– La contamination des HCW par les malades.

Ces évènements se produisent sur une période de plusieurs mois ou années et l'épidémie évolue jour après jour. Chaque jour est décomposé en trois quart de huit heures chacun pour les HCW. Chaque HCW débute son quart non contaminé et peut l'être durant son temps de travail. Durant un quart on utilise un pas de temps Δt pour délimiter le processus stochastique se produisant pendant le quart pour chaque patient et chaque HCW. Ce pas de temps fixe la durée minimale d'une visite. Les patients sont classés suivant les statuts suivants : non infecté (U), infecté par des bactéries non résistantes (N) ou enfin infecté par des bactéries résistantes (R) (cf. figure 5.19). La charge bactérienne des patients infectés est calculée afin de prendre en compte l'influence du traitement sur l'état du malade et sur son infectiosité. Au niveau des patients la charge bactérienne est décomposée en deux classes :

1. Les bactéries qui ne sont pas résistantes au traitement antibiotique (N) ;
2. Les bactéries qui sont résistantes au traitement antibiotique (R).

La figure 5.19 illustre le processus de contamination pour un HCW qui visite quatre patients durant son temps de travail. Le HCW commence le quart non contaminé et visite le patient 1, durant cette visite il est contaminé par des bactéries non résistantes et il visite le patient 4. Durant cette visite, il contamine le malade. Les visites continuent jusqu'à la fin du quart, les contaminations des HCW par les malades et les infections chez les



Statut du patient : *vert* non infecté, *jaune* infecté uniquement par des bactéries non résistantes, *rouge* infecté au moins par des bactéries résistantes. Statut du HCW : *traits pleins* non contaminé, *pointillés* contaminé par des bactéries non résistantes, *tirets* contaminé par des bactéries résistantes.

FIG. 5.19 – Diagramme de contact pour un HCW et 4 patients durant un quart.

malades dues aux HCW contaminés sont déterminées de façon probabiliste. De la même façon la durée des visites est variable et suit une loi de probabilité exponentielle avec pour durée moyenne de visite A_v, ($A_v = 60\ min$ sur la figure 5.19). Durant une visite un HCW peut être éventuellement contaminé par un malade infecté, le temps de contamination d'un HCW suit également une loi exponentielle, la durée moyenne de contamination est A_c ($A_c = 60\ min$). Le patient visité est choisi aléatoirement en respectant le fait qu'un malade n'est visité que par un seul HCW à la fois. La probabilité de contamination d'un HCW par un patient est de P_C par visite et celle qu'un patient soit infecté par un HCW est de P_I par visite. Lorsque le pas de temps Δt tend vers 0, le comportement moyen du modèle individus centré approche le comportement du modèle différentiel. Les valeurs des différents paramètres sont présentés dans le tableau 5.1.

On considère un temps moyen de visite de $A_V = 85$ minutes, ce temps maintient de façon endémique environ 10% de patients infectés par la souche résistante (cf. figure 5.23). Ce pourcentage ainsi que la durée de visite correspondent aux valeurs réelles constatées dans certaines unités de soins intensifs aux États-Unis. C'est un paramètre important, il joue un rôle important dans le modèle IBM, puisqu'il contrôle et régule le nombres de visites *ie* de contacts durant un quart. Ainsi, lorsque A_V augmente le nombre moyen de visites décroît et le nombres de contacts avec différents malades également.

Notation	**Interprétation**	**Valeur**	
NB_p	Nombre de patients	400*	
NB_h	Nombre de HCW	100*	
A_U	Durée moyenne de séjour pour les patients U	5*	jours
A_N	Durée moyenne de séjour pour les patients N	14*	jours
A_R	Durée moyenne de séjour pour les patients R	28*	jours
A_V	Temps moyen de visite	85	minutes
P_C	Probabilité de contamination lors d'une visite	$0,4^{\dagger}$	
P_I	Probabilité d'infection lors d'une visite	$0,06^{\dagger}$	
A_C	Temps moyen de contamination	60*	minutes

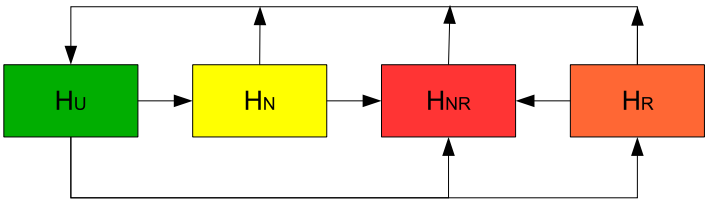
∗ valeur du Beth Israel Deaconess Medical Center [D'Agata et al., 2005].
† valeur estimée pour le Cook County Hospital, Chicago [Austin et al., 1999].

TAB. 5.1 – Liste des paramètres de base du modèle IBM

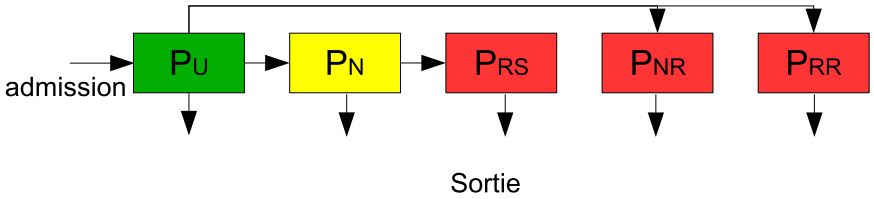
Les HCW se répartissent en quatre classes en fonction de leur état :

1. Non contaminé H_U ;
2. Contaminé uniquement par des bactéries non résistantes H_N ;
3. Contaminé à la fois par des bactéries résistantes et non résistantes H_{NR} ;
4. Contaminé uniquement par des bactéries résistantes H_R.

Les flux provenant de H_N, H_{NR}, H_R vers H_U surviennent lorsqu'un HCW revient dans l'état non contaminé. Les autres flux proviennent des contacts entre les HCW et les patients (cf. figure 5.20(a)).



(a) Diagramme de flux pour les HCW.



(b) Diagramme de flux pour les patients.

FIG. 5.20 – Diagrammes de flux pour les HCW et les patients.

Les patients sont divisés en cinq classes :
- Les patients non infectés, notés P_U ;
- Les patients infectés uniquement par des bactéries non résistantes, noté P_N ;
- Les patients infectés par des bactéries résistantes qui se répartissent en trois catégories : P_{RS}, P_{NR} et P_{RR}. P_{RS} correspond aux malades «sur-infectés», c'étaient des patients qui étaient au préalable dans la classe P_N et qui sont devenus par la suite infectés. P_{NR} correspond aux malades qui étaient non infectés et qui deviennent infectés a la fois par la souche résistante et la souche non résistante. P_{RR} correspond aux malades non infectés qui le deviennent uniquement par des bactéries résistantes.

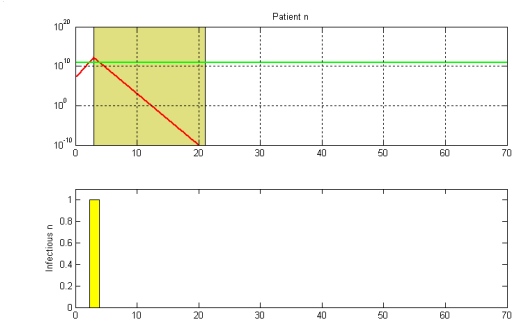
Nous utilisons le modèle proposé dans [Webb et al., 2005, D'Agata et al., 2005] qui décrit l'évolution de la charge bactérienne des malades sous traitement, cela nous permet de déterminer l'infectiosité des patients. Nous considérons, d'autre part, que la dose d'inoculation pour les patients infectés à la fois par les bactéries résistantes et les bactéries non résistantes est comprise entre 10^6 et 10^7 [Warren et al., 1999]. La classe des patients sur-infectés P_{RS} est un cas particulier puisque la charge des bactéries non-résistantes est plus importante lors de l'inoculation des bactéries résistantes que dans le cas des classes P_{RR} et P_{NR} puisque l'on tient compte de la population préexistante. En l'absence de tout traitement la souche non résistante domine la souche résistante, mais durant le traitement la souche non résistante voit sa population diminuer très fortement, jusqu'à atteindre un niveau très bas. On considère également qu'un patient est infectieux lorsque sa charge bactérienne dépasse un seuil que nous avons fixé à $T_H = 10^{11}$. La figure 5.21 représente les doses d'inoculation, la charge bactérienne et la période d'infectiosité pour chaque type de patient sous traitement.

Le modèle IBM se comporte de la façon suivante :

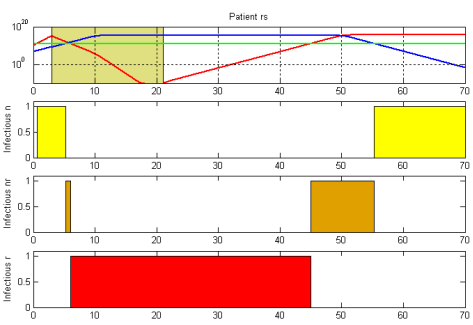
1. Chaque HCW débute la première visite de son quart non contaminé et un patient est choisi aléatoirement.
2. À la fin de sa visite un HCW est éventuellement contaminé avec la probabilité P_C et le patient est possiblement infecté par un HCW infecté qui le visite avec la probabilité P_I.
3. La charge charge bactérienne d'un patient infecté dépend de son programme de traitement et les patients infectés sont infectieux pour un HCW quand leur charge bactérienne est au-dessus du seuil T_H.
4. À chaque pas de temps Δt un HCW contaminé peut redevenir sain avec la probabilité $1 - \exp(-\Delta t/A_C)$, sa visite se termine avec une probabilité de $1 - \exp(-\Delta t/A_V)$.
5. À chaque pas de temps Δt un patient de L sort de l'hôpital avec une probabilité $1 - \exp(-\Delta t/A_L)$ avec $L = U, N, R$.

5.4.3 Résultats

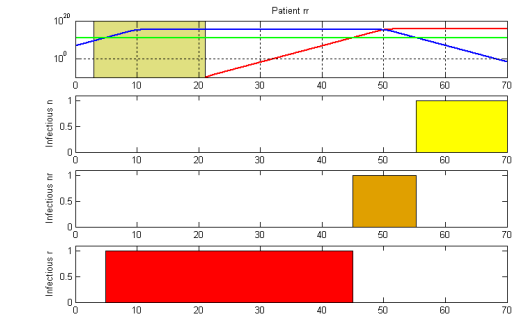
Dans un premier temps nous avons comparé le modèle différentiel [**?**], et le modèle IBM afin de démontrer la validité du modèle déterministe en tant que «représentation moyenne» des simulations IBM. Sur la figure 5.22 on constate une bonne concordance des deux modèles, en particulier la vitesse à laquelle les trajectoires atteignent un équilibre.



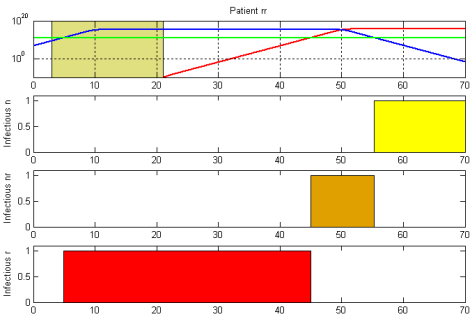
(a) Patient P_N



(b) Patient P_{RS}



(c) Patient P_{RR}



(d) Patient P_{NR}

Le traitement démarre le troisième jour et est arrêté le vingt et unième jour, l'inoculation survient au jour 0. Les courbes bleue et rouge représentent respectivement la charge bactérienne en bactéries résistantes et non résistantes durant la période d'infection. La droite verte correspond à la borne $T_H = 10^{11}$. Le fond vert représente la période de traitement. Les fonds jaune, orange et rouge symbolisent respectivement, la période d'infectiosité pour les classes non résistante, résistante et résistante et non résistante à la fois.

FIG. 5.21 – Période d'infection en fonction de la classe du patient.

La souche non résistante décroît jusqu'à un niveau très bas et la souche résistante devient endémique, en approximativement 200 jours, pour environ 60% des patients considérés. On remarque également que le modèle déterministe surestime les trajectoires du modèle IBM. Cette surestimation nous permet d'affirmer que l'extinction d'une souche dans le modèle déterministe implique l'extinction d'une même souche en général dans le modèle IBM.

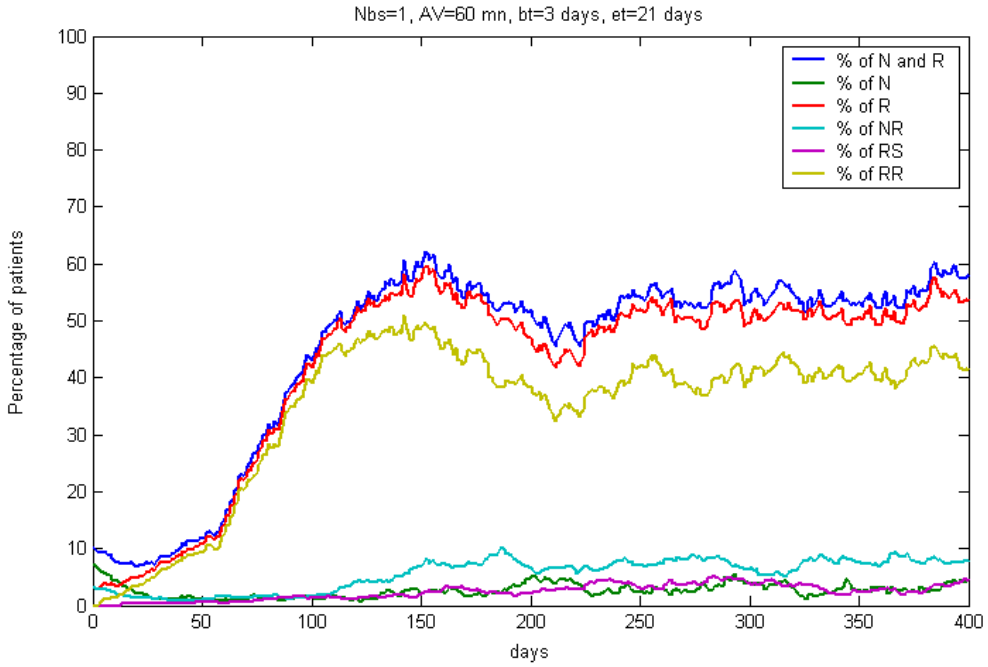
Nous avons testé au niveau des deux modèles les effets dus à un changement de date de début de traitement ainsi que des variations concernant la durée. Les résultats sont illustrés figure 5.23 pour le modèle IBM et figure 5.24 pour le modèle déterministe.

On constate sur les deux modèles que lorsque le traitement démarre très tôt sur une courte période, la souche résistante et non résistante sont toutes deux éliminées. Le déclenchement précoce du traitement réduit la quantité de bactéries non résistantes et de ce

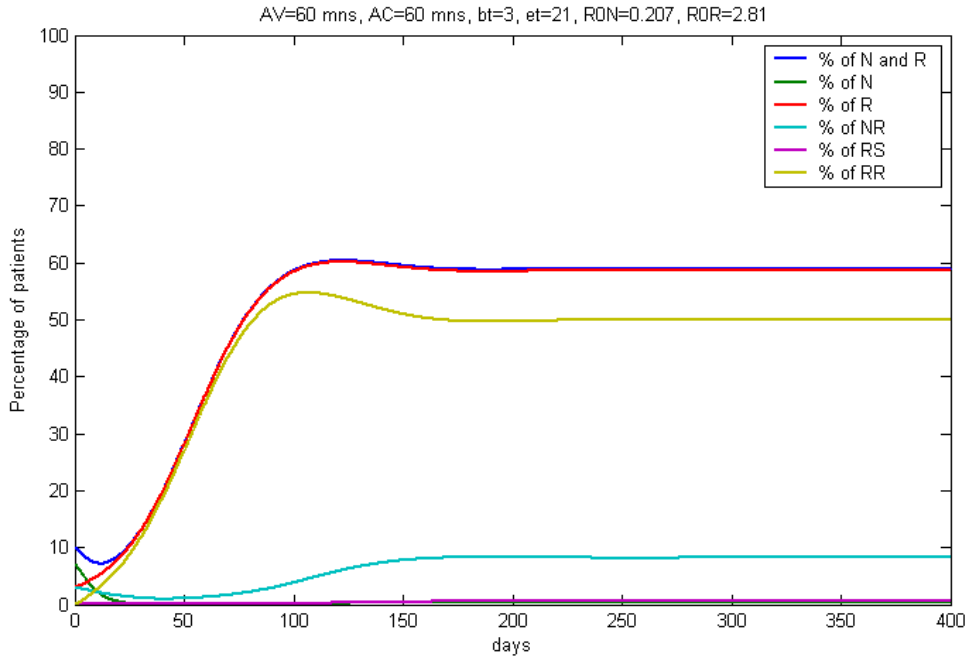
fait les conjugaisons, cela permet une durée de traitement plus courte et minimise donc le mécanisme de pression sélection. Les malades sont alors infectés moins longtemps par la souche résistante et sont par conséquence contagieux sur une période moins longue. Les figures 5.23 et 5.24 montrent également la concordance entre les deux modèles.

D'autres résultats ont été obtenus en particulier au niveau du modèle déterministe, pour lequel on montre qu'un paramètre R_0 qui correspond globalement au nombre de cas secondaires induits par un patient permet de caractériser l'évolution de la contamination [**?**]. R_0 est décomposé en R_0^N pour la souche non résistante et R_0^R pour la souche résistante. La figure 5.25 illustre les effets sur R_0^N (fig. 5.25(a)) et R_0^R (fig. 5.25(b)), de la conjugaison des modifications à la fois de la durée du traitement et de la date de début de celui-ci. Lorsque $R_0^N < 1$, la souche non résistante s'éteint systématiquement pour les différents traitements. D'autre part, $R_0^R < 1$ ou $R_0^R > 1$ en fonction du jour de début de traitement et de sa durée. R_0^N et R_0^R augmentent quand le délai entre le début de l'infection et le début de traitement augmente. La cause est que le traitement démarre lorsque la charge bactérienne est plus haute lorsque le ce dernier est retardé donc les malades sont beaucoup plus infectieux (voir figure 5.21) auprès du personnel hospitalier. De plus R_0^N décroît et R_0^R croît à mesure que la durée de traitement augmente, en effet la souche résistante domine et n'est pas affectée par les antibiotiques.

La figure 5.26 illustre la dépendance de R_0^N et R_0^R en fonction du temps moyen de visite A_V et de la durée moyenne de contamination A_C. R_0^N et R_0^R diminuent lorsque A_V augmente et croissent lorsque A_C croît également. La dépendance est linéaire dans le cas de A_C et quadratique pour ce qui concerne $1/A_V$. La raison est que A_C est spécifique aux HCW, alors que A_V est spécifique à la fois aux patients et aux HCW.



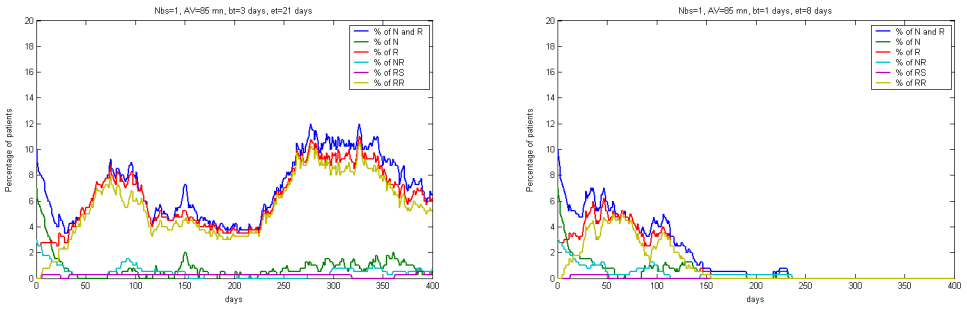
(a) Modèle IBM, $\Delta t = 5min$



(b) Modèle analytique

Le traitement débute le troisième jour et stoppe le vingt et unième jour, $A_V = 60min$.

FIG. 5.22 – Simulation numérique du modèle IBM et du modèle déterministe sur 1 an.

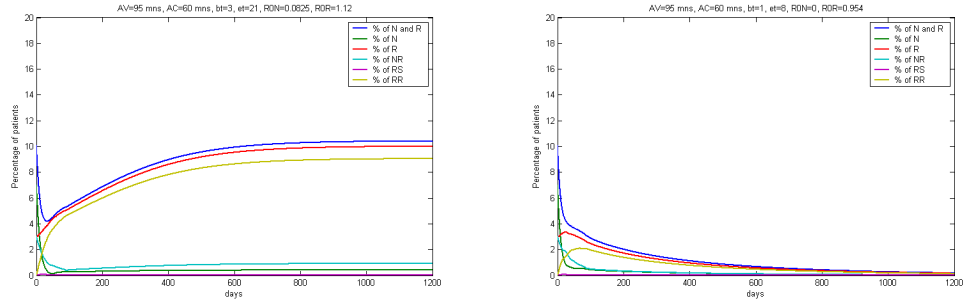


(a) Le traitement débute le troisième jour et stoppe le vingt et unième jour

(b) Le traitement débute le premier jour et stoppe le huitième jour

On constate qu'à gauche la souche résistante devient endémique alors qu'à droite les deux souches sont éliminées.

FIG. 5.23 – Modèle IBM sur 1 an quand $A_V = 85min$.

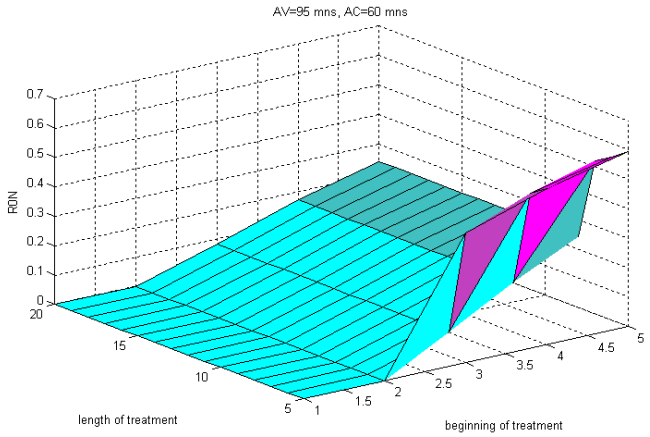


(a) Le traitement débute le troisième jour et stoppe le vingt et unième jour

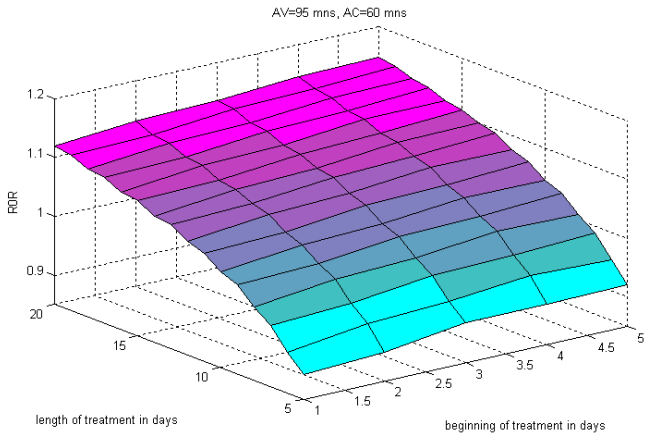
(b) Le traitement débute le premier jour et stoppe le huitième jour

On constate qu'à gauche la souche résistante devient endémique alors qu'à droite les deux souches sont éliminées.

FIG. 5.24 – Modèle déterministe sur 1 an quand $A_V = 95min$.

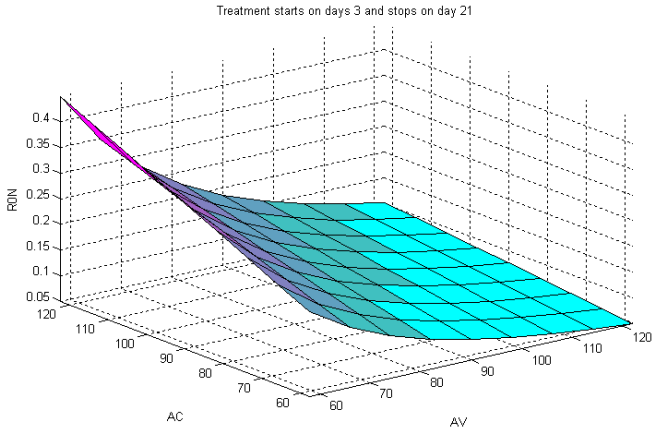


(a) R_0^N

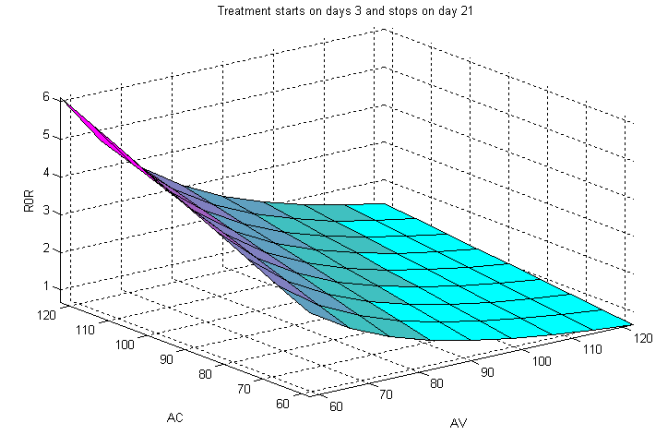


(b) R_0^R

FIG. 5.25 – Évolution de R_0^N et R_0^R en fonction de la durée et de la date de début de traitement.



(a) R_0^N



(b) R_0^R

FIG. 5.26 – Évolution de R_0^N et R_0^R en fonction du temps moyen de visite A_V la durée moyenne de contamination A_C.

5.5 Informatique destinée à un public handicapé

Ce travail s'est décliné dans le cadre d'un projet européen Information Society and Technology du sixième PCRD [49]. L'objectif du projet était de proposer à des jeunes handicapés visuels (figure 5.27) des jeux multimédia auxquels ils puissent jouer indépendemment sans assistance.

Les enfants concernés sont des enfants de 3 à 10 ans, aveugles ou déficients visuels (vision $< 0{,}05$) avec éventuellement des handicaps additionnels. La démarche s'est orientée suivant deux axes principaux :

1. L'adaptation de jeux déjà existant en s'assurant que le contenu ludique et éducatif était conservé.
2. Le développement de jeux spécifiques prenant en compte les besoins particuliers des enfants aveugles ou déficients visuels.

Ce projet était pluridisciplinaire puisqu'il a impliqué des spécialistes de sciences de l'éducation, des ergonomes, des informaticiens, des musiciens, des spécialistes des problèmes de handicap ...

5.5.1 Interfaces multimodales

Une interface multimodale est une interface qui est capable d'utiliser différentes modalités et offrir aux utilisateurs, aux travers de différents canaux de communication, différents types d'interaction. Par exemple, les interfaces standards actuelles, utilisent un écran, un clavier, une souris et une sortie sonore.

Les personnes déficientes visuelles peuvent accéder aux informations par l'intermédiaire de périphériques spécialisés qui correspondent aux différentes modalités :

- Terminal braille (cf. photo 5.28) ;
- Synthèse vocale ;
- Tablette tactile (cf. photo. 5.30) pour les enfants qui ne peuvent pas utiliser un clavier, soit parce qu'ils sont trop jeunes ou bien parce qu'ils ont des handicaps supplémentaires ;
- Périphériques spéciaux comme des interrupteurs ou des détecteurs de mouvements ;
- Affichages adaptés pour différents utilisateurs :
  - Grandes polices de caractères pour les enfants atteints d'amblyopie ;
  - Très petites polices pour les enfants avec un champ de vision très réduit ;
  - Contraste adapté ou couleurs pour d'autres ;
  - Pas d'animation pour les utilisateurs qui ont besoin de temps pour percevoir une image fixe.

5.5.2 Méthodologie

L'approche méthodologique (cf. figure 5.30) retenue s'est articulée autour de trois points :

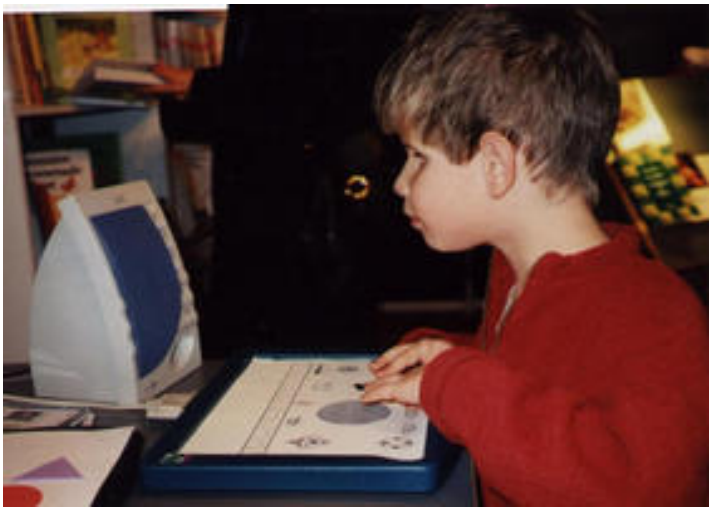
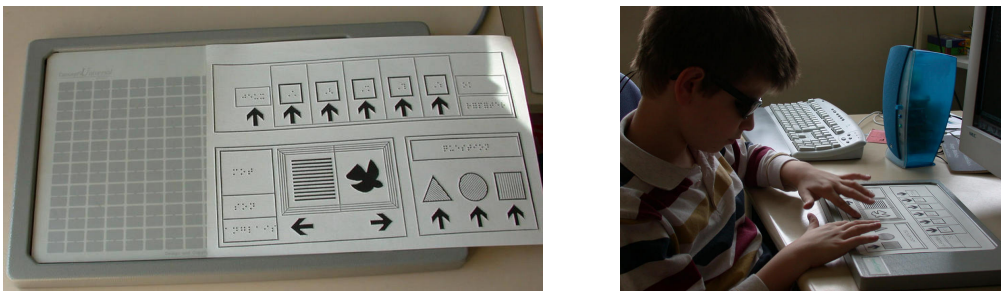


FIG. 5.27 – Gabriel entrain de jouer.

(a) Le terminal.

(b) Braille affiché sur le terminal.

FIG. 5.28 – Terminal braille.



(a) La tablette et une feuille embossée (b) Utilisation de la tablette

FIG. 5.29 – Tablette tactile et son utilisation.

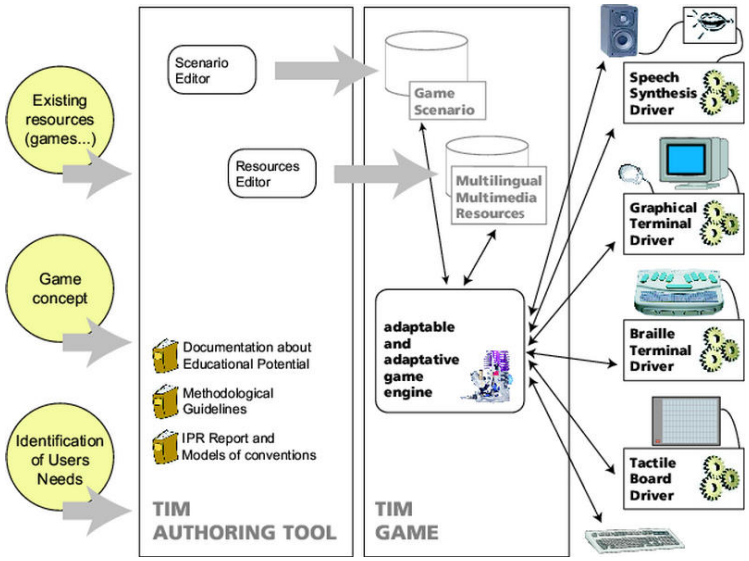


FIG. 5.30 – Méthodologie.

1. Les utilisateurs. Ce travail s'est effectué autour et avec des enfants handicapés. Cela a consisté en grande partie à étudier les enfants lorsqu'ils jouent afin de valider les modèles d'adaptation et également chercher à comprendre les processus cognitifs mis en jeu. D'autre part une réflexion a été conduite sur le potentiel éducatif des jeux en particulier pour ce qui concerne le handicap, comme par exemple l'autonomisation. Les enfants ont également été acteurs du développement des scénarii de jeux dans une démarche incrémentale.
2. L'environnement logiciel. C'est la partie informatique et un moteur de jeux a été développé ainsi qu'un outil d'adaptation et de conception de jeux.
3. La préparation de la diffusion. Cette partie concernait en particulier tous les aspects de diffusion que ce soit des jeux mais aussi de la connaissance, mais également les aspects juridiques. Elle a donné lieu à la rédaction de documents concernant le développement et l'adaptation de jeux pour les enfants aveugles.

Nos partenaires se sont focalisés sur les points 1 et 3 et nous nous sommes concentrés sur le point 2 avec des membres du laboratoire INOVA de l'INSERM.

5.5.3 Architecture

L'architecture se décompose en :

- Un moteur de jeux permettant l'exécution de jeux avec les différentes modalités spécifiques. Il supporte donc :
  - Les périphériques standards et spécialisés utilisés par les déficients visuels (tactile, audio, braille, loupe, claviers ...). Ainsi au niveau du projet un effort très important a été effectué en direction des terminaux braille, en effet ils sont souvent très coûteux et spécifiques. La démarche que nous avons retenue est donc une démarche d'ouverture en développant une librairie la plus généraliste possible et extensible.
  - Un langage spécifique afin de décrire les scenarii de jeux indépendamment des modalités.
  - Le multilinguisme. The TiM Games can be created in multiple languages and easily translated.
- Une plate-forme de développement, pour créer et adapter des jeux, comportant :
  - Des modèles pré-établis à compléter et à enrichir (Quizz, memory ...) ;
  - Un environnement de conception décrivant les objets et les interactions au travers d'une interface graphique. Le résultat est projeté dans le langage spécifique.
  - Un éditeur de scénario pour les parents, les éducateurs, ... qui souhaitent développer des jeux plus complexes.
  - Un éditeur de ressources, pour créer et modifier les différents éléments multimédia.

  Cette partie est encore en cours de développement.

5.6 Conclusion et perspectives

Nous avions fait part de notre ambition de modéliser des phénomènes biologiques et de nous en inspirer. Si nous espérons en avoir fait la preuve au cours de ce chapitre, nous pouvons également évoquer rapidement, les pistes qui s'ouvrent à nous.

Le système immunitaire est sans aucun doute, un système complexe adaptatif et auto-organisé et déjà un certain nombre de travaux [DeCastro and Timmis, 2001] reprennent la métaphore en s'inspirant de la sélection clonale ou de la théorie du danger. Le réseau idiotypique nous semble également une source d'inspiration intéressante que nous avons commencée à explorer pour la détection des organisations [42].

Au niveau des problèmes épidémiologiques, nous avons débuté des travaux [41] qui couplent des données réelles issues de l'hôpital du Havre, la modélisation du développement bactérien et des mécanismes de contamination chez des malades virtuels afin de tester la validité des modèles. Cela nous permet de mettre en évidence des chaînes de contamination soit via l'environnement, soit via le personnel soignant hospitalier.

Enfin tout comme les fourmis numériques, on constate que les bactéries utilisent l'environnement. On l'a vu pour par exemple afin d'échanger des plasmides, mais certaines l'utilisent aussi pour exprimer leur virulence via un mécanisme de *quorum sensing* (cf. figure 5.31). La transcription des gènes de virulence se faisant alors sous le contrôle d'un mécanisme de régulation qui dépend de la densité bactérienne. Cela permet aux bactéries de lancer des attaques coordonnées sur l'organisme quand leur population a atteint un certain seuil et alors déborder soudainement les défenses immunitaires.

Le quorum-sensing présente donc une cible intéressante pour de futurs antibiotiques. Ceux-ci ne tueraient plus les bactéries mais les empêcheraient de nuire en les désorganisant. Nous pensons donc introduire ce mécanisme dans nos modèles, afin d'aider à mieux le comprendre et démontrer s'il en est besoin que bloquer le quorum sensing diminue la pression/sélection et donc limite le développement de résistances via la sélection naturelle.

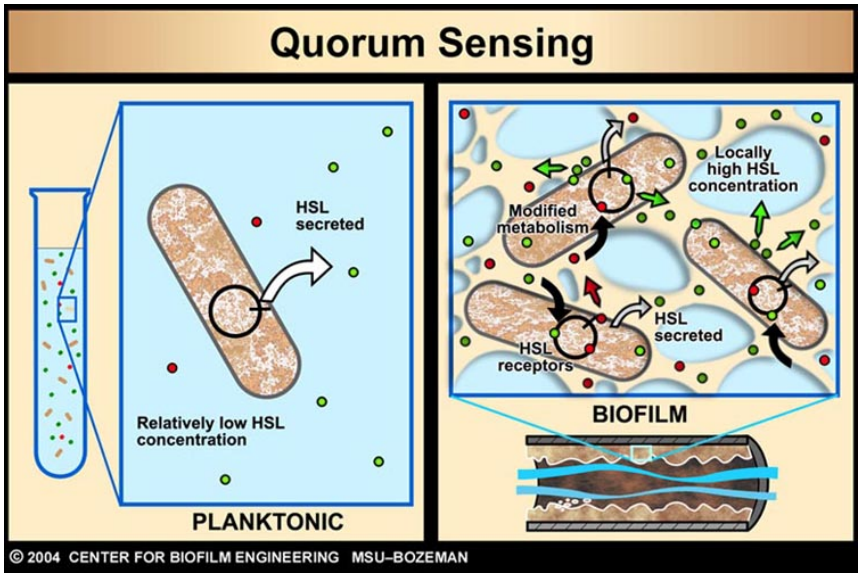


Fig. 5.31 – Mécanisme du quorum sensing.

Troisième partie

Contexte universitaire

Chapitre 6

Curriculum vitæ

Sommaire

6.1 Diplômes 182
6.2 Parcours professionnel 182
6.3 Situation actuelle 182
6.4 Préambule 183
6.5 Participation au développement de l'informatique et de l'UFR ST 184
6.5.1 Enseignements de 2003 à 2006 185
6.6 Activités de recherche 186
6.6.1 De 1991 à 1999 186
6.6.2 De 1999 à 2006 186
6.6.3 Responsabilités au sein du LIH puis du LITIS 190
6.6.4 Collaborations et animation scientifique 191
6.6.5 Valorisation, gestion de la recherche 192
6.6.6 Encadrements de stage de DEA et Master recherche 192
6.6.7 Co-directions de thèses 193
6.7 Thématique de recherche : Interactions et systèmes complexes 194

Cette partie présente mes différentes activités scientifiques, pédagogiques et administratives. On y trouvera donc une certaine redondance en particulier sur les aspects recherche, mais elle permet d'avoir une vue d'ensemble plus synthétique du travail d'enseignant chercheur que j'ai réalisé au sein de l'université du Havre. J'espère y montrer, en particulier l'articulation [enseignement - administration] et [recherche].

Curriculum vitæ
Damien Olivier

Adresse	Contact	État Civil
Université du Havre	Tél : 2 327 44 321	16/03/61
25 rue Philippe Lebon	Fax : 2 327 44 314	Marié
76600 Le Havre	Damien.Olivier@univ-lehavre.fr	3 enfants
	http ://litis.univ-lehavre.fr/~olivier	

6.1 Diplômes

- **DEA** *Modèles et algorithmes de la décision*, Paris VI Mention Bien.
- **Doctorat d'informatique** *Supervision en boucle fermée de processus continus par un système expert*, mention très honorable avec félicitation du jury, université de Paris VI, sous la direction du Pr. J. Ch Pomerol. Jury : Pr. J Vignes, Pr N. Cot, Pr. B. Dubuisson, Pr J. Ch Pomerol et L. Lescop.

6.2 Parcours professionnel

Période	Laboratoire-Entreprise	Contexte
1987-1992	Université du Havre	Allocataire puis ATER
1987-1991	LAFORIA Paris VI - IFP - ENSPM	Doctorat
1988-1992	Ciment Français - Total France ...	Ingénieur conseil
1992-1993	Auxitec-Ingexpert	Ingénieur de recherche
depuis 1993	LIH (Le Havre)	Maître de conférences

6.3 Situation actuelle

Maître de Conférences, 7$^{\text{ème}}$ échelon, 27$^{\text{ème}}$ section
Bénéficiaire de la prime d'encadrement doctoral
Composante : université du Havre UFR ST

6.4 Préambule

Mon engagement au sein de l'université du Havre a toujours suivi trois directions principales :

- pédagogique ;
- administrative ;
- recherche.

Ma participation, dans chacune d'entre elles, a varié au fil des années, mais j'ai tout d'abord orienté mes activités en direction de l'enseignement et de l'administration et ré-équilibré ces dernières avec la recherche depuis 1999.

Durant la période qui part de ma nomination en tant que maître de conférences jusqu'à nos jours, l'université du Havre a connu un développement important du nombre de ses filières. J'ai donc contribué activement, comme allocataire puis comme ATER et enfin comme maître de conférences, au développement de la filière informatique qui n'existait qu'au niveau du DEUG et j'ai participé aux montages des $2^{\text{ème}}$ et $3^{\text{ème}}$ cycles qui ont permis aujourd'hui que cette filière devienne majeure à l'université du Havre. Elle inclut notamment un master professionnel sur la thématique des systèmes répartis qui est très attractif et qui possède un effectif atteignant 30 étudiants chaque année. Suite à la mise en place de la réforme LMD, je me suis impliqué dans le master mathématiques-informatique qui a ouvert à la rentrée 2004 et permet ainsi un nouveau développement de ces filières avec notamment la mise en place d'un master recherche bi-disciplinaire en modélisation des systèmes complexes (MIASC). Ceci s'est traduit par différentes responsabilités de filières. Mon engagement pédagogique et administratif a également été dirigé vers l'UFR ST puisque j'ai occupé durant environ quatre années la fonction de vice-doyen. Pendant cette période j'ai favorisé, en particulier, le développement de filières cohérentes et complètes d'enseignement ainsi qu'une politique de lutte contre l'échec.

Au niveau recherche, le laboratoire d'informatique du Havre (LIH) a été reconnu comme équipe d'accueil pour la première fois en 1999 (EA 3219) suite à un effort important de structuration. Cet effort a été conduit par son directeur d'alors le professeur Alain Cardon et des membres du laboratoire qui ont accepté de prendre des responsabilités et d'animer scientifiquement le LIH. L'évaluation du laboratoire remarquait cette dynamique et invitait ses membres à poursuivre dans cette voie et à développer des collaborations. Mes activités de recherche se sont donc inscrites dans cette orientation. L'année 2006 a vu une modification importante de l'environnement de l'activité de recherche en informatique au Havre, puisque le LIH a fusionné avec le PSI de l'université de Rouen et de l'INSA de Rouen, le LIFAR de l'université de Rouen et ABISS de l'université de Rouen, pour créer le LITIS (Laboratoire d'Informatique, de Traitement de l'Information et des Systèmes). Ces laboratoires ont décidé d'unir leurs forces et de se regrouper pour valoriser les synergies existantes, renforcer leur visibilité, avec la perspective de constituer un ensemble de taille critique couvrant l'ensemble des STIC (sciences et technologies de l'information et de la communication) du fondamental aux domaines appliqués créant des ponts entre le vivant et les sciences humaines.

Je suis donc maintenant membre du LITIS (EA 4051) qui regroupe environ 80 chercheurs permanents. Ce laboratoire s'est doté d'une assemblée constituante dont je suis l'un des quatorze membres et dont le rôle est de définir une structure scientifique et de gouvernance et de préciser les bases de la politique scientifique. Je suis également membre du bureau du LITIS en tant que suppléant du Pr. Cyrille Bertelle.

6.5 Participation au développement de l'informatique et de l'UFR ST

Mes activités administratives ont été importantes durant mes premières années à l'université du Havre car je suis arrivé un an après sa création. Pendant cette période juvénile de nombreuses tâches ont été réalisées par le peu de personnes en poste à l'université, cela a été : du suivi de chantier de construction en passant par la gestion des appels d'offres sans oublier les activités d'enseignement qui pouvaient dépasser 400 heures à cause de l'absence de titulaire. Si durant cette phase extrêmement dynamique, il m'a été donné d'exercer des responsabilités cela s'est fait au détriment de l'activité de recherche. Néanmoins cela m'a permis de participer activement à la création des second et troisième cycles en informatique qui n'existaient pas alors à l'université du Havre et d'en assurer ensuite la responsabilité. Un résumé succinct figure dans le tableau ci-après.

Responsabilité	Années	Fonction
Président de la commission technique informatique	1987-1994	Mise en place de l'équipement global informatique de l'UFR ST
	1997-1999	Formation des utilisateurs Mise en place de salles de TP
Coordinateur informatique	1987-1999 2000-2002	Gestion des filières informatiques Gestion des crédits Coordination des projets
Vice-doyen	1994-1998	Définition et réalisation de la politique pédagogique Lutte contre l'échec
Porteur du projet de création avec C. Bertelle	1996 1997	Licence d'informatique Maîtrise d'informatique
Responsabilité de filière	1998-1999	Maîtrise d'informatique
Participation à la création	1999-2000	DEA ITA DESS Systèmes à Objets répartis
Développement de Diliweb	1999-2001	Site web pédagogique projet ministériel
Réforme LMD	2003-2004	L1 et L2 plus particulièrement partie info L3 info Master Info, Math-info Master Pro Participation au master recherche
Responsabilité de filière	2004-	Master informatique

6.5.1 Enseignements de 2003 à 2006

Depuis 1987 mes activités d'enseignement ont été très variées, couvrant une grande partie de la discipline informatique. Dans ce qui suit j'ai fait le choix de résumer mes activités d'enseignement sur les trois dernières années.

Filière	**Intitulé**
DEUG MIAS (1 et 2)	Option : Programmation Java
	Tronc commun : Algorithmique C
	Option : Programmation orientée objet
Maîtrise informatique	Tronc commun : Intelligence Artificielle
MST TAM	Option : Intelligence Artificielle
DESS	Tronc commun : Parallélisme et informatique distribuée
DEA	Tronc commun : Systèmes complexes
Licence 1	Tronc commun : Introduction à la prog. scientifique
Licence 2	Option : Spécialisation informatique (Java)
Master math-info	Tronc commun : Intelligence Artificielle
Master recherche MIASC	Tronc commun : Modèle du Vivant
Master recherche IGIS (Rouen)	Option : Applications et SMA

En premier et en second cycle, pour chacun de ces enseignements, j'ai généralement assuré le cours et au moins un groupe de TD/TP et je suis le responsable du module.
On trouvera un certain nombre de cours à l'url suivante : http ://litis.univ-lehavre.fr/˜olivier

6.6 Activités de recherche

Elles ont eu tout d'abord comme cadre le LAboratoire FORme et Intelligence Artificielle de Paris VI (LAFORIA) et l'Institut Français du Pétrole (IFP) puis le Laboratoire d'Informatique du Havre (LIH) et enfin le Laboratoire d'Informatique, Traitement de l'Information et des Systèmes (LITIS) préfigurant une composante du futur PRES Normand.

6.6.1 De 1991 à 1999

J'ai soutenu ma thèse de doctorat en 1991 à Paris VI LAFORIA et à l'IFP sous la direction de J.C Pomerol, l'orientation de mon travail portait à la fois sur une simulation numérique d'un procédé industriel de raffinage et sa conduite en boucle fermée à l'aide de systèmes experts. C'est par ce travail de recherche que j'ai abordé l'intelligence artificielle distribuée, le traitement s'effectuant à l'aide de trois systèmes experts gérant une partie du processus. Ils étaient en interaction mutuelle et nécessitaient en particulier de prendre en compte les aspects coopératifs et compétitifs et les résultats des raisonnements qualitatifs étaient ensuite quantifiés pour être appliqués au procédé.

De 91 à 99 la recherche en informatique à l'université du Havre n'était pas structurée et pour appartenir à un laboratoire d'informatique il fallait alors rejoindre un laboratoire d'une autre université.

6.6.2 De 1999 à 2006

Membre permanent du LIH Équipe SMA et objets de 1999 à 2002.
Membre permanent du LIH Équipe Modèles Informatiques du Vivant de 2002 à 2005.

Membre permanent du LITIS depuis 2006.

Mes activités de recherche ont pour cadre général les modèles informatiques du vivant avec pour objectifs :

1. Tenter de comprendre et d'expliquer le fonctionnement et l'organisation de systèmes complexes du monde du vivant, par la conception de modèles et la mise en œuvre de simulations.
2. S'inspirer de systèmes vivants et de leurs mécanismes spécifiques afin d'élaborer de nouveaux modèles conceptuels, ceci permettant de définir de nouvelles approches plus adaptées aux caractéristiques des systèmes informatiques distribués et parallèles.

Cela se décline par l'intermédiaire de plusieurs projets de recherche que nous avons déployés ou déployons avec les membres de l'équipe [48]. La description qui est faites dans les paragraphes suivants est chronologique, on trouvera une présentation plus analytique au paragraphe 6.7.

Modélisation des écosystèmes estuariens

Nous modélisons une partie d'un écosystème estuarien (Aquasystème de l'estuaire de la Seine) dans ce projet débuté en 1999. Les écosystèmes, constitués d'entités en interaction non linéaires, sont caractérisés par l'émergence d'organisations fonctionnelles rétroagissant sur leurs constituants. Nous détectons, en particulier, automatiquement des organisations par des méthodes de clustering dynamique [47, 48] et nous appliquons ce travail aux formations tourbillonnaires dans les fluides[32]. Les formations une fois détectées sont réifiées automatiquement et réintroduites dans la simulation [30, 39, 5]. Ceci nous a conduit à rechercher des modèles opérants de comportements pour mettre en place des processus automatiques. Le modèle que nous proposons s'appuie sur des automates à multiplicités [28, 29] qui permettent à la fois de modéliser les comportements, de mettre en place des processus évolutifs et d'avoir des processus de calcul [37]. De la même manière nous recherchons dans la simulation les organisations émergentes que sont les chaînes trophiques locales. Notre étude porte également sur les problèmes de modélisation en couplant des modèles analytiques et des modèles comportementaux. Enfin, la dernière orientation étudie le problème de distribution dynamique d'agents pour pouvoir déployer effectivement les simulations par migration de code [31, 18]. Dans ce contexte nous considérons l'environnement informatique et les processus qui s'y déploient comme un écosystème artificiel dans lequel nous retrouvons également des organisations que nous détectons par des mécanismes d'intelligence collective [4].

Séquençage par hybridation

Ce projet (2001) concerne la recherche de *modèles pour diverses applications de bioinformatique distribuée*, en particulier le séquençage par hybridation. Pour trouver la

[48] En particulier Antoine, Cyrille, Frédéric, Guillaume, Pierrick. Qu'ils soient ici remerciés par cette note de bas de page bien qu'ils méritent beaucoup plus.

séquence d'origine, nous utilisons un modèle de graphe particulier qui permet de prendre en compte toutes les contraintes actuelles imposées par le processus biochimique et nous utilisons, ensuite, des méthodes d'intelligence collective distribuée, pour tenter de reconstruire la séquence [17, 19].

TIM

C'est un projet européen débuté en 2000 appartenant au programme IST : "*Tactile Interactive Multimédia Computer games for visually imparied children*" IST-2000-25298 que j'ai élaboré avec D. Archambault [49]. Nous nous intéressons à la réalisation de plates-formes multimodales de développement de jeux pour les enfants mal ou non voyants [51, 50, 1, 27]. Les jeux doivent s'adapter aux niveaux variés de développement psychomoteur des utilisateurs visés. Les travaux de recherche portent sur l'utilisation des nouvelles technologies de l'information et de la communication par des personnes handicapées visuelles. Nous traitons les nouvelles formes d'interactions multimodales, l'ergonomie cognitive et les technologies d'assistance aux personnes handicapées. Même si son financement est actuellement terminé nous continuons à travailler dans ce domaine et à diffuser l'information.

GIS CRHIS

Je participe au Groupement d'Intérêt Scientifique - Centre de Recherche en Ingénierie Homme-Système. L'analyse des systèmes opérationnels comprenant des intervenants humains montre que des progrès importants restent à faire dans de nombreux secteurs d'activités (défense, chimie, transports, manutentions...), pour rendre ces derniers plus efficaces, plus sûrs ou simplement plus faciles d'utilisation. Il faut concevoir des approches d'intégration complexe. Le champs disciplinaire de l'ingénierie et de l'interaction homme-système appliquées aux systèmes d'information et de la communication (SIC), à travers la valorisation des sciences et technologies de l'information et de la communication (STIC) peut permettre de couvrir ces approches [52, 53, 75]. Il s'agit, à travers l'ingénierie homme-système, d'ancrer les STIC et leurs applications avancées dans le périmètre régional et de soutenir la recherche et l'industrie autour de thématiques suivantes :

- Le transport et la logistique,
- la santé,
- la mémoire des entreprises et le retour d'expérience industriel,
- la maîtrise et la gestion des risques industriels et environnementaux.

Taxis collectifs

Ce projet devrait débuter en 2006. Il concerne la notion de transport collectif et plus particulièrement les "taxis collectifs". Nous partons du constat suivant : les nuisances environnementales (pollution de l'air, émissions de gaz à effet de serre, bruit, insécurité routière), l'augmentation prévisible très importante du prix des carburants, la consommation d'espace de voirie en milieu urbain liés à l'utilisation de la voiture comme moyen de transport majoritaire vont obliger les villes à revoir leurs systèmes d'organisation du

transport afin de réduire à la fois le nombre de kilomètres produits par l'automobile utilisée en tant que moyen individuel de déplacement et le volume de véhicules en circulation dans un espace donné à un instant donné. Ceci nécessite de revoir l'usage des modes de transport en fonction d'une hiérarchie dans le repère espace-temps alors qu'aujourd'hui le réflexe mobilité est d'abord automobile. Cela veut dire améliorer les moteurs, mais aussi réfléchir, modifier et transformer les organisations. Notre domaine d'intervention est plus particulièrement axé sur la gestion des itinéraires en temps réel et la diffusion des informations montantes (du terrain vers les entités de calcul) et descendantes (des entités de calcul vers le terrain) en prenant en compte, les demandes, les contraintes et les évolutions de l'environnement. Des travaux préliminaires ont déjà débuté [23, 24, 25].

Épidémiologie et système immunitaire

Les problèmes de santé publique sont de plus en plus présents dans notre quotidien, l'actualité en témoigne (SIDA, encéphalopathies spongiformes subaiguës transmissibles humaines ESSTH, grippe aviaire, salmonelles, ...) à cela s'ajoute également les problèmes liés à la pollution. Face à ces risques sanitaires les démarches traditionnelles de l'épidémiologie sont parfois désarmées. La conception et l'étude de modèles informatiques et mathématiques peuvent fournir des outils rationnels pour évaluer les risques et pour envisager des scénarios permettant la maîtrise de ces risques.

Une façon originale d'enrichir et de raffiner les modèles épidémiologiques classiques est d'aborder le problème sous l'angle des individus et de leurs interactions. Ceci peut être obtenu par simulation dont on étudie la réponse fonctionnelle afin d'en tirer des modèles plus généraux et dont on identifie les propriétés éventuelles. Cette approche permet de valider les hypothèses effectuées au niveau le plus bas c'est à dire les individus et leurs interactions en observant la trajectoire globale du système exprimant le comportement global d'une population ou d'une sous-population.

Les modèles classiques de l'épidémiologie descriptive étudient fréquemment l'évolution et la propagation de la maladie en terme de lieux, d'espace et de caractéristique des populations concernées. Dans ce cadre il est difficile d'étudier l'existence d'une association entre un facteur de risque et une maladie et déterminer si le lien est causal, du fait notamment du caractère généralement multi-factoriel des pathologies d'origine environnementale, de la latence entre l'exposition et la survenue de l'effet. L'épidémiologie "analytique" en proposant des modèles et en simulant leurs trajectoires peut permettre d'apporter des débuts de réponses [59, 78, 69] et donc mieux estimer en particulier l'importance d'un facteur de risque.

Une attention toute particulière est portée au niveau de la validation en prenant en compte, lorsque cela est possible, les données collectées.

Le système immunitaire des mammifères est au centre des préoccupations d'un grand nombre de biologistes, de vétérinaires et de médecins. Le système immunitaire est constitué par un très grand nombre d'éléments différents en interaction : 10^{10} cellules, réparties en 10^8 spécificités différentes. Une grande partie des propriétés fonctionnelles s'interprètent en termes de mémoire et de reconnaissance, vaccination et tolérance d'une part, distinction du soi et du non-soi de l'autre. Jerne a proposé le fait que la régulation de la réponse

immunitaire était le fait d'un réseau idiotypique. Ce réseau est constitué des différentes espèces cellulaires et moléculaires du système immunitaire ; les nœuds en sont les populations et les concentrations de ces espèces, et les connexions représentent les éventuelles interactions (dites anti-idiotypiques) entre ces nœuds. Deux espèces interagissent si les formes des macromolécules impliquées sont partiellement complémentaires, c'est-à-dire si elles peuvent entrer en contact étroit. Cette condition "universelle" s'applique aussi bien aux antigènes externes, aux macromolécules de notre propre corps (le "soi") comme aux constituants du système immunitaire. Nous travaillons sur un modèle ultra-simplifié du système immunitaire [65] dont les éléments essentiels sont les suivants :

- Les "hypothèses" de N. Jerne sur les interactions anti-idiotypiques entre immunoglobulines ou récepteurs cellulaires.
- Une description très simplifiée des espèces moléculaires et cellulaires en interaction.
- La recherche des propriétés collectives émergentes du réseau. Étant donné les simplifications des modèles, nous ne nous intéressons en fait qu'aux propriétés génériques du système, c'est à dire celles qui ne dépendent pas des détails de la modélisation.
- Ces modèles prennent en compte les aspects dynamiques de la réponse immunitaire : nous sommes donc intéressés par les attracteurs du modèle et plus généralement par son comportement, car c'est de notre point de vue en ces termes que peuvent s'interpréter les propriétés fonctionnelles du système immunitaire : immunisation, vaccination, tolérance, conditions auto-immunes.

La modélisation du système nous offre en retour une nouvelle métaphore concernant les mécanismes d'intelligence collective. En effet, les immunologistes attribue au système immunitaire des capacités "cognitives" : la reconnaissance, l'apprentissage, la mémoire et la distinction soi/non-soi. Le modèle bio-inspiré nous propose donc éventuellement des propriétés voisines et nous nous en servons dans le cadre de détection d'organisations [64, 71].

6.6.3 Responsabilités au sein du LIH puis du LITIS

J'ai été responsable de l'une des équipes (systèmes multi-agents) qui comportait alors 19 des 26 membres du laboratoire. J'ai dirigé cette équipe jusqu'en 2002 puis créé en Juillet 2002 une nouvelle équipe *Modèles Informatiques du vivant* avec deux de mes collègues (Cyrille Bertelle et Frédéric Guinand). Cette équipe regroupe maintenant 7 enseignants-chercheurs et 6 doctorants. Elle a été évaluée positivement fin 2003 et c'est une des équipes sur lequel s'appuie le master recherche "mathématiques et informatique appliquées aux systèmes complexes" (MIASC). Le master MIASC propose de former les étudiants à la recherche dans le domaine de la modélisation des systèmes complexes, provenant essentiellement des domaines du vivant (biologie, écologie et environnement).

Responsabilités	**Années**	**Cadre**
Équipe SMA	1999 - 2002	LIH
Projet TIM	2000 - 2003	Projet européen
Thème système complexe	2002 - 2005	Équipe MIV
Thème distribution "bio-inspirée"	2002 - 2005	Équipe MIV
Équipe MIV	2006	LITIS

6.6.4 Collaborations et animation scientifique

A partir de 2000 je me suis engagé dans une politique de développement et de participation à des collaborations nationales et internationales. Ceci s'est traduit par :

- Un projet Européen (TIM) de 2000 à 2003, que je co-dirigeais avec D. Archambault et qui engageait 5 laboratoires (LIH France, Inserm U483 France, NCFL Suède, TRC Suède, SUN Grande-Bretagne) et des partenaires industriels. Les problèmes de recherche abordés concernent l'ergonomie cognitive, les interactions multimodales et les technologies d'assistance aux personnes handicapées. Ce projet impliquait une trentaine de personnes à plein temps ou à mi-temps. Il a été évalué récemment avec succès.
- L'organisation de Workshops à la Villette en 2001 et 2002 sur l'informatique et l'assistance aux personnes handicapées visuelles.
- L'organisation avec Frédéric Guinand de l'école thématique de bioinformatique label CNRS **ISCB'02** *International School on Computational Biology* au Havre automne 2002. Cette école a regroupé plus de 60 participants en provenance d'une dizaine de pays.
- En 2001, j'ai participé à la mise en place d'une collaboration entre les laboratoires LIH et LIFAR (Rouen) sur le thème de l'application des automates aux systèmes multi-agents. Un groupe de travail réunissant des chercheurs des deux laboratoires a été mis en place.
- L'organisation en 2003 d'une session spéciale *"parallel and distributed bioinformatic applications"* publiées dans LNCS, conférence "Parallel Processing and Applied Mathematics" (PPAM 2003) Czestochowa (Pologne).
- Membre du comité de programme ACM SIGCHI International Conference on Advances in Computer Entertainment Technology ACE 2005, Valence Espagne
- La mise en place en 2003 d'échanges d'étudiants de troisième cycle entre l'université de Gènes et celle du Havre.
- Au montage en 2003 de propositions pour des réseaux d'excellences européens, concernant les systèmes complexes et plus particulièrement les écosystèmes avec l'université de Kiel et de Gènes.
- Participation depuis 2000 au groupement d'intérêt scientifique (GIS) - Centre de Recherche en Ingénierie Homme-Système (CRIHS) financé par la région Haute-Normandie, en collaboration avec EADS et l'université de Rouen.
- Participation au projet Taxis collectifs, avec l'ESIGELEC, le Laboratoire IRSEEM, le CRITT Transport et Logistique, CAP21 pôle de compétences transport et l'agglomération de Rouen.
- Co-organisation du Workshop Emergent Properties in Natural and Artificial Dynamical Systems à Paris en 2005 dans le cadre de l'European Conference on Complex Systems.
- Co-organisateur de l'European Simulation and Modelling Conference ESMC 2006.
- Membre du projet TEMPUS "Education and Training in Applied Complex Systems". L'objectif de ce projet est de développer un réseau international pour la formation aux TIC et la recherche appliquée en sciences des modèles informatiques. Les partenaires sont les universités Al-Balqa et Philadephia (Jordanie), Paris XIII,

Monmouth University (USA), l'université d'Hanovre d'Allemagne, L'université de la Girogne Espagne, et celles de Rouen et du Havre.
- Collaboration sur l'étude des maladies nosocomiales avec Aziz Alaoui (Université du Havre), Pierre Magal (Université du Havre), Erika D'Agata (Beth Israel Deaconess Medical Center, Harvard University), Shigui Ruan (University of Miami) et Glenn Webb (Department of Mathematics, Vanderbilt University).

Arbitrages d'articles pour ESMC, ACM, JESA, GAME'ON, EPNADS ...

6.6.5 Valorisation, gestion de la recherche

Je suis membre de deux commissions de spécialistes 27^{me} section, expert auprès du réseau ORMES concernant la gestion des risques et évaluateur auprès de la commission européenne.

6.6.6 Encadrements de stage de DEA et Master recherche

La majorité des stages ont eu lieu dans le cadre du DEA ITA (Informatique théorique et application) de l'année 2000 à 2004. Ce DEA était porté à la fois par le LIH, le LIFAR (laboratoire d'informatique fondamentale et appliquée de Rouen) et ABISS (ateliers bio-informatique, statistique, et sociolinguistique). Dans ce cadre j'intervenais dans le cours de tronc commun "modélisation et implémentation des systèmes complexes" et encadrais régulièrement des étudiants. Depuis l'année dernière l'encadrement s'effectue au sein du master recherche MIASC.

Année	Étudiant	Titre du travail	% Encadrement
2006	J Franzolini	Système immunitaire artificiel, detection de structures	100
	K Mahboub	Modélisation des processus émotionnels dans la prise de décision	25
	A. Farès	Résistance aux antibiotiques	50
2005	Y Lee	Modélisation d'organisations dynamiques dans les écosystèmes	33
2004	R. Fish	Distribution dynamique d'une modélisation d'écosystème	100
2003	Y. Derrien	Modélisation des interactions et des organisations dynamiques dans les écosystèmes hiérarchiques	50
	L. Lu	Supervision hiérarchique par des méthodes connexionnistes de systèmes distribués - Application au trafic urbain	50
	M. Slimane	Placement automatique d'applications distribuées communicantes par des méthodes d'intelligence collective	50
	I. Zubino	Concept and implementation of complex system model in economy domains. DIP/Savona Genova University (Italy)	30
2002	M. Auzou	Négociations évolutives entre agents à base d'automates	30
	S. Lerebourg	Clustering dynamique appliqué aux écoulements fluides complexes. université d'Orléans	30
	G. Prévost	Mise en œuvre d'un langage orienté objets actifs pour la réalisation de jeux pour aveugles	100
2001	T. Paranthoën	Étude de la concision des langages rationnels et application à l'étude du comportement des agents dans un SMA	30
	A. Dutot	Définition d'un langage orienté objets actifs pour la réalisation de jeux pour aveugles	100

6.6.7 Co-directions de thèses

J'ai participé à l'encadrement de la thèse (soutenue début 2005) de P. Tranouez boursier régional sur le thème des systèmes multi-agents adaptatifs avec application aux écosystèmes. Ce travail s'est prolongé en septembre 2002 par la thèse de G. Prévost (bourse MNESR) que j'ai co-encadré et qui s'est terminée fin 2005. Après nous être principalement intéressés à l'écoulement et ses organisations nous avons abordé les éléments transportés, en particulier tout ce qui concerne les chaînes trophiques.

À partir d'octobre 2001 j'ai co-encadré la thèse financée par la région d'A. Dutot qui portait sur la distribution dynamique adaptative par des mécanismes d'intelligence collective dans le cadre de simulation numérique ainsi que celle de S. Lerebourg qui a débuté en Novembre 2002 et qui porte sur la problématique de la distribution et du

routage dynamique avec application au problème du transport urbain.

Année	**Étudiant**	**Titre du travail**	**% Encadrement**	**Soutenue**
1999	P. Tranouez	Systèmes complexes adaptatifs - application aux écosystèmes	30	2005
2001	A. Dutot	Distribution dynamique adaptative dans le cadre de simulation	100	2005
2002	G. Prevost	Modélisation de chaînes trophiques par SMA	50	2005
2002	S. Lerebourg	Gestion dynamique du routage dans le cadre du trafic urbain par des mécanismes d'intelligence collective	50	
2006	J. Franzolini	Diffusion d'information par réseau AdHoc en situation de crise	50	
2006	M. Nabba	Modéle hybride de flux de population avec changement d'échelle	50	

6.7 Thématique de recherche : Interactions et systèmes complexes

Dans ce qui précéde, j'ai fait une première présentation de mes travaux scientifiques surtout axée sur les projets, la diversité de ces derniers peut éventuellement masquer une forme de cohérence scientifique, mais au cours de ces années passées on retrouve quatre thèmes dominants intimement liés : systèmes complexes, études des interactions, détection des organisations et leur réification et pour finir le vivant. Je propose donc cette autre lecture de mon travail dans ce qui suit.

Objet de recherche	Syst. complexe	Interactions	Détection des organisations	Vivant
Supervision de processus	■	■	Une première ébauche	
Flux hydrodynamique	■	■	■	Modèle
Chaînes trophiques	■	■	■	Modèle
Distribution adaptative	■	■	■	Métaphore
Séquençage par hybridation			■	Modèle
Résistance aux antibiotiques	■	■	■	Modèle et au service
Système immunitaire	■	■	■	Modèle et au service
Système immunitaire artificiel	■	■	■	Métaphore
Informatique pour le handicap		Homme-Système		Au service

> *Système* : « Totalité organisée, faite d'éléments solidaires ne pouvant être définis que les uns par rapport aux autres en fonction de leur place dans cette totalité » **F. de Saussure**

L'ensemble de mes travaux a donc pour thème général les systèmes complexes et plus généralement l'étude des interactions dans laquelle la simulation y a une part prépondérante. La notion d'interaction y est pris dans sa globalité, puisque l'on considère bien souvent l'utilisateur comme faisant partie inhérente du système et donc interagissant. On utilise l'expérimentation in silico [49] qui tente d'incarner dans un matériel non biochimique des processus inhérents au vivant. Parmi ces processus on retrouve des fonctionnalité dites émergentes, des processus d'interactions sensori-moteurs avec l'environnement, et des mécanismes évolutifs soit «d'apprentissage» soit «néo-Darwinien». La finalité est triple, d'abord offrir aux biologistes ou chimistes des environnements informatiques qu'ils pourraient facilement paramétrer de manière à simuler les processus naturels qu'ils étudient. Ensuite découvrir de nouvelles lois comportementales propres à ces systèmes à un niveau d'abstraction tel que ces lois s'appliqueraient à un ensemble de systèmes biologiques, par exemple le nombre d'attracteurs comme une fonction du nombre d'unités composant ces systèmes, la tendance intrinsèque à faire émerger des sous-systèmes auto-maintenus ou finalement l'incroyable complexité qui peut apparaître à un certain niveau d'observation de ces systèmes alors qu'au niveau juste en-dessous les mécanismes décrits sont élémentaires. Finalement la nature offre des modèles en particulier robustes et adaptatifs et elle est une source d'inspiration pour l'informatique. La dernière motivation est donc l'apprentissage de nouvelles méthodologies métaphoriques pour la conception d'artefacts de type infor-

[49] in silicio ferait plus latiniste mais n'est pas le terme consacré !

matique. L'idée est d'utiliser l'informatique pour sa force brute et sa capacité intrinsèque à essayer en un minimum de temps des combinaisons quasi infinies de possibles solutions à un problème, jusqu'à trouver malgré la simplicité de la procédure une solution complexe et inattendue à ce problème, cette recherche en aveugle est néanmoins guidée souvent par les propriétés et les comportements du système considéré.

Ferdinand de Saussure (cf. ci-dessus) nous propose une définition des systèmes particulièrement intéressante, et met en évidence le concept d'organisation en le liant à celui de totalité et d'interrelation. Autrement dit, les interrelations entre éléments, événements ou individus, dès lors qu'elles ont un caractère régulier ou stable, deviennent organisationnelles et constituent une matrice créatrice, attractive et éventuellement stable et durable. L'organisation lie alors de façon interrelationnelle des éléments, des événements ou des individus qui deviennent les composants d'un tout. Elle assume solidarité et solidité relative à ces liaisons, et assure au système une certaine possibilité de durée en dépit de perturbations aléatoires. L'organisation donc : transforme, produit, relie, maintient. Edgard Morin dans «La Méthode» propose d'ailleurs le néologisme *organisaction* pour bien montrer le caractère actif. D'autre part cette organisation peut être issue du système lui-même et donc exhiber les caractéristiques de l'auto-organisation qui correspond à l'aptitude d'un système à «s'instituer» ou à «s'auto-constituer» en produisant ses propres principes d'organisaction de façon ininterrompue. Matura et Varela vont plus loin encore en parlant d'auto-poïese, qu'ils considèrent comme la capacité ou l'aptitude qu'a un système vivant de s'auto-produire de façon permanente, de créer constamment et sans discontinuer ses conditions d'existence. Les produits de l'organisation et du fonctionnement de l'être poïétique sont ceux-là mêmes qui produisent son organisation et son fonctionnement. L'auto-poïese ou réorganisation permanente est une catégorie applicable à tout l'ordre biologique, et, par extension, à l'ordre social humain. La détection des organisactions constitue donc un des point central de mon travail, lorsqu'elles sont détectées, elles sont réifiés puis réintroduite dans la simulation.

Quatrième partie

Conclusion

Chapitre 7

En guise de conclusion

Sommaire

7.1 Et pour finir 200
7.2 Perspectives 200

7.1 Et pour finir

La conclusion de ce travail ne m'appartient pas. Ce sont tous ceux qui y ont participé qui pourront dans l'avenir en être éventuellement les auteurs. Mes travaux de recherche se sont nourris de leurs travaux et de leurs idées novatrices au sein d'une discipline en constante évolution, guidés par un projet fédérateur porté par Cyrille Bertelle, Frédéric Guinand et moi-même et rendu possible par Alain Cardon qui a su ouvrir la voie et nous soutenir. Ceci ne s'est pas fait sans mal, il a fallu construire et encore construire. D'abord développer une filière d'enseignement inexistante afin que l'informatique trouve sa place localement face à un public étudiant demandeur et ensuite développer la recherche, puis sa recherche. Je crois que nous sommes collectivement sur la bonne voie après avoir créé un laboratoire d'informatique au niveau haut-normand permettant une meilleure synergie et une meilleure visibilité nationale dans l'attente de plus encore.

Ce document se termine et je ne peux faire semblant d'ignorer les critiques entendues maintes fois[50], concernant la démarche empirique dans laquelle mes travaux s'inscrivent parfois. Il suffit de parler de distribution dynamique de charge à l'aide de mécanisme d'intelligence collective pour que l'on vous demande systématiquement la preuve de la convergence et la complexité algorithmique en oubliant souvent que vous travaillez dans un environnement en constante reconfiguration. Pour savantifier[51], vous allez alors considérer un graphe complet non valué de N sommets, puis p fourmis numériques et une fonction linéaire d'évaporation et d'autres conditions encore, alors sous ces hypothèses vous allez montrer que l'algorithme converge. Mais où est le problème de départ ? Il s'agit d'un autre problème, sans doute tout aussi intéressant et noble. Que l'on se comprenne bien, ce n'est pas l'idée de chercher une preuve formelle que je conteste, mais la question lorsqu'elle est posée dans un esprit de facilité sous entendant que vous n'avez pas une démarche scientifique. Être scientifique c'est comprendre et transmettre cette compréhension dans un langage le plus rigoureux possible. Tout mot doit avoir un sens intelligible par les autres (au moins dans votre communauté) et votre description doit décrire une observation ou un raisonnement reproductible et respecter la règle de réfutabilité. Nos propositions sont reproductibles et réfutables par l'expérience.

7.2 Perspectives

Les activités que j'ai développées, au début de ma carrière, concernant la mise en place de l'équipement informatique et des second et troisième cycles à l'UFR ST, ont nécessitées des investissements lourds en pédagogie et en administration, au cours de longues années, pendant lesquelles j'ai maintenu une activité de recherche et d'encadrement doctoral. Ces travaux accomplis, mes orientations ont été depuis ces six dernières années, de consacrer plus de temps à la recherche sans me désinvestir totalement des activités d'enseignements et administratives. Je souhaite participer activement aux actions nécessaires pour mettre sur pied un laboratoire reconnu, encore plus largement, localement,

[50] Je ne crois pas être le seul à les avoir entendues.

[51] J'espère que l'on me pardonnera ce barbarisme.

régionalement et nationalement ceci conduisant dans un avenir que j'espère proche à une reconnaissance CNRS. Je suis persuadé que le déploiement des actions de recherche et leurs consolidations sont des enjeux importants pour l'avenir de l'université du Havre, et plus généralement, de l'université.

Pour les années futures, le thème de recherche que je souhaite privilégier reste l'étude, la modélisation et la simulation de processus et d'organisations observés dans le monde du vivant, avec en particulier l'étude des écosystèmes et des réseaux d'interactions, mais aussi la conception de méthodes bio-inspirées avec les algorithmes d'intelligence collective et la co-évolution, par exemple. J'espère poursuivre et développer les collaborations que j'ai initiées et également renforcer les liens nationaux et internationaux[52], en développant des sujets de recherche transversaux.

Terminons par un plaidoyer pour l'informatique en tant que science et non comme technologie. Cela se veut un discours militant et qui peut permettre je l'espère d'expliquer mon positionnement.

L'informatique a envahi notre quotidien, dans nos civilisations, bien rare sont ceux qui ne sont pas utilisateurs de cette technologie directement ou indirectement et c'est bien là que le bat blesse. Chacun d'entre nous en a une image vue au travers du prisme déformant de nos utilisations quotidiennes, de fait, elle occupe une place sociale et économique très importante et indéniable. Qui d'entre nous n'a jamais entendu devant un guichet : «c'est la faute de l'informatique» suite à une récrimination quelconque ? Qui a déjà entendu lors d'un accident de la route «c'est la faute à la physique» ? A cette deuxième question, osons une réponse, personne ! On n'accuse pas une science, mais ses applications ! Et pourtant, l'**INFORMATIQUE EST UNE SCIENCE**, la science des modèles computables[53] et de leur mise en œuvre. L'informatique comme toute science participe à la connaissance du monde mais elle rend en plus celles-ci symbiotiques. Elle transforme les modèles particuliers des autres disciplines en modèles computables qui deviennent de ce fait des modèles effectifs ceci en offrant ses systèmes, ses architectures et ses représentations et ses propres modèles. Elle permet de valider, justifier et simuler des modèles et leurs implémentations.

Là où les mathématiques apportent le formalisme aux autres sciences, l'informatique permet d'exprimer les comportements. Comme toute autre science elle ouvre des perspectives enthousiasmantes, en particulier en nous proposant la vie artificielle ou encore la possibilité d'étudier les systèmes dans leur complexité sans les réduire. C'est donc plus spécialement ces deux derniers points que mon travail de recherche aborde et abordera dans le futur.

> *Le disegno est d'une excellence telle qu'il ne fait pas que montrer les œuvres de la nature, mais qu'il en produit un nombre infiniment plus varié. Il surpasse la nature parce que les formes élémentaires de la nature sont limitées, alors que les œuvres que l'oeil exige des mains de l'homme sont illimitées.*
>
> **Léonard de Vinci, Cahiers.**

[52] Ceci me permettra de progresser en Anglais !

[53] Certes c'est un néologisme, mais c'est aussi une réappropriation du substantif computation que les anglo-saxons nous ont emprunté pour faire computer - ordinateur -

Cinquième partie

Bibliographie

Chapitre 8

Bibliographie

Sommaire

8.1 Références bibliographiques 206
8.2 Publications 214
8.2.1 Revues et Ouvrages collectifs 214
8.2.2 Publications internationales avec actes et comité de lecture 215
8.2.3 Conférences nationales avec actes et comité de lecture . . . 217
8.2.4 Rapports européens IST 218
8.2.5 Rapports régionaux 218
8.2.6 Rapports internes - Séminaires 218
8.2.7 Quelques travaux encadrés 219

8.1 Références bibliographiques

[Abbott, 2006] Abbott, R. (2006). Emergence explained. In *6th International Conference on Complex Systems (ICCS)*.

[Adai et al., 2004] Adai, A., Date, S., Wieland, S., and Marcotte, E. (2004). Lgl : creating a map of protein function with an algorithm for visualizing very large biological networks. *Molecular Biology*, 340(1) :179–190.

[Amar et al., 2004] Amar, P., Cornet, J.-P., Képès, F., and Norris, V., editors (2004). *Proceedings of the Evry Spring School on "Modelling and Simulation of Biological Processes in the Context of Genomics"*.

[Aristote, 2002] Aristote (2002). *Éthique à Nicomaque*. Flammarion.

[Arthur et al., 1997] Arthur, W. B., Durlauf, S., and Lane., D. A. (1997). *The Economy as an Evolving Complex System II*, chapter Introduction : Process and Emergence in the Economy, pages 1–14. Addison-Wesley, Reading, Mass.

[Audi, 1995] Audi, R., editor (1995). *The Cambridge Dictionary of Philosophy*. Cambridge University Press.

[Austin et al., 1999] Austin, D., Bonten, M. J. M., Weinstein, R. A., Slaughter, S., and Anderson, R. (1999). Vancomycin-resistant enterococci in intensive-care hospital settings : Transmission dynamics, persistence, and the impact of infection control programs. *PNAS*, 96(6908) :6908–6913.

[Bagrow and Bollt, 2005] Bagrow, J. P. and Bollt, E. M. (2005). Local method for detecting communities. *Physical Review E*, 72(4) :11.

[Bains and Smith, 1988] Bains, W. and Smith, G. C. (1988). A novel method for nucleic acid sequence determination. *Journal of Theoretical Biology*, 135 :303–307.

[Bak, 1996] Bak, P. (1996). *How Nature works : the science of self-organized criticality*. Springer-Verlag.

[Bak et al., 1987] Bak, P., Tang, C., and Wiesenfeld, K. (1987). Self-organized criticality : An explanation of the 1/f noise. *Physical Review Letters*, 59(4) :381–384.

[Bak et al., 1988] Bak, P., Tang, C., and Wiesenfeld, K. (1988). Self-organized criticality. *Phys. Rev. A*, 38(1) :364–374.

[Baude et al., 2000] Baude, F., Caromel, D., Huet, F., and Vayssier, J. (2000). Communicating mobile active object in java. In *Proceedings of HPCN Europe*.

[Bedau, 1996] Bedau, M. A. (1996). *The Philosophy of Artificial Life*, chapter The Nature of Life, pages 332–357. Oxford University Press.

[Bedau, 1997] Bedau, M. A. (1997). *Philosophical Perspectives : Mind, Causation, and World*, volume 11, chapter Weak Emergence, pages 375–399. Blackwell Publishers.

[Bedau, 2003] Bedau, M. A. (2003). Downward causation and autonomy in weak emergence. *Principia*, 6 :5–50. special issue on emergence.

[Ben-Jacob and Levine, 2004] Ben-Jacob, E. and Levine, H. (2004). Des fleurs de bactéries. *Pour la Science - Les formes de la vie*, HS-44 :78–83.

[Beni and Wang, 1989] Beni, G. and Wang, J. (1989). Swarm intelligence in cellular robotic systems. In *NATO Advanced Workshop on Robots and Biological Systems*, Il Ciocco, Tuscany, Italy.

[Bennett, 1986] Bennett, C. (1986). On the Nature and Origin of complexity in Discrete, Homogenous, Locally-Interacting Systems. *Foundations of Physics*, 16 :585–592.

[Bennett, 1988] Bennett, C. (1988). Logical Depth and Physical Complexity. In Herken, R., editor, *The Universal Turing Machine, A Half-Century Survey*, pages 227–257. Oxford University Press, Oxford.

[Bennett, 1990] Bennett, C. H. (1990). How to Define Complexity in Physics, and Why. In Zurek, W., editor, *Complexity, Entropy and the Physics of Information*, pages 137–148. Addison-Wesley, Redwood City California.

[Bergstrom et al., 2004] Bergstrom, C., Lo, M., and Lipsitch, M. (2004). Ecological theory suggests that antimicrobial cycling will not reduce antimicrobial resistance in hospitals. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1001 :13285–13290.

[Bonabeau and Dessalles, 1997] Bonabeau, E. and Dessalles, J.-L. (1997). Detection and emergence. *Intellectica*, 2(25).

[Bonabeau et al., 1999] Bonabeau, E., Dorigo, M., and Theraulaz, G. (1999). *Swarm Intelligence : from natural to artificial systems*. Oxford University Press.

[Bonabeau et al., 1997] Bonabeau, E., Theraulaz, G., Deneubourg, J.-L., and Camazine, S. (1997). Self-organisation in social insects. *Trends in Ecology and Evolution*, 12(5) :188–193.

[Broad, 1925] Broad, C. D. (1925). *The Mind and Its Place in Nature*. Routledge & Kegan Paul, London. `http://www.ditext.com/broad/mpn/mpn.html`.

[Burke, 2003] Burke, J. (2003). Infection control : a problem for patient safety. *N Engl J Med*, 348(7) :651–657.

[Burnet and Fenner, 1941] Burnet, F. and Fenner, F. (1941). *The production of antibodies*. MacMillan.

[Capra, 2003] Capra, F. (2003). *La Toile de la vie : Une nouvelle interprétation scientifique des systèmes vivants*. Editions du Rocher.

[Cardon, 2005] Cardon, A. (2005). *La complexité organisée — Systèmes adaptatifs et champ organisationnel*. Hermes Lavoisier.

[Carneiro and Stewart, 1995] Carneiro, J. and Stewart, J. (1995). Self and Nonself Revisited : Lessons from Modelling the Immune Network. In Springer-Verlag, editor, *Third European Conference on Artificial Life*, pages 405–420, Granada, Spain.

[Casey and Pichichero, 2005] Casey, J. and Pichichero, M. (2005). Meta-analysis of short course antibiotic treatment for group a streptococcal tonsillopharyngitis. *Paediatr. Infect. Dis.*, 24 :909–917.

[Casti, 1994] Casti, J. (1994). *Complexification. Explaining a Paradoxical World through the Science of Surprise*. HarperCollins, New-York.

[Caston, 1997] Caston, V. (1997). Epiphenomenals, Ancient and Modern. *Philosophical Review*, 106 :309–363.

[Chaitin, 2001] Chaitin, G. (2001). *Exploring Randomness*. Springer-Verlag.

[Chalmers, 1996] Chalmers, D. J. (1996). *The Conscious Mind : In Search of a Fundamental Theory*. Oxford University Press.

[Chalmers, 2002] Chalmers, D. J. (2002). Varieties of emergence. Workshop on emergence in Granada.

[Chaté and Grégoire, 2004] Chaté, H. and Grégoire, G. (2004). La forme des groupements animaux. *Pour la Science - Les formes de la vie*, HS-44 :57–61.

[Chatenoud et al., 2001] Chatenoud, L., Salomon, B., and J.A.Bluestone (2001). Suppressor T cells. They're back and critical for regulation of autoimmunity ! . *Immunol Rev*, 182 :149–163.

[Chorin, 1973] Chorin, A. (1973). Numerical study of slightly viscous fluid. *J. Fluid Mech.*, 57 :785–796.

[D. L. DeAngelis, 1992] D. L. DeAngelis, L. J. G. (1992). *Individual-based models ans approaches in ecology : populations, communities and ecosystems*. Chapman and Hall - New York.

[D'Agata et al., 2005] D'Agata, E., Horn, M., and Webb, G. (2005). A mathematical model quantifying the impact of antibiotic exposure and other interventions on the endemic prevalence of vancomycin-resistant enterococci. *J. Infect. Dis.*, 192(11) :2004–2011.

[Danon et al., 2005] Danon, L., Duch, J., Diaz-Guilera, A., and Arenas, A. (2005). Comparing community structure identification. *Stat. Mech.*, P09008.

[Dauvin, 1999] Dauvin, J.-C. (1999). Patrimoine biologique et chaînes alimentaires. In *Programme Scientifique Seine-Aval*, volume 7. IFREMER édition.

[Dawkins, 1978] Dawkins, R. (1978). *Le gène égoïste*. Editions Menges.

[de Rosnay, 1975] de Rosnay, J. (1975). *Le Macroscope, vers une vision globale*. Seuil.

[de Saussure, 1931] de Saussure, F. (1931). *Cours de linguistique générale*. Payot, Geneva.

[DeCastro and Timmis, 2001] DeCastro, L. and Timmis, J. (2001). *Artificial Immune Systems : A New Computational Intelligence Approach*. Springer.

[Deguet et al., 2005] Deguet, J., Demazeau, Y., and Magnin, L. (2005). Elements about the emergence issue. a survey of emergence definitions. In *European Conference on Complex Systems (ECCS)*, Paris France.

[Delahaye, 1999] Delahaye, J.-P. (1999). *Information, Complexité et Hasard*. Hermès.

[Dessalles, 1992] Dessalles, J.-L. (1992). Aspects cognitifs de l'émergence. In Amy, B., E., B., Dessalles, J., Ducret, J., Giacometti, A., and Grumbach, A., editors, *Emergence dans les modèles de cognition*, pages 47–59.

[Dorigo et al., 1996] Dorigo, M., Maniezzo, V., and Colorni, A. (1996). The ant system : optimization by a colony of cooperating agents. *IEEE Trans. Systems Man Cybernet.*, 26 :29–41.

[Dorigo and Stützle, 2004] Dorigo, M. and Stützle, T. (2004). *Ant Colony Optimization*. MIT Press.

[Drmanac et al., 2002] Drmanac, R., Drmanac, S., Chui, G., Diaz, R., Hou, A., Jin, H., Jin, P., Kwon, S., Lacy, S., B.Moeur, Shafto, J., Swanson, D., Ukrainczyk, T., Xu, C., and Little, D. (2002). Sequencing by hybridization (sbh) : advantages, achievements, and opportunities. *Advances in Biochemical Engineering/Biotechnology*, 77 :75–101.

[Drmanac et al., 1989] Drmanac, R., Labat, I., Brukner, I., and Crkvenjakov, R. (1989). Sequencing of megabase plus DNA by hybridization : theory and the method. *Genomics*, 4 :114–128.

[Drogoul and Dubreuil, 1992] Drogoul, A. and Dubreuil, C. (1992). Eco-Problem-Solving Model : Results of the N-Puzzle. In Demazeau, Y. and Werner, E., editors, *Decentralize Artificial Intelligence III*, pages 283–295. North Holland.

[Duran, 2003] Duran, J. (2003). *Sables émouvants - La physique du sable au quotidien -*. Belin - Pour la science.

[Dutot et al., 2004] Dutot, A., Guinand, F., and Olivier, D. (2004). Grille parcourant une autre grille. `http://www-lih.univ-lehavre.fr/~dutot/videos/MovingStruct2.avi`.

[Dutot and Olivier, 2006a] Dutot, A. and Olivier, D. (2006a). Graph extracted from the amazon.com databases, colored with 5 colors. `http://www-lih.univ-lehavre.fr/~dutot/videos/videoGraphAmazon15_5colors.avi`.

[Dutot and Olivier, 2006b] Dutot, A. and Olivier, D. (2006b). Graph extracted from the amazon.com databases, colored with 8 colors. `http://www-lih.univ-lehavre.fr/~dutot/videos/videoGraphAmazon30.avi`.

[Dutot and Olivier, 2006c] Dutot, A. and Olivier, D. (2006c). Protein homology graph colored with 6 colors. `http://www-lih.univ-lehavre.fr/~dutot/videos/ProteinHomology1.avi`.

[Emmeche et al., 2000] Emmeche, C., Køppe, S., and Stjernfelt, F. (2000). *Downward Causation. Minds, Bodies and Matter*, chapter Levels, Emergence, and Three Versions of Downward Causation, pages 13–34. Århus : Aarhus University Press.

[Farmer et al., 1986] Farmer, J., Packard, N., and Perelson, A. (1986). The immune system and adaptation and machine learning. *Physica D*, 22 :187–204.

[Farr, 2001] Farr, B. (2001). *Lancet Infect. Dis.*, 1(38).

[Ferber, 1995] Ferber, J. (1995). *Les systèmes multi-agents, vers une intelligence collective*. InterEditions, Paris.

[Fitzgibbon et al., 1996] Fitzgibbon, A., Pilu, M., and Fisher, R. (1996). Direct least squares fitting of ellipses. Technical report, Edinbourg University.

[Forrest, 1990] Forrest, S. (1990). Emergent computation : Self-organizing, Collective, and Cooperative Phenomena in Natural and Artificial Computing Networks. In MIT Press, Cambridge, M., editor, *emergent computation*, pages 1–11. ninth annual CNLS Conference, in "emergent computation".

[Freitas and Rocha, 1999] Freitas, A. and Rocha, B. (1999). Peripheral T cell survival. *Curr Opin Immunol*, 11 :152–156.

[Frontier and Pichet-Viale, 1998] Frontier, S. and Pichet-Viale, D. (1998). *Ecosystèmes*. Dunod.

[Gander et al., 1994] Gander, W., Golub, G., and Strebel, R. (1994). Fitting of circles and ellipses - least squares solution. Technical report, ETH Zurich.

[Ganguly et al., 2003] Ganguly, N., Sikdar, B. K., Deutsch, A., Canright, G., and Chaudhuri, P. P. (2003). A Survey on Cellular Automata. Technical report, Centre for High Performance Computing, Dresden University of Technology.

[Garey and Johnson, 1979] Garey, M. and Johnson, D. (1979). *Computers and intractability : A guide to the theory of NP-completeness*. W.H. Freeman, New York.

[Girvan and Newman, 2002] Girvan, M. and Newman, M. E. J. (2002). Community structure in social and biological networks. *Proceedings of the National Academy of Sciences of The United States of America*, 99 :7821–7826.

[Grassé, 1959] Grassé, P.-P. (1959). La reconstruction du nid et les coordinations interindividuelles chez belicositermes natalensis et cubitermes s.p. la théorie de la stigmergie : essai d'interprétation du comportement des termites constructeurs. *Insectes sociaux*, 6 :41–80.

[Green, 1993] Green, D. G. (1993). *Complex systems - from Biology to Computation*, chapter Emergent behaviour in biological systems, pages 24–35. IOS Press, Amsterdam.

[Greengard and Rokhlin, 1987] Greengard, L. and Rokhlin, V. (1987). A fast algorithm for particle simulations. *J. of Comp. Phys*, 73 :325–348.

[Guézennec, 2000] Guézennec, L. (2000). Programme scientifique seine-aval : un estuaire et ses problèmes. IFREMER.

[Hernquist, 1987] Hernquist, L. (1987). Performance characteristics of tree codes. *Astrophysical Journal Supplement Series*, 64 :715–734.

[Holling, 1959] Holling, C. (1959). Some characteristics of simple types of predation and parasitism. *Canad. Entomol.*, 91 :385–398.

[Holmberg et al., 1987] Holmberg, S., Solomon, S., and Blake, P. (1987). Health and economic impacts of antimicrobial resistance. *Rev Infect Dis*, 9(6) :1065–1078.

[Hooper and Gordon, 2001] Hooper, L. and Gordon, J. (2001). Commensal host-bacterial relationships in the gut. *Science*, 292 :1115–1118.

[Horgan, 1996] Horgan, J. (1996). *The End of Science, Facing the limits of Knowledge in the Twilight of the Scientific Age*. Addison Wesley Publishing Co.

[Huberman and Hogg, 1988] Huberman, B. and Hogg, T. (1988). The behavior of computational ecologies. In Huberman, B., editor, *The Ecology of Computation*, pages 77–115. Elsevier Science, North-Holland, Amsterdam.

[Janeway et al., 2001] Janeway, C., Travers, P., Walport, M., and Shlomchik, M. (2001). *Immunobiology - International Editon : The Immune System in Health and Disease*. Harcourt Publishers Ltd.

[Jerne, 1974] Jerne, N. (1974). Toward a network theory of the immune system. *Annales d'immunologie*, 125(C) :273–289.

[Jones, 2003] Jones, S. (2003). Organizing relations and emergence. In *ICAL 2003 : Proceedings of the eighth international conference on Artificial life*, pages 418–422, Cambridge, MA, USA. MIT Press.

[Kappler et al., 1987] Kappler, J., Roehm, N., and Marrack, P. (1987). T cell tolerance by clonal elimination in the thymus. *Cell*, 49 :273–280.

[Kennedy and Eberhart, 2001] Kennedy, J. and Eberhart, R. C. (2001). *Swarm Intelligence*. Morgan Kaufmann Publishers.

[Kim, 1999] Kim, J. (1999). Making Sense of Emergence. *Philosophical studies*, 95 :3–36.

[Knuth, 1997] Knuth, D. E. (1997). *The Art of Computer Programming : volume 1, Fundamental Algorithms*. Reading, Massachusetts : Addison-Wesley.

[Kolmogorov, 1965] Kolmogorov, A. (1965). Three Approaches for Defining the Concept of Information Quantity. *Information Transmission*, 1 :3–11.

[Koopman et al., 2002] Koopman, J., Jacquez, G., Simon, C., and Riolo, C. (2002). Stochastic effects on endemic infection levels of disseminating versus local contacts. *Math. Biosci*, 180 :49–71.

[Le Moigne, 1990] Le Moigne, J.-L. (1990). *La modélisation des systèmes complexes*. Bordas.

[Li and Vitanyi, 1993] Li, M. and Vitanyi, P. M. B. (1993). *An Introduction to Kolmogorov Complexity and Its Applications*. Springer-Verlag, Berlin.

[Lysov et al., 1988] Lysov, Yu, P., Florentiev, V. L., Khorlin, A. A., Khrapko, K. R., Shik, V. V., and Mirzabekov, A. D. (1988). Determination of the nucleotide sequence of DNA using hybridization with oligonucleotides. *Doklady Akademii Nauk SSSR*, 303 :1508–1511.

[Léonard, 1980] Léonard, A. (1980). Vortex methods for flow simulation. *Journal of Computational Physics*, 37 :289–335.

[M. R. Jean, 1997] M. R. Jean (1997). Emergence et sma. In Quinqueton, J., Thomas, M.-C., and Trousse, B., editors, *IA distribuée et systèmes multi-agents, JFIADSMA'97*, pages 323–341. Hermès.

[Marcenac, 1998] Marcenac, P. (1998). Modeling multiagent systems as self-organized critical systems. In Dolk, D. R., editor, *31th Hawaii International Conference on System Sciences*, volume 5, pages 86–95. ,HICSS-31, IEEE Computer Society Press.

[Maturana, 1981] Maturana, H. R. (1981). *Autopoieses*, chapter Autopoieses - a theory of living organization, pages 22–33. North Holland.

[Maturana and Varela, 1994] Maturana, H. R. and Varela, F. (1994). *L'arbre de la connaissance*. Addison-Wesley.

[Matzinger, 1998] Matzinger, P. (1998). An innate sense of danger. *Seminars in Immunology*, 10 :399–415.

[Merleau-Ponty, 1942] Merleau-Ponty, M. (1942). *La structure du comportement*. Presses Universitaires de France.

[Mill, 1843] Mill, J. S. (1843). *System of Logic*. Longmans, Green, Reader, and Dyer.

[Morel and Ramanujam, 1999] Morel, B. and Ramanujam, R. (1999). Through the Looking Glass of Complexity : the Dynamics of Organisations as Adaptive an Evolving Systems. *Organization Science*, 10(3) :278–293.

[Morin, 1981] Morin, E. (1981). *La méthode - 1 - La nature de la nature*. Seuil, Nouvelles Éditions.

[Morin, 1990] Morin, E. (1990). *Introduction à la pensée complexe*. ESF éditeur.

[Neumann, 1966] Neumann, J. V. (1966). *Theory of Self-Reproducing Automata*. University of Illinois Press, Urbana.

[Newman, 2004a] Newman, M. (2004a). Detecting community structure in networks. *Eur. Phys. J. B.*, 38 :321–330.

[Newman, 2004b] Newman, M. E. J. (2004b). Fast algorithm for detecting community structure in networks. *Physical Review E*, 69 :066133.

[Newman, 2004c] Newman, M. E. J. (2004c). Finding and evaluating community structure in networks. *Physical Review E*, 69 :026113.

[Oudin and Michel, 1963] Oudin, J. and Michel, M. (1963). Une nouvelle forme d'allotypie des globulins * du serum de lapin, apparement liée a la fonction et a la spécificité anticorps. *CR Acad Sci*, 257 :805–808.

[Paczuski and Nagel, 1996] Paczuski, M. and Nagel, K. (1996). Self-organized criticality and $1/f$ noise in traffic. In Wolf, D., Schreckenberg, M., and Bachem, A., editors, *Traffic and Granular Flow*, pages 73–86.

[Palumbi, 2001] Palumbi, S. (2001). *Science*, 1786.

[Pavé, 1994] Pavé, A. (1994). *Modélisation en écologie et en biologie*. Aléas.

[Pevzner, 1989] Pevzner, P. (1989). l-tuple DNA sequencing : computer analysis. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*, 7 :63–73.

[Pour la science, 2004] Pour la science (2004). La complexité. la science du xxi^{e} siècle. Paris.

[Prigogine, 1980] Prigogine, I. (1980). *From Being to Becoming. Time and Complexity in the Physical Sciences*. W.H. Freeman, San Francisco.

[Prigogine, 1999] Prigogine, I. (1999). *Le loi du chaos*. Flammarion.

[Prigogine and Stengers, 1985] Prigogine, I. and Stengers, I. (1985). *Order out of Chaos. Man's New Dialogue with Nature*. Harper Collins Publications, New-York.

[Protégé team, 2000] Protégé team (2000). The protégé project. `http://protege.stanford.edu`.

[Provitolo, 2002] Provitolo, D. (2002). *Risque urbain, catastrophes et villes méditerranéennes*. PhD thesis, Université de Nice Sophia-Antipolis, UMR 6012 ESPACE.

[Rajchenbach, 2002] Rajchenbach, J. (2002). Development of grain avalanches. *Phys. Rev. Lett.*, 89(7) :074301.

[Resnick, 2000] Resnick, M. (2000). *Turtles, Termites and Traffic Jams*. MIT Press.

[Reynolds, 1987] Reynolds, C. W. (1987). Flocks, Herds, and Schools : A Distributed Behavioral Model. *Computer Graphics*, 21(4) :25–34. SIGGRAPH '87 Conference.

[Rosenthal and Visetti, 1999] Rosenthal, V. and Visetti, Y.-M. (1999). Sens et temps de la gestalt. *Intellectica*, 1(28) :147–227.

[Rothman and Zaleski, 1994] Rothman, D. H. and Zaleski, S. (1994). Lattice-gas models of phase separation : interfaces, phase transitions, and multiphase flow. *Rev. Mod. Phys.*, 66(4) :1417–1479.

[Santa Fe Institute, 2006] Santa Fe Institute (2006). `http://www.santafe.edu/`. Web. Consulté le 4 Août 2006.

[Schwarz, 1994] Schwarz, E. (1994). A meta model to interpret emergence evolution and functioning of viable natural systems. In *Cybernetics and Systems'94*, volume 2, pages 1575–1586. World Scientific'94.

[Searle, 1992] Searle, J. (1992). *The Rediscovery of the Mind. Cambridge.* MA : MIT Press.

[Serugendo et al., 2006] Serugendo, G. D. M., Gleizes, M.-P., and Karageorgos, A. (2006). Self-organisation and emergence in mas : An overview. *Informatica*, 30(1) :45–54.

[Shannon, 1948] Shannon, C. E. (1948). A mathematical theory of communication. *Bell System Technical Journal*, 27 :379–423 and 623–656. `http://pespmc1.vub.ac.be/books/Shannon-TheoryComm.pdf`.

[Shrödinger, 1944] Shrödinger, E. (1944). *What is life.* Mac Millan, New York.

[Simon and Nagel, 1998] Simon, P. M. and Nagel, K. (1998). Simplified cellular automaton model for city traffic. *Phys. Rev. E*, 58(2) :1286–1295.

[Soper et al., 2004] Soper, A. J., Walshaw, C., and Cross, M. (2004). A combined evolutionary search and multilevel optimisation approach to graph partitioning. *Global Optimization*, 29(2) :225–241. originally published as Univ. Greenwich Tech. Rep. 00/IM/58).

[Soper et al., 2005] Soper, A. J., Walshaw, C., and Cross, M. (2005). Graph partitioning archive. `http://staffweb.cms.gre.ac.uk/~c.walshaw/partition/`. Consulté le 9/05/2005.

[Stewart and Varela, 1994] Stewart, J. and Varela, F. (1994). *Intelligence Collective*, chapter L'intelligence collective des lymphocytes : le système immunitaire est-il cognitif ?, pages 145–155. Hermès.

[Swanson, 2006] Swanson, M. (2006). Antlion pit : A doodlebug anthology. Web `www.antlionpit.com/`. Consulté le 4 Août 2006.

[Tansley, 1935] Tansley, A. G. (1935). The use and abuse of vegetational concepts and terms. *Ecology*, (3) :284–307.

[Tauber, 2000] Tauber, A. (2000). Moving beyond the immune self ? *Seminars in immunology*, 12 :241–248.

[Théraulaz and Bonabeau, 1997] Théraulaz, G. and Bonabeau, E. (1997). *Auto-Organisation et Comportement*, chapter Auto-Organisation et comportement collectifs : la modélisation des sociétés d'insectes, pages 91–140. Hermes, guy théraulaz and françois spitz edition.

[Vasselle, 2006] Vasselle, A. (2006). Rapport sur la politique de lutte contre les infections nosocomiales. Technical report, Sénat.

[von Bertalanffy, 1973] von Bertalanffy, L. (1973). *Théorie générale des systèmes*. Dunod.

[von Bertalanffy, 1975] von Bertalanffy, L. (1975). *Perspective on General Systems Theory*. Braziller, New York.

[Walter, 1994] Walter, H. (1994). *L'aventure des langues en occident*. Robert Laffont.

[Warren et al., 1999] Warren, J., Abrutyn, E., Hebel, J., Johnson, J., Schaeffer, A., and Stamm, W. (1999). Guidelines for antimicrobial treatment of uncomplicated acute bacterial cystitis and acute pyelonephritis in women. *Clin Infect Dis*, 29 :745–758.

[Webb et al., 2005] Webb, G., D'Agata, E., Magal, P., and Ruan, S. (2005). A model of antibiotic resistant bacterial epidemics in hospitals. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 102 :13343–13348.

[Wiener, 1948] Wiener, N. (1948). *Cybernetics, or Control and Communication in the Animal and the Machine*. John Wiley, New York.

[Wolfram, 1984] Wolfram, S. (1984). Universality and complexity in cellular automata. *Physica D*, 10 :91–125.

[Zachary, 1977] Zachary, W. W. (1977). An information flow model for conflict and fission of small groups. *Journal of Anthropological Reasearch*, 33(4) :452–473.

[Zalta, 2006] Zalta, E. N., editor (2006). *Stanford Encyclopedia of Philosophy*. The Metaphysics Research Lab. Center for the Study of Language and Information. Stanford University. `http://plato.stanford.edu/`.

[Zorzenon dos Santos and Coutinho, 2001] Zorzenon dos Santos, R. M. and Coutinho, S. (2001). Dynamics of HIV Infection : A Cellular Automata Approach. *Physical Review Letters*, 87(16) :168102.

8.2 Publications

8.2.1 Revues et Ouvrages collectifs

[1] D. Archambault, A. Dutot, and D. Olivier. *Computers helping people with special needs*, chapter TL a Language to Create Games for Blind Children. LNCS, 2002.

[2] C. Bertelle, A. Dutot, F. Guinand, and D. Olivier. *On the move to meaningful internet system*, chapter Dynamic placement using ants for objects based simulations. LNCS 2888, Springer Verlag, 2003.

[3] C. Bertelle, A. Dutot, F. Guinand, and D. Olivier. *ANTS 2004*, chapter Colored ants for distributed simulations. LNCS 3172, Bruxelles, 2004.

[4] C. Bertelle, A. Dutot, F. Guinand, and D. Olivier. Organization detection using emergent computing. *International Transactions on Systems Science and Applications*, 1, 2006. À paraître Special Issue on "Self-Organizing, Self-Managing Computing and Communications".

[5] C. Bertelle, S. Lerebourg, D. Olivier, and P. Tranouez. *Déploiement des systèmes multi-agents : vers un passage à l'échelle*, chapter Contribution à la représentation multi-échelle des écosystèmes aquatiques. TSTI/Hors série, Hermès, November 2003.

[6] C. Bertelle, D. Olivier, G. Prévost, and P. Tranouez. Simulation of a compartmental multiscale model of predator-prey interactions. *Dynamics of Continuous, Discrete and Impulsive Systems, series B*, July 27-29 2005.

[7] C. Bertelle, D. Olivier, and P. Tranouez. *Emergent Properties in Natural and Artificial Dynamical Systems*, chapter Changing levels of description in a fluid flow simulation. Springer, Understanding Complex Systems series, 2006.

[8] Cyrille Bertelle and Damien Olivier. Identification and evolution model of structures in hydrodynamical flux. *Journal de recherche oceanographique*, 4 :14, 2001.

[9] A. Cardon, A. Dutot, F. Guinand, and D. Olivier. *Emergent Properties in Natural and Artificial Dynamical Systems*, chapter Competing ants for organization detection, application to dynamic distribution. Springer, Understanding Complex Systems series, 2006.

[10] E.M.C. D'agata, P. Magal, D. Olivier, S. Ruan, and G. Webb. Modeling antibiotic resistance in hospitals : the impact of minimizing treatment duration. *PNAS*, 2007. A paraître.

[11] Antoine Dutot, Cyrille Bertelle, Frédéric Guinand, and Damien Olivier. Organization detection using emergent computing. *International Transactions on Systems Science and Applications*, 2006. À paraître.

8.2.2 Publications internationales avec actes et comité de lecture

[12] D. Archambault, A. Buaud, S. Lerebourg, and D. Olivier. Adapting mainstream multimedia games for severelly visually impaired children. Singapore (Thailand), September 2004. Conférence invitée.

[13] D. Archambault, A. Buaud, S. Lerebourg, and D. Olivier. Adapting mainstream multimedia games for severely visually impaired children. Ghent (Belgium), November 2004.

[14] D. Archambault and D. Olivier. How to make games for visually impaired children. In *ACM SIGCHI International Conference on Advances in Computer Entertainment Technology*, Valencia, Spain, 2005.

[15] D. Archambault, D. Olivier, and H. Swensson. Computer games that work for visually impaired children. In *HCI*, 2005. Conférence invitée.

[16] C. Bertelle, A. Cardon, V. Jay, D. Olivier, and P. Tranouez. A multi-agent system integrating vortex methods for fluid flow computation. In *16th IMACS Congress 2000*, volume 122-3, Lausanne (Switzerland), August 21-25 2000. electronic edition.

[17] C. Bertelle, A. Dutot, F. Guinand, and D. Olivier. DiMAntS : a distributed multicastes ant system for DNA sequencing by hybridization. In *NETTAB 2002, AAMAS 2002 Conf.*, Bologna (Italy), Juillet 2002.

[18] C. Bertelle, A. Dutot, F. Guinand, and D. Olivier. Distribution of agent based simulation with colored ant algorithm. In *ESS'2002 Conf.*, Dresden, (Germany), Octobre 2002.

[19] C. Bertelle, A. Dutot, F. Guinand, and D. Olivier. DNA sequencing hybridization based on multi-castes ant system. In *BIXMAS 2002, AAMAS 2002 Conf.*, Bologna (Italy), Juillet 2002.

[20] C. Bertelle, A. Dutot, F. Guinand, and D. Olivier. Color ant population algorithm for dynamic distribution in simulation. In *ESS 2003*, Delft (Netherlands), October 2003.

[21] C. Bertelle, A. Dutot, F. Guinand, and D. Olivier. Dynamic placement using ants for objects based simulations. In *DOA 2003 Conf*, Catania (Sicily Italy), October 2003. Taux d'acceptation : 1 article sur 4.

[22] C. Bertelle, A. Dutot, F. Guinand, and D. Olivier. Organization detection using emergent computing. In *SOAS'2006*, 2006.

[23] C. Bertelle, A. Dutot, S. Lerebourg, and D. Olivier. Decision support system and regulation system for road traffic management. In *ESS 2003 Conf.*, Delft (Netherlands), October 2003.

[24] C. Bertelle, A. Dutot, S. Lerebourg, and D. Olivier. Road traffic management based on ant system and regulation model. In *MAS 2003 Conf.*, Bergeggi (Italy), October 2003.

[25] C. Bertelle, A. Dutot, S. Lerebourg, and D. Olivier. Management of the road traffic by an ant algorithm. In *WCTR'04*, Istanbul (Turkey), 2004.

[26] C. Bertelle, A. Dutot, S. Lerebourg, D. Olivier, and G. Prévost. An actor architecture to develop games for blind children. In *GAME-ON'2003 Conf*, London (United Kingdom), November 2003. Conférencier invité.

[27] C. Bertelle, A. Dutot, D. Olivier, and G. Prevost. Active objects to develop computer games for blind children. In *Game-On 2002 Int. Conf on Intelligent games and simulation.*, London, November 2002.

[28] C. Bertelle, M. Flouret, V. Jay, D. Olivier, and J.-L. Ponty. Automata with multiplicities as behaviour model in multi-agent simulations. In *SCI'2001*, Orlando, Florida, USA, 22-25th July 2001.

[29] C. Bertelle, M. Flouret, V. Jay, D. Olivier, and J.-L. Ponty. Genetic algorithms on automata with multiplicities for adaptive agent behaviour in emergent organizations. In *SCI'2001*, Orlando, Florida, USA, 22-25th July 2001.

[30] C. Bertelle, V. Jay, S. Lerebourg, D. Olivier, and P. Tranouez. Dynamic clustering for auto-organized structures in complex fluid flows. In *ESS'2002 Conf.*, Dresden, Germany, Octobre 2002.

[31] C. Bertelle, V. Jay, and D. Olivier. Distributed multi-agent system used for dynamic aquatic simulation. In D.P.F. Müller, editor, *ESS'2000 Congress*, pages 504–508, Hambourg (Germany), September 28-30 2000.

[32] C. Bertelle, V. Jay, D. Olivier, and P. Tranouez. Agent-based simulation of water flow for environment modelling in estuaries. In *Workshop 2000 Agent-Based Simulation*, pages 115–122, Passau (Germany), May 2-3 2000.

[33] C. Bertelle, S. Lerebourg, D. Olivier, , G. Prevost, and P. Tranouez. Ecosystem complexity described with ontological tool for multi-scale, multi-model approaches in distributed environment. In *JICCSE 2004*, Al-Balqa' Applied University, Al-Salt - Jordan, October 2004. Proceedings in CD-ROM.

[34] C. Bertelle, S. Lerebourg, D. Olivier, G. Prevost, and P. Tranouez. Handling the complexity of an estuarial ecosystem, a methodology. In *ECSA 38th symposium*, Mont-Saint-Aignan, France, 2004.

[35] C. Bertelle, S. Lerebourg, D. Olivier, G. Prevost, and P. Tranouez. Methodology for holarchic ecosystem model based on ontological tool. In *ESMC 2004*, pages 164–171, Unesco, Paris, France, 2004.

[36] C. Bertelle, S. Lerebourg, D. Olivier, and P. Tranouez. Changing the level of description in aquatic ecosystem models : an overview. In *ESMc'2003 Conf.*, October 2003.

[37] C. Bertelle, M.Flouret, V. Jay, D. Olivier, and J.-L Ponty. Adaptive behaviour for prisoner dilemma strategies based on automata with multiplicities. In *ESS'2002 Conf.*, Dresden, (Germany), Octobre 2002.

[38] C. Bertelle, D. Olivier, and G. Prevost. Hybrid and hierarchical compartmental approach for ecosystem applied to estuary modelization. In *ESMc'2003 Conf.*, October 2003.

[39] C. Bertelle, D. Olivier, and P. Tranouez. Changing the levels of description of a fluid flow in a agent-based simulation. In *ESS'2001*, pages 839–842, Marseille, France, Octobre 2001.

[40] A. Dutot, R. Fisch, D. Olivier, and Y. Pigné. Dynamic distribution of an entity-based simulation. In *JICCSE 04 - Jordan International Conference on Computer Science and Engineering*, Alt-Salt, (Jordan), 4-7 October 2004.

[41] A. Dutot, P. Magal, D. Olivier, and G. Savin. Pyocyanic bacillus propagation simulation. In Eurosis, editor, *European Simulation and Modelling Conference*, 2006.

[42] J. Franzolini and D. Olivier. Self-organization in an artificial immune network system. In Eurosys, editor, *European Simulation and Modelling Conference*, 2006.

8.2.3 Conférences nationales avec actes et comité de lecture

[43] C. Bertelle, A. Dutot, F. Guinand, and D. Olivier. Simulations distribuées par un algorithme fourmi. In *RENPAR'15 Conf.*, pages 56–63, La Colle sur Loup (France), October 2003. Taux d'acceptation 1 article sur 2.

[44] C. Bertelle, A. Dutot, and D. Olivier. Détection d'organisations par les colonies de fourmis en compétition. In *Roadef'05*, Tours, France, 14-16 Fév. 2005.

[45] C. Bertelle, V. Jay, and D. Olivier. Une approche multi-agent pour la simulation d'environnement estuarien. In *Colloque Seine-Aval*, page 40, Rouen (France), November 17-19 1999.

[46] C. Bertelle, S. Lerebourg, D. Olivier, and P. Tranouez. *Déploiement des systèmes multi-agents : vers un passage à l'échelle*, chapter Contribution à la représentation multi-échelle des écosystèmes aquatiques. JFSMA, November 2003.

[47] C. Bertelle and D. Olivier. Les simulations multi-agents : concepts et outils de modélisation non-linéaire pour l'émergence de systèmes organisés. In *Chaos temporel et le chaos spatio-temporel*, pages 140–146, Septembre 2001.

[48] C. Bertelle and D. Olivier. Modèles d'identification et d'évolution de structures dans des flux hydrodynamiques complexes par des SMA. In *XXVII^{ème} colloque de l'Union des Océanographes de France*, Villeneuve d'Asq, Septembre 2001.

8.2.4 Rapports européens IST

[49] D. Archambault and D. Olivier. Tim, tactile interactive multimedia computer games for visually imparied children. IST Programme, Janvier 2000. IST-2000-25298.

[50] D. Archambault and D. Olivier. Architecture of system. *Information Society Technology*, IST-2000-25298(D03), 2001.

[51] D. Olivier. Specification of the TIM language. *Information Society Technology*, IST-2000-25298(D04), 2001.

8.2.5 Rapports régionaux

[52] C. Bertelle, J. Colloc, and D. Olivier. Modélisation des émotions dans la prise de décision. Technical report, GIS CRHIS, 2004.

[53] C. Bertelle, D. Olivier, and P Tranouez. Système d'aide à la décision intégrant les processus émotionnels. Technical report, GIS CRHIS, 2005.

[54] A. Cardon, D. Olivier, and P. Tranouez. Accès à la jurisprudence du droit des transports international et du transport maritime à partir de sources de données multiples, distribuées et homogènes. Technical report, CPER, 2004.

8.2.6 Rapports internes - Séminaires

[55] C. Bertelle, A. Cardon, and D. Olivier. Modélisation et implémentation des systèmes complexes. Cours du DEA Informatique Théorique et Applications, Ecole Doctorale SPMI Rouen-Le Havre, 184 pages, 2001.

[56] C. Bertelle, M. Flouret, V. Jay, D. Olivier, and J.-L. Ponty. Modélisation du comportement adaptatif d'un système multi-agent par des automates à multiplicités. Rapport interne du LIH, Université du Havre, 13 pages, 2001.

[57] C. Bertelle, V. Jay, and D. Olivier. Une approche multi-agents pour les simulations d'environnements estuariens. Rapport interne du LIH, Université du Havre, 22 pages, Novembre 1999.

[58] C. Bertelle and D. Olivier. Objets distribués. Cours du DESS Systèmes Répartis à Objets, Université du Havre, 108 pages, 2001.

[59] P. Magal and D. Olivier. An individual based model of an epidemic of antibiotic resistance in hospitals. Technical report, LMAH and LITIS, 2006.

[60] D. Olivier. Simulation d'environnements estuariens par des SMA. Séminaire du LIH, Université du Havre, Juin 1999.

[61] D. Olivier. Représentation du temps. Rapport interne du LIH, Université du Havre, 33 pages, Juin 2003.

[62] D. Olivier. Physique qualitative. Rapport interne du LIH, Université du Havre, 60 pages, Janvier 2004.

[63] D. Olivier. Systèmes complexes - réseaux d'interactions. Rapport interne du LIH, Université du Havre, 40 pages, Janvier 2005.

[64] D. Olivier. Modèles du vivant : adaptation et systèmes évolutifs. Rapport interne LITIS, 135 pages., Janvier 2006.

[65] D. Olivier. Modèles du vivant : le système immunitaire - systèmes immunitaires artificiels une nouvelle approche de l'intelligence collective -. Technical report, LITIS, Février 2006. 96 pages.

8.2.7 Quelques travaux encadrés

[66] M. Auzou. Négociations évolutives entre agents à base d'automates. Rapport de stage de DEA Informatique Théorique et Applications, Universités de Rouen et du Havre, Septembre 2002.

[67] Y. Derrien. Modélisation des interactions et des organisations dynamiques dans des écosystèmes aquatiques hiérarchiques. Rapport de stage de DEA Informatique Théorique et Applications, LIH, Juin 2003.

[68] A. Dutot. *Distribution dynamique adaptative par des mécanismes d'intelligence collective – Détection d'organisations par des techniques de collaboration et de compétition.* PhD thesis, Université du Havre, Décembre 2005.

[69] A. Farès. Résistance aux antibiotiques. Master's thesis, LMAH and LITIS, 2006.

[70] R. Fisch. DEDIS - dynamic distribution of an ecosystem model. Rapport de stage de DEA Informatique Théorique et Applications, LIH, Juin 2004.

[71] J. Franzolini. Système immunitaire artificiel pour la détection d'organisations. Master's thesis, LITIS, 2006.

[72] V. Frebourg. Mise en œuvre de la représentation du comportement d'un agent. Rapport de stage de maîtrise informatique du Havre, Université du Havre, Juin 2001.

[73] S. Lerebourg. Clustering dynamique appliqué aux écoulements fluides complexes. Rapport de stage du DESS Ingénierie Mathématiques et Outils Informatiques, Université d'Orléans, Septembre 2002.

[74] L. Lu. Supervision hiérarchique par des méthodes connexionnistes de systèmes distribués - application au trafic urbain. Rapport de stage de DEA Informatique Théorique et Applications, Universités de Rouen et du Havre, Septembre 2003.

[75] K. Mahboub. Modélisation des processus émotionnels dans la prise de décision. Master's thesis, LITIS, 2006.

[76] T. Paranthoën. Etude de la concision des langages rationnels et application à l'étude du comportement des agents dans un SMA. Rapport de stage de DEA Informatique Théorique et Applications, Universités de Rouen et du Havre, Septembre 2001.

[77] G. Prevost. *Modélisation multi-niveaux d'écosystème aquatique par des approches mixtes.* PhD thesis, Université du Havre, Décembre 2005.

[78] G. Savin. Sur les traces d'un pyo. Technical report, LITIS, 2006.

[79] M. Slimane. Placement automatique d'applications distribuées communicantes par des méthodes d'intelligence collective. Rapport de stage de DEA Informatique Théorique et Applications, Universités de Rouen et du Havre, Juin 2003.

[80] P. Tranouez. *Contribution à la modélisation et à la prise en compte informatique de niveaux de description multiples.* Thèse d'université, Université du Havre, 2005.

[81] I. Zunino. Concept and implementation of complex system models in economy domains. 5th year management engineering training report - dip/savona genova university - italy, LIH - Laboratoire d'Informatique du Havre, July 18 - October 10 2003.