

# Rapport Projet Recherche

François Torregrossa

November 18, 2016

## 1 Objectifs du projet

Nous voulons simuler l'attaque de virus sur un individu protégé par des anticorps.

### 1.1 Environnement

L'environnement est composé de cellules pouvant être détruites par les virus. Ces cellules se régénèrent après un certain temps et redonnent de l'énergie aux virus. Les agents se déplacent dans cet environnement.

### 1.2 Agents

On distingue trois types d'agents :

- Les cellules qui se régénèrent après un certain temps, qui peuvent être détruites.
- Les anticorps qui se déplacent aléatoirement dans l'environnement et détruisent les virus.
- Les virus qui tuent les cellules et cherchent à éviter les anticorps. Leur but est de tuer leur hôte.

### 1.3 Conditions de victoire

On considère que les virus gagnent la simulation s'ils survivent assez longtemps dans un nombre suffisant, c'est-à-dire s'ils arrivent à faire descendre le nombre de cellules en-dessous d'un seuil pendant assez longtemps.

## 2 Outils utilisés

### 2.1 Programmation

On programme avec NetLogo, qui fournit une interface graphique simple d'utilisation et est très bien documenté.

## 2.2 Algorithme

On va utiliser un algorithme qui se base sur la représentation du système immunitaire de Jerne. Cet algorithme doit servir aux virus à lutter intelligemment contre les attaques des anticorps.

En détail l'algorithme sert à sélectionner des fonctions prédéfinies, qui répondent à des besoins spécifiques. Ces besoins représentent les antigènes du système immunitaire algorithmique, les fonctions quant à elles, sont associés aux anticorps. Comme dans un système immunitaire de Jerne, les fonctions ou anticorps se stimulent entre eux. À cela s'ajoute la stimulation des anticorps. En faisant la synthèse des stimulations, on est capables de calculer la concentration des anticorps (ou fonctions) dans ce système, et ainsi, en choisissant la fonction de concentration la plus élevée, sélectionner la réponse adaptée au besoin initial.

Le calcul des concentrations se fait au fur et à mesure de l'observation du comportement des fonctions. Alors, on détermine si une fonction est positive (stimulation au prochain choix) ou négative (inhibition au prochain choix). L'inhibition aura pour effet de stimuler l'appel aux autres fonctions, quant à la stimulation, elle entraînera une auto-stimulation.

J'ai pu distinguer deux cas d'utilisation du système immunitaire de Jerne.

- Premièrement, soit les fonctions ont des réponses facilement caractérisables. C'est-à-dire qu'on peut facilement juger si la réponse qu'elle a donnée après avoir été sélectionné pour un besoin, a été correcte ou non. Dans ce cas les besoins spécifiques sont clairement définie, et on peut relier facilement chaque besoin à une fonction et favoriser la stimulation de cette fonction.
- L'autre cas sera celui des fonctions difficilement caractérisables. Soit parce que la qualité des réponses des fonctions est difficilement estimable, soit parce qu'on n'en a aucune idée (ex.: seuil à partir duquel on veut changer de comportement). Dans ce cas, la meilleure chose qu'on puisse faire est de mettre un seul antigène, et regarder si à l'utilisation d'une fonction cet antigène disparaît ou s'intensifie.

## 2.3 Équation

$$\frac{dA_i(t)}{dt} = \left( \alpha \cdot \frac{1}{N} \cdot \sum_{j=1}^N m_{ij} a_j(t) - \alpha \cdot \frac{1}{M} \cdot \sum_{k=1}^M m_{ik} a_k(t) + \beta m_i - k_i \right) \cdot a_i(t) \quad (1)$$

où :

- $a_i$  représente la concentration de la fonction  $i$ , les deux sommes de gauche représente respectivement la stimulation par les autres fonctions et l'inhibition
- $m_{ij}$  représente la stimulation de la fonction  $j$  par la fonction  $i$ . C'est ce terme précisément qui est calculé grace aux matrices précédentes.
- $m_i$  représente la stimulation directe par un virus (i.e. ce terme vaut 1 lorsque le système immunitaire appelle la fonction correspondante et 0 sinon)

- $k_i$  simule la mort naturelle des anticorps (peut être interprété comme un pourcentage de cellules qui meurent entre deux phases)
- $M$  est le nombre de fonction inhibant  $i$  et  $N$  le nombre de fonction stimulant  $i$ . Dans notre cas  $M = N$ , mais il est possible d'imaginer certains cas où les fonctions ne sont pas forcément toutes inhibitrices les unes des autres.
- $A_i d$  est la concentration non normalisée  $a_i$ , il faut alors le passer dans la fonction sigmoïde :  $f(x) = \frac{1}{1+\exp(0.5-x)}$

Pour calculer  $m_{ij}$  en présence du virus  $k$  on applique la formule suivante [2]:

$$m_{ij} = \frac{\text{penalty\_matrix}[i][k] + \text{reward\_matrix}[j][k]}{\text{specific\_matrix}[i][k] + \text{specific\_matrix}[j][k]} \quad (2)$$

Plus clairement :

- Au numérateur on somme la quantité de fois que la fonction  $i$  n'a pas été efficace avec le virus  $k$  avec la quantité de fois que la fonction  $j$  a été efficace avec le virus  $k$ .
- Au dénominateur, il y a le nombre de fois que chaque fonction a été appelée en présence du virus  $k$ .

### 3 Implémentation

On organise le système de décision des virus.

#### 3.1 Premier niveau

Ce niveau est chargé de la décision du comportement global des virus. Il doit être capable de décider si les virus doivent : se multiplier, s'étendre, ou se réduire.

#### 3.2 Second niveau

Ce niveau est individuel à chaque virus. Selon le mode choisit au dessus, les virus vont recevoir plusieurs fonctions.

- Multiplication (Critère nombre de virus):
  - Se diviser (division cellulaire)
  - Se cacher (se cache des anticorps)
- Expansion (Critère nombre de cellules vivantes):
  - Attaquer (procure de l'énergie au virus et leur permet de vivre plus longtemps)
  - Bouger en tentant d'éviter (éviter les anticorps)

- Réduction (Critère nombre d'anticorps) :
  - S'immobiliser
  - S'entretuer
  - Mourir de faim

## References

- [1] A. Ishiguro et al. A robot with a decentralized consensus-making mechanism bases on the immune system.
- [2] A. Karageorgos G. Di Marzo Serugendo, M.-P. Gleizes. *Self-Organizing Software*. Springer, 2011.