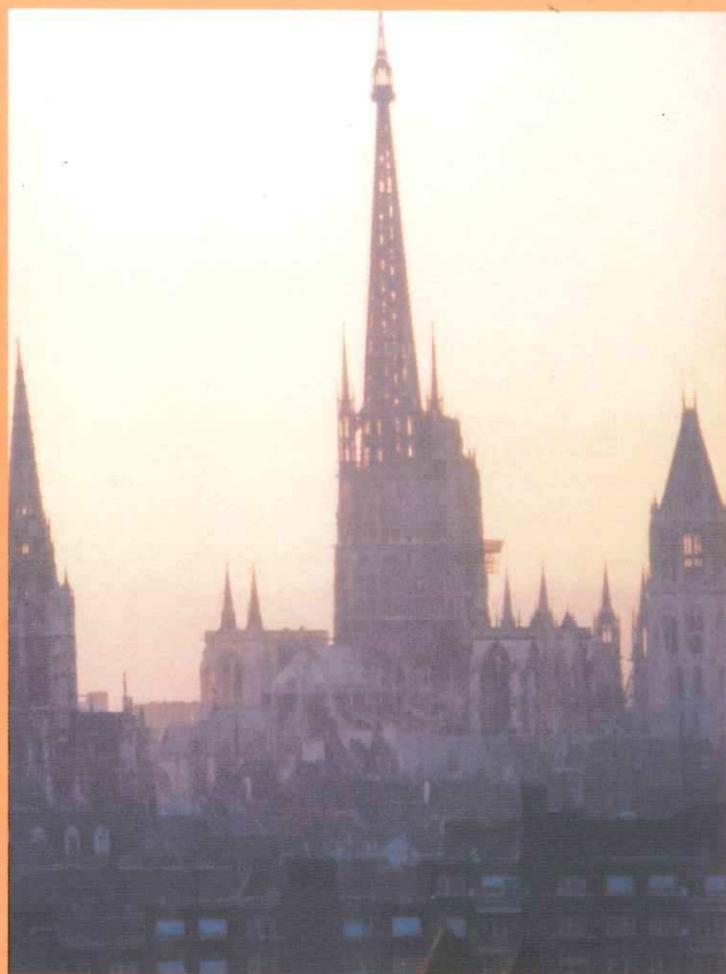


C·A·R·D

Congrès annuel
de la recherche
dermatologique



12-13 juin 2003 - Rouen

Faculté
de Médecine
et de Pharmacie



P31

La simulation informatique multi-agents :
vers une nouvelle voie de recherche en allergologie et en immunodermatologie ?

G. Desmeulles*, D. Dupré**, V. Rodin*, L. Misery**

* : Ecole Nationale d'Ingénieurs de Brest/Laboratoire Ingénierie Informatique

** : Service de Dermatologie et Laboratoire de Neurobiologie Cutanée du CHU de Brest

L'objet de notre étude est de mettre à la disposition des chercheurs en allergologie et immunodermatologie un plateau technique de simulations numériques utilisant l'approche multi-agents (système individu-centré), afin de développer un véritable laboratoire d'expérimentation *in virtuo* en biologie. L'approche informatique retenue propose de modéliser un système biologique à partir des concepts d'agent (individu: cellule), d'environnement, d'interaction, d'organisation et d'utilisateur (biologiste).

Un agent informatique est une entité autonome capable perpétuellement de percevoir son environnement immédiat, de décider d'une action à réaliser et enfin d'accomplir cette action en agissant sur son environnement.

Nous avançons dans la mise au point d'un modèle multi-agents de la réaction allergique, permettant d'envisager des expériences simples *in virtuo*. Ce type de modélisation a l'avantage de permettre une description simple d'interactions plus ou moins complexes entre cellules. Nous parlerons alors d'agent-cellule. Plusieurs types d'agents-cellules peuvent ainsi être modélisés (Lymphocytes B, T, ...) au sein d'un système multi-agents modélisant une réaction immunologique. Les interactions peuvent quant à elles être modélisées via l'échange de messages entre agents. Ces messages peuvent être assimilés à l'échange de messagers chimiques (Interleukines, Interférons, ...) entre cellules.

Nous présenterons les premiers résultats obtenus grâce à un moteur de simulations multi-agents utilisant SBML (Systems Biology Markup Language). SBML est un langage de description standardisé permettant à un non-informaticien de décrire simplement des réactions biochimiques. Les résultats présentés issus de simulations concerneront la liaison entre l'histamine et son récepteur.

L'intérêt de cette approche est de tester des hypothèses (e.g. : quelle est l'action d'une nouvelle molécule sur une réaction ?) ou de travailler sur des pathologies pour lesquelles il n'existe pas de modèle animal *in vivo* ou de modèle *in vitro* travaillant ainsi sur un modèle informatique *in virtuo*.