HAL
archives-ouvertes.fr

Actes du CARI 2014 (Colloque africain sur la recherche en informatique et mathématiques appliquées)

Mokhtar Sellami, Eric Badouel, Moussa Lo

▶ **To cite this version:**

Mokhtar Sellami, Eric Badouel, Moussa Lo. Actes du CARI 2014 (Colloque africain sur la recherche en informatique et mathématiques appliquées). Mokhtar Sellami; Eric Badouel; Moussa Lo. Inria, pp.376, 2014, Colloques CARI. <hal-01062320>

HAL Id: hal-01062320
https://hal.inria.fr/hal-01062320

Submitted on 12 Sep 2014

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

CARI 2014 Proceedings



Editors : Mokhtar Sellami – Eric Badouel – Moussa Lo

AVANT-PROPOS

Le CARI, Colloque Africain sur la Recherche en Informatique, fruit d'une coopération internationale rassemblant universités africaines, centres de recherche français et organismes internationaux, tient sa douzième édition cette année en Algérie. Organisé tous les deux ans en Afrique, ses précédentes éditions se sont tenues à Yaoundé en 1992, à Ouagadougou en 1994, à Libreville en 1996, à Dakar en 1998, à Antananarivo en 2000, à Yaoundé en 2002, à Hammamet en 2004, à Cotonou en 2006, à Rabat en 2008, à Yamoussoukro en 2010, et à Alger en 2012.

Le colloque est co-organisé par l'Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique (INRIA), l'Institut de Recherche pour le Développement (IRD), le Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD), le Centre International des Mathématiques Pures et Appliquées (CIMPA), et l'Agence Universitaire de la Francophonie (AUF) avec le soutien du Ministère français des Affaires Etrangères (MAE). Cette douzième édition, confiée à l'Université de Saint Louis du Sénégal, sous la coordination du professeur Moussa Lo, a bénéficié d'un large soutien du Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche, de l'Université Gaston Berger, de l'Université Cheikh Anta Diop, de l'Université de Thiès, de l'Université Alioune Diop, de l'Université Assane Seck, de l'Ecole Polytechnique de Thiès.

Le CARI est devenu un lieu privilégié de rencontre et d'échanges de chercheurs et décideurs africains et internationaux de haut niveau dans les domaines de l'informatique et des mathématiques appliquées. Le programme scientifique, qui reflète la richesse et la diversité de la recherche menée sur le continent africain, met un accent particulier sur les travaux susceptibles de contribuer au développement technologique, à la connaissance de l'environnement et à la gestion des ressources naturelles. Ce programme, précédé de tutoriaux, se décline en 37 communications scientifiques, sélectionnées parmi 118 articles soumis, et des conférences invitées présentées par des spécialistes de renommée internationale.

Bien plus qu'un simple colloque, le CARI est un cadre dynamique de coopération, visant à rompre l'isolement et à renforcer la communauté scientifique africaine. Toute cette activité repose sur l'action forte et efficace de beaucoup d'acteurs.

Remerciements

Nous remercions tous nos collègues qui ont marqué leur intérêt dans le CARI en y soumettant leurs travaux scientifiques, les relecteurs qui ont accepté d'évaluer ces contributions et les membres du Comité de programme qui ont opéré à la sélection des articles. L'ensemble des activités liées au CARI sont répertoriées sur le site officiel du CARI (http://www.cari-info.org/) maintenu par l'équipe du professeur Mokhtar Sellami de l'université d'Annaba. Laura Norcy, des Relations Internationales d'INRIA, a apporté son soutien pour la coordination de cette manifestation. L'organisation locale du colloque a reposé sur le comité local d'organisation, mis en place par le professeur Moussa Lo.

Que les différentes institutions, qui, par leur engagement financier et par la participation de leurs membres, apportent leur soutien, soient également remerciées, et, bien sûr, toutes les institutions précédemment citées, qui soutiennent le CARI au fil de ses éditions.

Pour les organisateurs

Mokhtar Sellami, Président du CARI
Eric Badouel, Secrétaire du Comité permanent du CARI
Moussa Lo, Organisateur du CARI 2014

FOREWORD

CARI, the African Conference on Research in Computer Science, outcome of an international cooperation involving African universities, French research institutes, and international organizations, introduces this year its eleventh edition in Algeria. Organized every two years in Africa, its preceding editions were held in Yaoundé in 1992, in Ouagadougou in 1994, Libreville in 1996, Dakar in 1998, Antananarivo in 2000, Yaoundé in 2002, Hammamet in 2004, Cotonou in 2006, Rabat in 2008, Yamoussoukro in 2010, and Algers in 2012.

The conference is organized by the Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique (INRIA), the Institut de Recherche pour le Développement (IRD), the Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD), the Centre International des Mathématiques Pures et Appliquées (CIMPA), and the Agence Universitaire de la Francophonie (AUF) with the support of the French ministry of Foreign Affairs (MAE). This eleventh edition, entrusted to the University of Saint Louis du Sénégal, under the coordination of Professor Moussa Lo, has profited from a generous support of Senegalese Ministry of Higher Education and Research, of Université Gaston Berger, of Université Cheikh Anta Diop, of Université de Thiès, of Université Alioune Diop, of Université Assane Seck, of Ecole Polytechnique de Thiès.

CARI has evolved into an internationally recognized event in Computer Science and Applied Mathematics. The scientific program, which reflects the richness and the diversity of the research undertaken on the African continent with a special emphasis on works related to the development of new technologies, knowledge in environmental sciences and to the management of natural resources, consists of 37 scientific contributions, selected from 118 submissions, together with invited talks delivered by acknowledged specialists. Tutorials sessions were given prior to the conference.

Beside been a scientific gathering, CARI is also a dynamic environment for cooperation that brings together African researchers with the end result to break the gap of isolation. The successes of such an initiative rely on the contribution of many actors.

Thanks

We wish first to thank our colleagues who showed their interest in CARI by submitting a paper, the referees who accepted to evaluate these contributions, and the members of the Program Committee who managed the selection of papers. This process rested on the CARI official site (http://www.cari-info.org/) maintained by the team of professor Mokhtar Sellami at the university of Annaba. Laura Norcy, from the International Relations of Inria, was involved in numerous activities for the coordination of the Event. The local organization has been handled by the local organization committee under the supervision of professor Moussa Lo.

Thanks also for all the institutions that support and provide funding for CARI conferences and related activities, and all the institutions involved in the organization of the conference.

For the organizing committee

Mokhtar Sellami, Chairman of CARI
Eric Badouel, Secretary of CARI Permanent Committee
Moussa Lo, Chair of CARI 2014

Comité de Programme / Program Committee

Modélisation des systèmes complexes / Complex System Modelling

Bernard CAZELLES, *UMPC, France*
Alexis DROGOUL, *IRD, France*
Khaled GHEDIRA, *Tunis city of sciences, Tunisia*
Christophe LETT, *IRD, France*
Rachid MCHICH, *ENCGT - Abdelamlek Essaâdi university, Morocco*
Ali MOUSSAOUI, *Tlemcen University, Algeria*
Tri NGUYEN-HUU, *IRD, France*
Aziz OUHINOU, *University of Sultan Moulay Slimane, Morocco*
Rachid OUIFKI, SACEMA, *Stellenbosch University, South Africa*
Benjamin ROCHE, *IRD, France*

Signal, image et multimédia / Signal, Images and Multimedia

Olivier ALATA, *Univ. Saint-Etienne, France*
Hassan BADIR, *ENSTA Tanger, Morocco*
Kadi BOUATOUCH, *IRISA, University of Rennes 1, France*
Mohamed DAOUDI, *Telecom Lille/LIFL, France*
Philippe DESTUYNDER, *CNAM, France*
Rim FAIZ, *IHEC-University of Carthage, Tunisia*
Christine FERNANDEZ-MALOIGNE, *Univ. Poitiers, France*
Denis HAMAD, *Université du Littoral Côte d'Opale, France*
Ahmed HAMMOUCH, *CNRST, Morocco*
Marc JAEGER, *Cirad, France*
Ahmed MOUSSA, *LabTIC ENSAT, Morocco*
Abderrahmane SBIHI, *ENSA Tanger, Morocco*
Salvatore TABBONE, *Loria, France*
Ezzeddine ZAGROUBA, *ISI, Univ. Tunis Elmanar, Tunisia*
Lynda ZAOUI, *Oran University, Algeria*
Djemel ZIOU, Sherbrooke *University, Canada*

Calcul scientifique et parallélisme / Scientific Computing and Parallelism

Laurent DEBREU, *Inria, Grenoble, France*
Jocelyne ERHEL, *Inria, Rennes, France*
Efstratios GALLOUPOULOS, *University of Patras, Greece*
Andreas GRIEWANK, *Humboldt University, Germany*
Pierre MANNEBACK, *University of Mons, Belgium*
Zoubida MGHAZLI, *Université Ibn Tofaïl, Morocco*
Maher MOAKHER, *Ecole Nationale d'Ingénieurs de Tunis, Tunisia*
Nabil NASSIF, *American University of Beirut, Lebanon*
Boniface NKONGA, *University of Nice-Sophia-Antipolis*
Fatma Zohra NOURI, *Université Badji Mokhtar, Algeria*
Bernard PHILIPPE, *Inria, Rennes, France*
Patrice QUINTON, *ENS Rennes, France*
Yousef SAAD, *Univ. of Minnesota at Minneapolis, USA*
Hamidou TOURE, *University of Ouagadougou, Burkina Faso*
Denis TRYSTRAM, *Grenoble Institute of Technologu, France*

Intelligence artificielle et environnements informatique pour l'apprentissage humain / Artificial Intelligence and Computer-based Collaborative Environmental

Kamel BARKAOUI, *Cedric, CNAM, France*
Monique BARON, *Sorbonne UPMC, Lip6, France*

Alain DENISE, *Univ. Paris-Sud, France*
Mahieddine DJOUDI, *Poitiers University, France*
Abdel ENNAJI, *Univ. Rouen, France*
Engelbert MEPHU NGUIFO, *Clermont University, France*
Roger NKAMBOU, *Québec Univ. in Montréal, Canada*
Ounsa ROUDIES, *EMI, Marocco*
Houari SAHRAOUI, *DIRO, Montréal Univ., Canada*
Christophe SIBERTIN-BLANC, *Irit, France*
Mokhtar SELLAMI, *Annaba University, Algeria*
Yahya SLIMANI, *Tunis University, Tunisia*
Kamel SMAILI, *Loria and Univ. Lorraine, France*
Labiba SOUICI, *Annaba University, Algeria*
Salvatore TABBONE, *Univ. de Lorraine, France*
Claude TANGHA, *ENSP Yaoundé I University, Cameroon*

Génie logiciel et systèmes d'information / Software Engineering and Information Systems

Pascal ANDRÉ, *LINA, University of Nantes, France*
Jérôme AZÉ, *LIRMM, University of Montpellier 2, France*
Eric BADOUEL, *Inria Rennes, France*
Béatrice BOUCHOU MARKHOFF, *Univ. François Rabelais de Tours, France*
Sandra BRINGAY, *LIRMM, University Paul Valéry, France*
Patrice BUCHE, *Supagro INRA, France*
Dino IENCO, *IRSTEA, France*
Clement JONQUET, LIRMM, *University of Montpellier 2, France*
Georges-Edouard KOUAMOU, *ENSP Yaoundé I University, Cameroon*
Philippe LEMOISSON, TETIS, *Cirad, France*
Moussa LO, *Univ. Gaston Berger, Senegal*
Cédric LOPEZ, *Viseo Research Center, France*
Isabelle MOUGENOT, Espace-Dev, University of *Montpellier 2, France*
Alain PIROTTE, *University of Louvain, Louvain-la-Neuve, Belgium*
Mathieu ROCHE, TETIS, *Cirad, France*
Fatiha SAIS, *LRI, Paris Sud University, France*
Joël SOR, *Cirad, France*
Djiby SOW, *Université Cheikh Anta Diop de Dakar, Senegal*
Maguelonne TEISSEIRE, *TETIS, Irstea, France*
André TOTOHASINA, *Antsinara University, Madagascar*
François VERNARDAT, *Laas, CNRS, Toulouse, France*
Bruce WATSON, *FASTAR, Stellenbosch University, South Africa*

Systèmes distribués, systèmes embarqués, réseaux, mobilité / Distributed Systems, Embedded Systems, Networks, Mobility

Gregor BOCHMAN, *University of Ottawa, Canada*
Lila BOUKHATEM, *LRI, Univ. Paris-Sud 11*
Dalila CHIADMI, *EMI, Univ. Mohammed V Agdal, Morocco*
Chérif DIALLO, *Univ. Gaston Berger, Senegal*
Abdoulaye GAMATIÉ, *LIRMM, France*
Jean-Claude HOCHON, *Airbus SAS, France*
Michel HURFIN, *Inria Rennes, France*
Maryline LAURENT, *Telecom Sud-Paris, France*
Pascal LORENZ, *Univ. Haute Alsace, France*
Ludovic MÉ, *Supélec Rennes, France*
Mohamed MOSBAH, *LaBRI, Univ. Bordeaux, France*
Congduc PHAM, *University of Pau, France*
Kandaraj PIAMRAT, *Univ. Reims Champagne-Ardenne, France*
Pierre ROLIN, *Institut Mines-Télécom, France*
César VIHO, *Univ. De Rennes 1, France*
Belabbas YAGOUBI, University of Oran, Algeria

LISTE DES RELECTEURS – *LIST OF REFEREES*

Olivier ALATA
Pascal ANDRÉ
Jérôme AZÉ
Hassan BADIR
Eric BADOUEL
Kamel BARKAOUI
Monique BARON
Lilia BERRAHOU
Gregor BOCHMAN
Kadi BOUATOUCH
Béatrice BOUCHOU MARKHOFF
Lila BOUKHATEM
Sandra BRINGAY
Patrice BUCHE
Fatimata CAMARA
Bernard CAZELLES
Thomas CHATAIN
Dalila CHIADMI
Mohamed DAOUDI
Laurent DEBREU
Philippe DESTUYNDER
Chérif DIALLO
Mahieddine DJOUDI
Alexis DROGOUL
Abdel ENNAJI
Jocelyne ERHEL
Rim FAIZ
Christine FERNANDEZ-MALOIGNE
Efstratios GALLOUPOULOS
Abdoulaye GAMATIÉ
Khaled GHEDIRA
Nicolas GLADE
Andreas GRIEWANK
Henri GWET
Denis HAMAD
Ahmed HAMMOUCH
Jean-Claude HOCHON
Michel HURFIN
Dino IENCO
Marc JAEGER
Clement JONQUET
Georges-Edouard KOUAMOU
Vianney LAPÔTRE
Maryline LAURENT
Philippe LEMOISSON
Christophe LETT
Moussa LO
Cédric LOPEZ
Pascal LORENZ
Pierre MANNEBACK
Rachid MCHICH
Ludovic MÉ
Zoubida MGHAZLI
Maher MOAKHER
Mohamed MOSBAH
Isabelle MOUGENOT
Ahmed MOUSSA
Ali MOUSSAOUI
Nabil NASSIF
Tri NGUYEN-HUU
Boniface NKONGA
Fatma Zohra NOURI
Aziz OUHINOU
Rachid OUIFKI
Congduc PHAM
Bernard PHILIPPE
Kandaraj PIAMRAT
Alain PIROTTE
Patrice QUINTON
Benjamin ROCHE
Mathieu ROCHE
Pierre ROLIN
Ounsa ROUDIES
Yousef SAAD
Houari SAHRAOUI
Fatiha SAIS
Abderrahmane SBIHI
Christophe SIBERTIN-BLANC
Mokhtar SELLAMI
Yahya SLIMANI
Kamel SMAILI
Labiba SOUICI
Joël SOR
Djiby SOW
Salvatore TABBONE
Claude TANGHA
Maguelonne TEISSEIRE
André TOTOHASINA
Farouk TOUMANI
Hamidou TOURE
Denis TRYSTRAM
François VERNARDAT
César VIHO
Bruce WATSON
Belabbas YAGOUBI
Ezzeddine ZAGROUBA
Lynda ZAOUI
Djemel ZIOU

TABLE DES MATIERES / TABLE OF CONTENTS

1. Inferring land use dynamic by semi-Markov model.
Angelo Raherinirina, Dominique Hervé, Fabien Campillo ..... 1 – 8

2. Dynamic behaviors of a Leslie-Gower Predator-Prey model subject to a SIS infectious disease and Nonstandard Numerical Schemes.
Yatat Djeumen Ivric Valaire, Jean Jules Tewa, Samuel Bowong ..... 9 – 17

3. Sur la stabilité globale de l'équilibre de coexistence d'un modèle densité-dépendant de compétition pour une ressource.
Radhouane Fekih-Salem, Tewfik Sari ..... 19 – 30

4. Mathematical analysis of The effect of a pulse vaccination to an HBV mutation model
Plaire Tchinda Mouofo, Jean Jules Tewa, Samuel Bowong ..... 31 – 42

5. Modélisation et simulation multi-agents d'un protocole de capture-marquage-recapture d'une population de rongeurs sauvages dans la réserve de Bandia (Sénégal)
El. H. Malick Diakhate, Ndathie Diouf, Laurent Granjon, Karim Konate, Jean Le Fur ..... 43 – 54

6. Solutions to a Riemann problem at a junction of two reaches
Mouhamadou Samsidy Goudiaby, Mamadou Lamine Diagne, Ben Mansour Dia ..... 55 – 62

7. Fast inversion of triangular Toeplitz matrices based on trigonometric polynomial interpolation
Skander Belhaj, Marwa Dridi ..... 63 – 71

8. An inverse boundary value problem for image inpainting
Moez Kallel, Maher Moakher, Anis Theljani ..... 73 – 80

9. A generalized finite difference method for the 2D nonlinear shallow water equations
Ben Mansour Dia, Ababacar Diagne, Leon Matar Samba Tine ..... 81 – 88

10. Activity Recognition Based on Temporal HMM for Visual Medical Monitoring Using a Multi-Camera System
Arnaud Ahouandjinou, Cina Motamed, Eugène C. Ezin ..... 89 – 100

11. Les Processus Ponctuels Marqués pour L'Extraction des Prototypes des Classes des Distributions Multidimensionnelles
Khadidja Henni, Lynda Zaoui, Abdellatif Elisdriss, Olivier Alata, Ahmed Moussa ..... 101 – 108

12. H2S-SOM : Une méthode de soft-subspace clustering basée sur SOM pour la sélection de variables en classification
François Kaly, N'dèye Niang, Mory Ouattara, AwaNiang ..... 109 – 121

13. Accounting for correlated observation errors in image data assimilation
Vincent Chabot, Arthur Vidard, Maëlle Nodet, Nicolas Papadakis ..... 123 – 132

14. Joint detection and identification of Emergency vehicule alarm sound
Mamadou Mboup, Monia Turki, Fatimetou Mint ..... 133 – 140

15. Convertibility between input and output types to help compose services in bioinformatics
Mouhamadou Ba, Sébastien Ferré, Mireille Ducassé ..... 141 – 148

16. Segmentation of geolocalized trajectories using Exponential Moving Averages
Soda Mareme Cisse, Peggy Cellier, Olivier Ridoux ..... 149 – 156

17. Communautés et rôles dans les réseaux sociaux
Félicité Gamgne Domgue, Norbert Tsopze, ... 157 – 164

18. Explication des RNA: Une approche de généralisation des règles d'un réseau de neurones artificiels
Eric W. Djiky Djazik, Lauraine Tiogning Kueti, Norbert Tsopze ..... 165 – 172

19. Architecture d'un moteur sémantique pour l'aide au diagnostic médical
Adama Sow, Abdoulaye Guissé, Oumar Niang ..... 173 – 180

20. Optimisation de la consommation d'énergie basée sur les modèles de détection dans les WSNs redondants
Ibrahima Diané, Rahim Kacimi, Zoubir Mammeri, Ibrahima Niang ..... 181 – 189

21. Proposition d'une approche de détection d'intrusions dans les réseaux de capteurs compatibles uIP Application sous Contiki
Thomas Djotio Ndie, Guy Martial Nkenne Tchassi ..... 191 – 200

22. Gestion d'un workload transitoire via les graphes sociaux
Ibrahima Gueye, Idrissa Sarr, Hubert Naacke ..... 201 – 212

23. Combining Fuzzy Sets and Possibility Distribution for Anomaly Detection
Joseph Ndong ..... 213 – 224

24. A distributed IDS Cloud service: an architecture based on Pub-Sub paradigm
Maïssa Mbaye, Cheikh Ba ..... 225 – 235

25. Routage Préfixé dans GRAPP&S, Applications à un Système Hiérarchique de Gestion de Données
Thierno Ahmadou Diallo, Olivier Flauzac, Luiz Angelo Steffenel, Samba Ndiaye ..... 237 – 244

26. AODV-local : Protocole de routage pour la maintenance locale dans les réseaux MANETs
Issa Traoré, Brou Medard Kouassi ..... 245 – 252

27. Vers une agrégation intelligente de données à base de clustering auto-stabilisant et d'agents coopératifs dans les RCSF
Mandicou Ba, Olivier Flauzac, Rafik Makhloufi, Florent Nolot, Ibrahima Niang ..... 253 – 264

28. Mesh Router Nodes placement in Rural Wireless Mesh Networks
Jean Louis Ebongue Kedieng Fendji, Christopher Thron, Jean Michel Nlong ..... 265 – 272

29. BigBio: Utiliser les techniques de gestion du Big data pour les données de la Biodiversité
Ndiouma Bame, Hubert Naacke, Idrissa Sarr, Samba Ndiaye ..... 273 – 284

30. Une grammaire pour l'auto-scénarisation des contenus d'apprentissage
Armel Ngatchui, Bernabé Batchakui, Claude Tangha ..... 285 – 292

31. Towards a Multi-Model Software Platform for Crops Growth Simulation
Dieu Donne Okalas Ossami, Latyr Senghor ..... 293 – 303

32. Forward kinematics modeling of a Compact Bionic Handling Assistant Manipulator
Achille Melingui, Rochdi Merzouki, Jean Bosco Mbede ..... 305 – 316

33. Analyse spatio-temporelle de la Fièvre de la Vallée du Rift au Ferlo (Sénégal)
Fanta Bouba, Alassane Bah, Samba Ndiaye, Jacques André Ndione, Christophe Cambier, Maguelonne Teisseire ..... 317 – 324

34. Un modèle de documents stable par projections pour l'édition coopérative asynchrone
Maurice Tchoupé Tchendji, Marcellin Atemkeng, Rodrigue Djeumen ..... 325 – 332

35. Evaluation des requêtes avec préférences structurelles sur les documents XML
Maurice Tchoupé Tchendji, Lionnel Tadonfouet ..... 333 – 341

36. Vers une approche de veille épidémiologique adaptée aux pays en voie de développement : Cas de la schistosomiase au Sénégal
Gaoussou Camara, Sylvie Despres, Moussa Lo ..... 343 – 350

37. Architecture d'un système de gestion des connaissances de la médecine traditionnelle : ontoMEDTRAD
Kouame Appoh, INPHB, Moussa Lo, Marcellin Brou Konan ..... 351 – 362

Inferring land use dynamics

by semi-Markov model

Angelo Raherinirina[1] — Dominique Hervé[2] — Fabien Campillo[3]

[1] University of Fianarantsoa, BP 1264, Andrainjato, 301 Fianarantsoa, Madagascar
angelo_raherinirina@yahoo.fr

[2] UMR220 GRED (IRD/Montpellier3), Montpellier, France

[3] Inria, Modemic Team Projet (Inria/Inra), 2, place Pierre Viala, 34060 Montpellier, France

ABSTRACT. We propose land use dynamics models corresponding to parcels located on the edge of the forest corridor, Madagascar. We use semi-Markov chain to infer the land-use dynamics. In addition to the empirical and maximum likelihood methods, we estimate the semi-Markov kernel by a Bayesian approach. In the latter case, we use Jeffreys' non-informative prior and we approximate the posterior distribution by Monte Carlo Markov Chain (MCMC) approximation. These three estimation methods lead to three different models, two are absorbing and one is regular. We study the asymptotic behavior of these models. We have determined the time scales of the considered land-use dynamics.

RÉSUMÉ. On considère des modèles de dynamique d'usages des sols correspondant aux utilisations de parcelles situées sur le bord du couloir forestier reliant les deux parcs nationaux de Ranomafana et d'Andringitra à Madagascar. Nous utilisons des modèles semi-markoviens pour inférer la dynamique d'usage des sols. En plus de la méthode empirique et de la méthode du maximum de vraisemblance, nous estimons le noyau semi-markovien par une méthode bayésienne. Dans ce dernier cas, la loi a priori utilisée est la loi non-informative de Jeffreys et l'approximation de la loi a posteriori associée se fait avec la méthode de Monte Carlo par chaîne de Markov (MCMC). Ces trois techniques conduisent à trois modèles différents dont deux absorbants et un régulier. Nous étudions les comportements asymptotiques de ces trois modèles. En termes applicatifs, nous avons pu déterminer l'échelle de temps de la dynamique dúsage des sols considérée.

KEYWORDS : semi-Markov models, maximum likelihood, Bayesian statistic, land use dynamics

MOTS-CLÉS : modèles semi-markoviens, maximum de vraisemblance, statistique bayésienne, dynamique d'usage des sols

1. Introduction

We observe land use dynamics by the succession of parcels occupations. The state of a given parcel corresponds to its use in a given time. Inferring such process returns to identify the law of the successions of the state during the observation period. Markov models are among the most requested tools in this kind of situation. In [3], we used Markov chain to modelize land use dynamics corresponding to the parcels on the edge of the forest corridor-Ranomafana-Andringitra, Madagascar.

Compared to [3], the dataset used in this paper is larger and has more states (see Figure 1). It contains seven states: " natural forest" (Fn)", " annual crop" (Ca), " fallow" (Fa) , " perennial crop" (Cp), " grass" (Gr), "paddy field" (Pf) and " secondary forest" (Fs). The two states: " natural forest" and " paddy field" have not the same dynamics as the others and we have decided to omit them in our models. They remains five states:

$$E = \{\texttt{Ca}, \texttt{Fa}, \texttt{Gr}, \texttt{Fs}, \texttt{Cp}\}.$$

In [4], we propose a parametric bootstrap method to test the fit between a Markov chain model with the dataset. This test concerns the distributions of the sojourn time on each state which should be necessarily a geometric distribution. According to this statistical tests: the distribution of the sojourn time in each state are not all geometric, and the distribution of the sojourn time on the state "fallow" depends on the next state visited. Hence, the classical Markov model is not suitable in this situation and the use of semi-Markov models is natural[2].

The semi-Markov model is a generalization of Markov chain model by removing the constraints of the distribution of the sojourn time. It allows more flexibility in the distribution in order to provide models closer to the reality.

We denote $\left(e^{(p)}_{n=1:N_p}\right)_{p=1:P}$, $e^{(p)}_n \in E$ the observations of the P parcels (Figure 1), where N_p is the length of the observation. Let $(t^{(p)}_k)_{k\in\mathbb{N}}$ the kth jump time for the parcel p and $(s^{(p)}_k)_{k\in\mathbb{N}}$ the sequence of sojourn time:

$$t^{(p)}_k = \sum_{l=0}^{k} s^{(p)}_l.$$

Finally, we denote

$$M^{(p)} = \max\{k \in \mathbb{N}, t^{(p)}_k \leq N_p\}$$

the number of jumps at time N_p and $u_{N_p} = N_p - t_{N_p}$ the censured sojourn time on the final state $e^{(p)}_{M^{(p)}}$.

Discussions with specialists, along with the results of some statistical tests allowed us to make the following assumptions:

(h_1) *The parcels are independent and have the same dynamics.*

(h_2) *The process* $(Y_k)_{k\in\mathbb{N}}$ *which record the successive visited states is a Markov chain.*

(h_3) *The possible transitions are* CaFa, CaGr, CaCp, FaCa, FaFs, GrCa, GrFa, CpCa *and* FsCa. *Other transitions are unrealistic.*

(h_4) *The sojourn time of each state depends on the next visited state. The distributions of the sojourn time associated with the transitions* CaFa, CaGr , CaCp,*and* CaFa, *are geometric. The distributions of the sojourn time for other transitions is the Poisson distribution.*

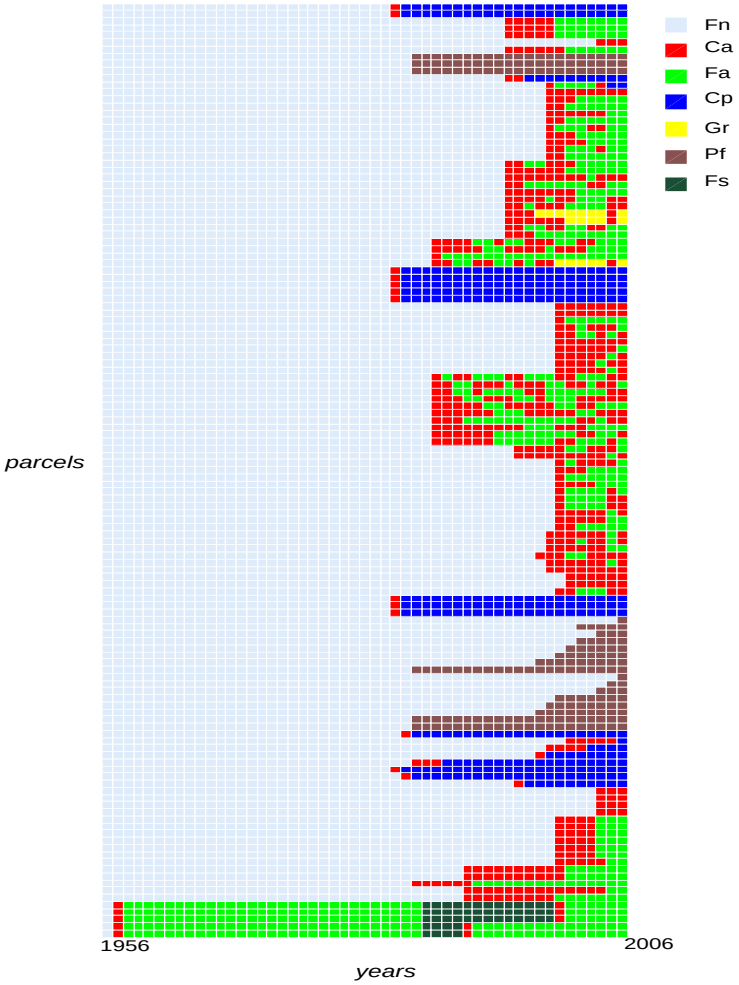


Figure 1. *Annual state of the 131 parcels on the western edge of the corridor Ranomafana-Andringitra for 50 years. We observed 7 states: natural forest* (`Fn`)*, annual crop* (`Ca`)*, fallow* (`Fa`)*, perennial crop* (`Cp`)*, grass* (`Gr`)*, paddy field* (`Pf`) *and secondary forest* (`Fs`)*.*

In other words, we assume that the observations $(e^{(p)}_{n=1:N_P})_{p=1:P}$ are derived from a semi-Markov chain $(X_n)_{n\in\mathbb{N}}$.

Let $(Y_k)_{k\in\mathbb{N}}$ the embedded Markov chain, $(T_k)_{k\in\mathbb{N}}$ the successive jump time and $(S_k)_{k\in\mathbb{N}}$ the sojourn time. The transition matrix of $(Y_k)_{k\in\mathbb{N}}$ is

$$Q = \begin{pmatrix} 0 & \theta_1 & \theta_2 & 0 & 1-\theta_1-\theta_2 \\ \theta_3 & 0 & 0 & 1-\theta_3 & 0 \\ \theta_4 & 1-\theta_4 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \tag{1}$$

where

$$\theta = (\theta_i)_{1\leq i\leq 4} \in \Theta = \{\theta \in [0,1]^4; \theta_1 + \theta_2 \leq 1\}$$

and the conditional sojourn time distribution is:

$$f(k) = \begin{pmatrix} 0 & \mathcal{G}(\gamma_1,k) & \mathcal{G}(\gamma_2,k) & 0 & \mathcal{G}(\gamma_3,k) \\ \mathcal{G}(\gamma_4,k) & 0 & 0 & \mathcal{P}(\lambda_1,k) & 0 \\ \mathcal{P}(\lambda_2,k) & \mathcal{P}(\lambda_3,k) & 0 & 0 & 0 \\ \mathcal{P}(\lambda_4,k) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \mathcal{P}(\lambda_5,k) & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \tag{2}$$

where $\mathcal{G}(\gamma_i,.)$ is the geometric distribution with parameter γ_i, , $1 \leq i \leq 4$ and $\mathcal{P}(\lambda_j,.)$ is the Poisson distribution with parameter λ_j, $1 \leq j \leq 5$.

We get the semi-Markov kernel q by

$$\begin{aligned} \forall n \in \mathbb{N},\ q_{ij}(n) &= \mathbb{P}(Y_k = j,\ S_k = n | Y_{k-1} = i) \\ &= Q_{ij}\, f_{ij}(n),\ \forall n > 0,\ \text{and } i \neq j \end{aligned} \tag{3}$$

with $q_{ij}(0) = 0$, for all $i, j \in E$.

2. Absorbing models derived from empirical estimate and maximum likelihood estimate

2.1. Empirical estimates

The empirical estimates of the transition matrix of $(Y_k)_{k\in\mathbb{N}}$ and the conditional sojourn time distribution are:

$$\bar{Q}_{ij} = \frac{n_{ij}}{n_i}, \quad \bar{f}_{ij}(n) = \frac{n_{ij}(k)}{n_{ij}},\ i,j \in E,\ k \in \mathbb{N},$$

where n_{ij} the number of transitions from i to j, $n_{ij}(k)$ the number of transitions from i to j, with sojourn time in state i equal to k, and n_i the number of visit to state i. If $n_i = 0$, we set $\bar{Q}_{ij} = 0$ and if $n_{ij} = 0$, we set $\bar{f}_{ij}(k) = 0$, for all $i, j \in E$.

2.2. Maximum likelihood estimates

Maximum likelihood and empirical methods coincide in the estimation of the transition matrix of the embedded Markov chain:

$$\hat{\theta}_1 = \frac{n_{\texttt{CaFa}}}{n_{\texttt{CaFa}} + n_{\texttt{CaGr}} + n_{\texttt{CaCp}}}, \qquad \hat{\theta}_2 = \frac{n_{\texttt{CaGr}}}{n_{\texttt{CaFa}} + n_{\texttt{CaGr}} + n_{\texttt{CaCp}}},$$
$$\hat{\theta}_3 = \frac{n_{\texttt{FaCa}}}{n_{\texttt{FaCa}} + n_{\texttt{FaFs}}}, \qquad \hat{\theta}_4 = \frac{n_{\texttt{GrCa}}}{n_{\texttt{GrCa}} + n_{\texttt{GrFa}}}.$$

They correspond to a matrix of an absorbing Markov chain:

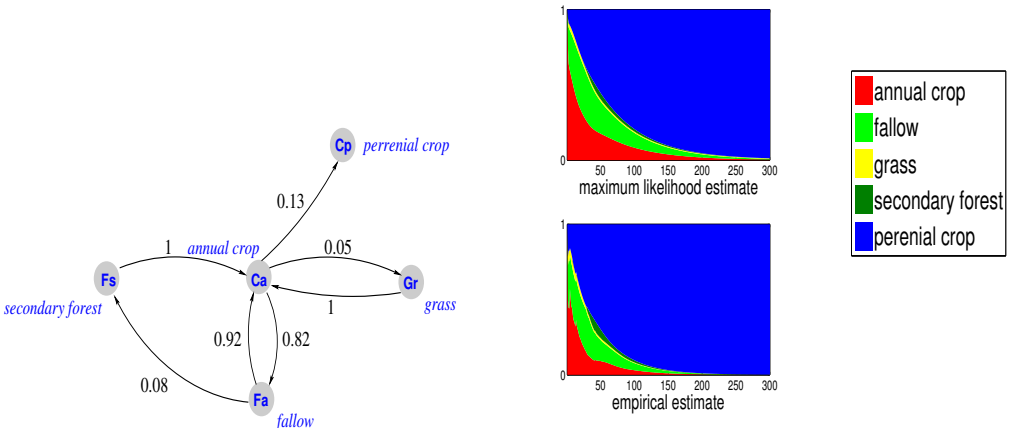


Figure 2. Left: *Embedded Markov chain of the absorbing semi-Markov deduced from empirical and maximum likelihood methods.* **Right:** *Distributions of the absorption times deduced from the empirical and maximum likelihood estimates.*

The maximum likelihood estimates(MLEs) of the parameters of the sojourn times distribution f are:

$$\hat{\gamma_1} = \frac{\sum_{k=1}^{M} n_{\texttt{CaFa}}(k)}{\sum_{k=1}^{M} k\, n_{\texttt{CaFa}}(k)}, \quad \hat{\gamma_2} = \frac{\sum_{k=1}^{M} n_{\texttt{CaGr}}(k)}{\sum_{k=1}^{M} k\, n_{\texttt{CaCp}}(k)}, \quad \hat{\gamma_3} = \frac{\sum_{k=1}^{M} n_{\texttt{CaCp}}(k)}{\sum_{k=1}^{M} k\, n_{\texttt{CaCp}}(k)},$$

$$\hat{\gamma_4} = \frac{\sum_{k=1}^{M} n_{\texttt{FaCa}}(k)}{\sum_{k=1}^{M} k\, n_{\texttt{FaCa}}(k)}, \quad \hat{\lambda}_1 = \frac{\sum_{k=1}^{M} k\, n_{\texttt{FaFs}}(k)}{\sum_{k=1}^{M} n_{\texttt{FaFs}}(k)}, \quad \hat{\lambda}_2 = \frac{\sum_{k=1}^{M} k\, n_{\texttt{GrCa}}(k)}{\sum_{k=1}^{M} n_{\texttt{HeCa}}(k)},$$

$$\hat{\lambda}_3 = \frac{\sum_{k=1}^{M} k\, n_{\texttt{GrFa}}(k)}{\sum_{k=1}^{M} n_{\texttt{GrFa}}(k)}, \quad \hat{\lambda}_4 = \frac{\sum_{k=1}^{M} k\, n_{\texttt{FsCa}}(k)}{\sum_{k=1}^{M} n_{\texttt{FsCa}}(k)}, \quad \hat{\lambda}_5 = \frac{\sum_{k=1}^{M} k\, n_{\texttt{CpCa}}(k)}{\sum_{k=1}^{M} n_{\texttt{CpCa}}(k)},$$

with $M = max(M^{(p)}, p = 1 \dots P)$.

These two estimations of f lead to two absorbing semi-Markov models with semi-Markov kernel estimates:

$$\bar{q}_{ij}(n) = \bar{Q}_{ij}\ \bar{f}_{ij}(n) \quad \forall i, j \in E, \forall n \in \mathbb{N},$$
$$\hat{q}_{ij}(n) = \hat{Q}_{ij}\ \hat{f}_{ij}(n) \quad \forall i, j \in E, \forall n \in \mathbb{N}.$$

2.3. Absorbing time

We focus on the time taken by the system before reaching the absorbing state "perennial crop" `Cp` (see Figure 2). Let $T_i^{\texttt{Cp}}$ the hitting time of `Cp` starting from a state $i \in E \setminus \{\texttt{Cp}\}$,ie.

$$T_i^{\texttt{Cp}} \stackrel{\text{def}}{=} T_m, \text{ with } m = \min\{l \in \mathbb{N},\ Y_l = \texttt{Cp},\ Y_0 = i\}.$$

We note $g_i^{\texttt{Cp}}(n) \stackrel{\text{def}}{=} \mathbb{P}_i(T_i^{\texttt{Cp}} = n), \quad n \in \mathbb{N}$ the absorption probability at time n starting from a state i with $g_i^{\texttt{Cp}}(0) = 0, \forall\, i \in E \setminus \{\texttt{Cp}\}$.

The mean $m_{i\mathtt{Cp}}$ of the absorption time satisfies

$$m_{i\mathtt{Cp}} = \nu_i + \sum_{k \neq \mathtt{Cp}} Q_{ik}\, m_{k\mathtt{Cp}} \tag{4}$$

where ν_i is the mean sojourn time of each state $i \in E \setminus \{\mathtt{Cp}\}$.

By (4), we can write

$$m_{\mathtt{CaCp}} = \frac{\nu_{\mathtt{Ca}} + Q_{12}\nu_{\mathtt{Fa}} + Q_{13}\nu_{\mathtt{Gr}} + Q_{12}Q_{24}\nu_{\mathtt{Fs}}}{1 - (Q_{13}Q_{31} + Q_{12}Q_{21} + Q_{12}Q_{24}Q_{41})}.$$

Calculated with the empirical and maximum likelihood estimates, the means of the absorption time are:

$$\bar{m}_{\mathtt{CaCp}} = 39 \text{ years}$$
$$\hat{m}_{\mathtt{CaCp}} = 65 \text{ years}.$$

3. Regular model deduced from the Bayesian estimate

A Bayesian approach is proposed in [3] to estimate the transition matrix of a discrete time Markov chain . In this section,we use the same technique to estimate the transition matrix of the embedded Markov chain $(Y_k)_{k\in\mathbb{N}}$, then we compute the Bayesian estimates of the sojourn time distribution. In both cases, the calculations of the posterior distributions will be done by a Monte Carlo Markov Chain (MCMC) approximation.

3.1. Transition matrix of embedded Markov chain

We assume that the parameter θ of the transition matrix (1) is a random variable with probability density $\pi(\theta)$. Prior knowlegde on θ is summarized in a prior distribution $\pi_{\text{prior}}(\theta)$; we consider the non informative Jeffreys' prior

$$\pi_{\text{prior}}(\theta) \propto \sqrt{\det[\mathcal{I}(\theta)]},$$

where $\mathcal{I}(\theta)$ is the matrix of Fisher Information.

We deduce the posterior distribution by the Bayes formula $\pi_{\text{post}}(\theta) \propto L_1(\theta)\ \pi_{\text{prior}}(\theta)$, where $L_1(\theta)$ is the likelihood function associated with the parameter θ.

And the Bayes estimates is

$$\tilde{\theta} = \int_\Theta \theta\, \pi_{\text{post}}(\theta)\, \mathrm{d}\theta = \frac{\int_\Theta \theta\, L_1(\theta)\, \pi_{\text{prior}}(\theta)\, \mathrm{d}\theta}{\int_\Theta L_1(\theta)\, \pi_{\text{prior}}(\theta)\, \mathrm{d}\theta}\,. \tag{5}$$

Computing (5) can not be explicit, we resolve it by using a MCMC algorithm (see [3]).The corresponding result is a regular matrix $\tilde{Q}$.

3.2. Distribution of the sojourn times

The Jeffreys priors of the parameters $\gamma_i,\ 1 \leq i \leq 4$ and $\lambda_j,\ 1 \leq j \leq 5$ are

$$\pi^g_{\text{prior}}(\gamma_i) \propto \sqrt{\frac{n}{\gamma_i^2}\ \left(\frac{1}{(1-\gamma_i)}\right)}, \qquad \pi^p_{\text{prior}}(\lambda_j) \propto \sqrt{\frac{n}{\lambda_j}}.$$

The posterior distributions and the Bayes estimates are:

$$\pi^g_{\text{post}}(\gamma_i) \propto L_g(\gamma_i)\ \pi^g_{\text{prior}}(\gamma_i), \qquad \pi^p_{\text{post}}(\lambda_j) \propto L_p(\lambda_j)\ \pi^p_{\text{prior}}(\lambda_j),$$

$$\tilde{\gamma_i} = \int \gamma_i\, \pi^g_{\text{post}}(\gamma_i)\, \mathrm{d}\gamma_i, \qquad \tilde{\lambda_j} = \int \lambda_j\, \pi^p_{\text{post}}(\lambda_j)\, \mathrm{d}\lambda_j.$$

3.3. Limit distribution of the semi-Markov model

Bayesian estimate of the transition matrix is a regular matrix. The embedded Markov chain associated is irreducible and admits an invariant distribution π. Further, the distribution of the sojourn times on each state have a finite mean. Thus, the semi-Markov chain $(X_n)_{n\in\mathbb{N}}$ has a limit distribution [2]:

$$\Pi_j = \frac{\pi_j\, \nu_j}{\sum_{i\in E} \pi_i\, \nu_i},\ j \in E \tag{6}$$

where π is the invariant distribution of the embedded Markov chain $(Y_k)_{k\in\mathbb{N}}$ and ν the means of the sojourn times in each state. We find:

$$\Pi = (0.1490,\ 0.2134,\ 0.0524,\ 0.0379,\ 0.5473). \tag{7}$$

This distribution represents the proportion of the parcel occupied by each state in equilibrium, see figure. That is, at equilibrium: 14.9% in state `Ca`, 21.34% in `Fa`, 5.24% in `Gr`, 3.79% in `Fs` and 54.73% in `Cp`; see figure 3.

4. Conclusion

In this paper,we propose an inferring approach for land use dynamics by semi-Markov models. Assumptions about the independence of parcel, equality of the dynamics for all parcels and the homogeneity of the dynamics were posed. These assumptions are essentials in the construction of models. In our case, the inference of the dynamics returns to estimate the semi-Markov transition matrix which directs the successions of the different land uses: annual crops, fallow, grass, secondary forest and perennial crop. This matrix is obtained by the transition matrix of the embedded Markov chain Q and the conditional sojourn time distribution f.We estimate Q and f by empirical, maximum likelihood and Bayesian method.

The first two methods consist in using only the observed data, without taking into account any priori knowledge about the system. They lead to an absorbing model, that is: according to these models, in long term, the parcel use converges to an unique land use : perennial crop. We have calculated the mean of the time to reach this state: 39 years for the model deduced by empirical estimate and 65 years for the model deduced by the maximum likelihood estimate.

Bayesian approach is considered more credible by the specialists because it allows an integration of the available prior knowledge of the system. We use Jeffreys priors and the identifications of the parameters of Q and f are done with a Markov chain Monte Carlo approximation. This method leads to a regular model which has an invariant distribution. This invariant distribution ensures the stabilization of the proportions evolution of the land use in the long term. Making comparisons on the absorbing and regular models: we find that they are very close in the short term. The difference is clear after some decades.

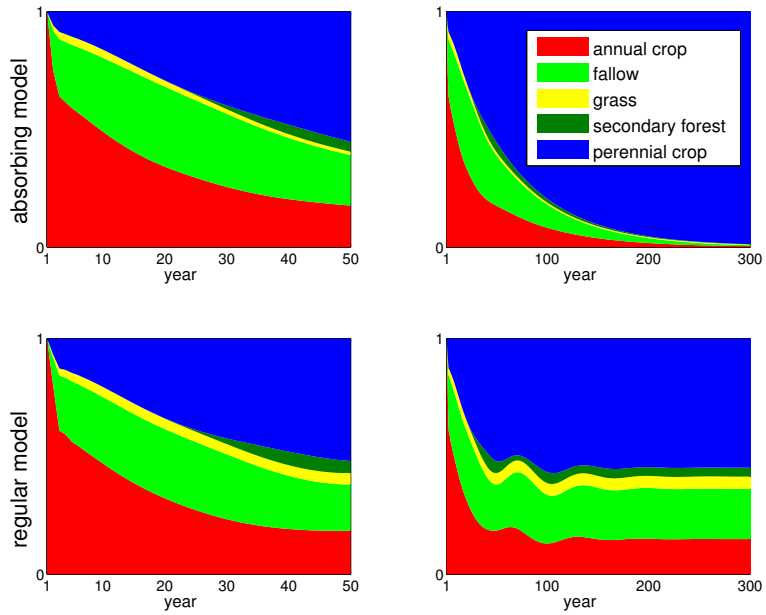


Figure 3. *Comparing proportions of parcel use according to the absorbing model (top) and the regular (bottom) models.*

We put in evidence in this work that Markov models are relevant tools to modelize land use dynamics. These models are relatively simple but allow for thorough analysis due to their mathematical properties. We can apply the tools developed in this article to various area related applications.

5. References

[1] D. K. Agarwal, J. A. Silander Jr., A. E. Gelfand, R. E. Deward, and J. G. Mickelson Jr. Tropical deforestation in Madagascar: analysis using hierarchical, spatially explicit, Bayesian regression models. *Ecological Modelling*, 185:105–131, 2005.

[2] V. S. Barbu, J. Bulla, and A. Maruotti. Estimation of the stationary distribution of a semi-Markov chain. *Journal of Reliability and Statistical Studies*, 5:15–26, 2012.

[3] F. Campillo, Hervé D., A. Raherinirina, and R. Rakotozafy. Markov analysis of land use dynamics: A case study in Madagascar,. In *XI Colloque Africain sur la Recherche en Informatique en Mathématiques Appliqués (CARI)*, 2012.

[4] A. Raherinirina. *Modélisation markovienne des dynamiques d'usage des sols – Cas de parcelles situées sur le bord du corridor forestier Ranomafana-Andringitra*. Thèse soutenue à l'Université de Fianarantsoa en 2013.

[5] E. A. Van Doorn and P. K. Pollett. Quasi-stationary distributions for reducible absorbing Markov chains in discrete time. *Markov Processes Relat. Fields*, 15:191–204, 2009.

Dynamic behaviors of a Leslie-Gower Predator-Prey model subject to a SIS infectious disease and Nonstandard Numerical Schemes

Valaire Yatat Djeumen [a, d, *]- Jean Jules Tewa [b, d]- Samuel Bowong [c, d]

a,* Department of Mathematics, University of Yaoundé I, PO Box 812 Yaoundé, Cameroon, yatat.valaire@gmail.com, Corresponding author, Tel.+(237) 75 30 57 26
b National Advanced School of Engineering University of Yaoundé I, Department of Mathematics and Physics P.O. Box 8390 Yaoundé, Cameroon, tewajules@gmail.com
c Department of Mathematics and Computer Science, Faculty of Science, University of Douala, P.O. Box 24157 Douala, Cameroon, sbowong@gmail.com
d UMI 209 IRD/UPMC UMMISCO, University of Yaoundé I, Faculty of Science, LIRIMA Project team GRIMCAPE, University of Yaoundé I, Faculty of Science P.O. Box 812, Yaoundé, Cameroon

ABSTRACT. In this paper, dynamic behaviors of a Leslie-Gower Predator-Prey model subject to a SIS (Susceptible-Infectious-Susceptible) infectious disease affecting both Predators and Preys, and global bifurcation are analyzed. The homoclinic cycle is characterized. Thought qualitative analysis, ecological thresholds are computed and used to investigate the global stability results of equilibria. We also highlight conditions, involving ecological thresholds, under which disease can disappear from the community or becomes endemic in one or in the two populations of the community. Finally, we develop dynamically stable and consistency nonstandard numerical schemes [1] and show some numerical simulations to illustrate our analytical results.

RÉSUMÉ. Dans ce travail, nous analysons la dynamique d'un modèle Proie-Prédateur de type Leslie-Gower en présence d'une maladie infectieuse de type SIS (Susceptible-Infecté-Susceptible) ainsi que les bifurcations globales. La boucle homocline est caractérisée et l'analyse qualitative du modèle nous permet de calculer des seuils écologiques qui résument les résultats de stabilité globale des différents équilibres. Nous mettons en exergue des conditions pour lesquelles la maladie disparaîtrait ou deviendrait endémique dans l'une ou dans les deux populations. Finalement, nous construisons des schémas numériques dynamiquement stables et consistants avec le problème continu [1] et présentons des simulations numériques qui illustrent nos résultats analytiques.

KEYWORDS : Modelling, Infectious disease, Qualitative analysis, Nonstandard numerical schemes

MOTS-CLÉS : Modélisation, Maladie infectieuse, Analyse qualitative, Schémas numériques non-standards

1. Introduction

There are many epidemiological or ecological models in the literature and also many models which encompass the two fields (see [5] and references therein). The main questions regarding population dynamics concern the effects of infectious diseases in regulating natural populations, decreasing their population sizes or reducing their natural fluctuations. A Leslie-Gower Predator-Prey model is a two species food chain with the particularity that the carrying capacity of Predator population is proportional to the number of Preys i.e when there is a few quantity of Preys, predation is negligible so Predator find alternative foods. Many studies have been carried out to analyze the influence of disease in predator-prey models. In [3] authors considered that Predators could only survive on the Prey if some of the Preys were more easily caught due to being diseased; Hudson et al., model [4] in which they considered the macroparasitic infections in red grouse and looked at situations in which parasitic infections of Preys made them more vulnerable to predation. Generally, there are more macroparasitic infections which can affect only Preys, only Predators or both Preys and Predators.

In the theory of dynamical systems, for a vector fields, we have two type of bifurcations local bifurcations and global bifurcations. Local bifurcations are essentially based on the study of the linear part of the vector fields and global bifurcations need to manipulate the whole vector fields with its linear and nonlinear parts. The study of bifurcations phenomena in eco-epidemiological models remains very poor. However, bifurcations phenomena always occur in these models and need to be more studied.

With respect to existing models, the novelties in this paper are: global bifurcation; SIS infectious disease in a Leslie-Gower model; the form of response function when there is a disease with the coefficient θ affecting mortality and recruitment. We also include the possibility that infectious disease can be acquired by the predators during the predation process i.e the vertical transmission. Moreover, we construct and use dynamically consistent and stable nonstandard numerical schemes for simulations. It has been proved in [1] that the simulations can be very different using a nonstandard numerical scheme.

2. The model formulation

The Leslie-Gower Predator-Prey model is given by

$$\dot{H}(t) = (r_1 - a_1 P(t) - b_1 H(t))H(t), \qquad \dot{P}(t) = \left(r_2 - a_2 \frac{P(t)}{H(t)}\right) P(t), \qquad (1)$$

where H denotes the Prey population, P the Predator population, r_1 the intrinsic growth rate of the Preys, r_2 is the intrinsic growth rate of the Predators, a_1 is the predation rate per unit of time, $\frac{r_1}{b_1}$ is the carrying capacity of the Prey's environment and $\frac{r_2}{a_2}H$ is the "carrying capacity" of the Predator's environment which is proportional to the number of Prey.

Our goal here is to combine the preceding model (1) and an epidemiological SIS compartmental model incorporating a standard incidence, in order to analyze the influence of SIS infectious disease in a Predator-Prey community. The following hypothesis hold in our model

(H1) The infected population do not become immune.

(H2) It is assumed that Predator cannot distinguish the infectious and healthy Preys.
(H3) We assume that only susceptible Preys are capable of reproducing.

3. Mathematical analysis

3.1. The Leslie-Gower Predator-Prey model (1) without disease

In this section, we give mathematical results concerning System (1).

Lemma 3.1. *The following results are obvious so we omit the proof.*

1) The nonnegative orthant $\mathbf{R}^2_+$ is positively invariant by System (1).

2) The set $D = \left\{(H,P) : 0 < H \leq \frac{r_1}{b_1}, 0 \leq P \leq \frac{r_1 r_2}{a_2 b_1}\right\}$ is a feasible region for System (1).

3) There exists two equilibria for System (1): the predator-free equilibrium $E_1 = \left(\frac{r_1}{b_1}, 0\right) = (K_1, 0)$ and the coexistence equilibrium $E_2 = (H^*, P^*) = \left(\frac{r_1 a_2}{a_1 r_2 + a_2 b_1}, \frac{r_1 r_2}{a_1 r_2 + b_1 a_2}\right)$ which always exist.

Theorem 3.1. *The following results hold for System (1).*

1) System (1) don't admit periodic solutions.

2) The predator-free equilibrium E_1 is a saddle-node with stability for Prey population and instability for Predator population.

3) The coexistence equilibrium E_2 is globally asymptotically stable (GAS).

4) Let $c_1 = -\frac{b_1(r_1+r_2)}{r_1 a_1}$ and $c_2 = \frac{a_1 c_1^2(2r_1 - b_1) + 3r_1 c_1 b_1}{2r_1 r_2 + r_1^2}$.
If $c_2 < 0$ then System (1) can admit an homoclinic cycle at the predator-free equilibrium E_1.

Proof 3.1. *Part 1, part 2 and part 3 of theorem 3.1 are obvious then we omit the proof.*

Let $\mathcal{U}$ be a neighborhood of E_1, setting $X = H - \frac{r_1}{b_1}$ and $Y = P$, then the predator-free equilibrium E_1 becomes $\overline{E}_1 = (0,0)$. Moreover, X and Y verify

$$\dot{X} = (-a_1 Y - b_1 X)\left(X + \frac{r_1}{b_1}\right), \qquad \dot{Y} = \left(r_2 - b_1 a_2 \frac{Y}{b_1 X + r_1}\right) Y. \tag{2}$$

The variational matrix of system (2) at $(0,0)$ is $J(0,0) = \begin{pmatrix} -r_1 & -a_1\frac{r_1}{b_1} \\ 0 & r_2 \end{pmatrix}$, its eigenvalues are -$r_1$, r_2 and the corresponding linear eigenspaces are respectively E^S and E^U define as $E^S = \left\{(x,y) \in \mathbf{R}^2 : y = 0\right\}$, $E^U = \left\{(x,y) \in \mathbf{R}^2 : x + \frac{a_1 r_1}{b_1(r_1+r_2)} y = 0\right\}$. Since E^S is invariant by the flot of (2), the stable manifold $W^S = E^S$. Moreover, let $M_0 = \left(-1, \frac{b_1(r_1+r_2)}{a_1 r_1}\right) \in E^U$. Straightforward computations lead $\phi_t(M_0) \notin E^S$, where ϕ_t denotes the flot of (2), thus, the unstable manifold $W^U \neq E^U$. Let $\mathcal{U}$ the

corresponding neighborhood of $(0,0)$ *in the new coordinates* (X,Y)*. The next step is to compute an approximation of* $W^U_{lol}(0,0)$ *in* $\mathcal{U}$ *and compute* $W^U_{lol}(0,0)\bigcap W^S(0,0)$*.* $W^U_{lol}(0,0)=\left\{Y=h(X): h(0)=0, h'(0)=c_1=-\dfrac{b_1(r_1+r_2)}{a_1r_1}\right\}$*. We assume that* h *is analytic and approximate it as* $h(X)=c_1X+c_2X^2+\mathcal{O}(X^3)$*. Straightforward computations, including relation* $\dot{Y}=h'(X)\dot{X}$ *and System* (2) *lead to* $c_2=\frac{a_1c_1^2(2r_1-b_1)+3r_1c_1b_1}{2r_1r_2+r_1^2}$*. Moreover, we have* $W^U_{lol}(0,0)\bigcap W^S(0,0)=\{X_i: h(X_i)=0\}=\left\{0,\ \underline{X}=-\dfrac{c_1}{c_2}\right\}$*.*

Thus, System (1) *admits an homoclinic cycle in the positive orthant if* $c_2<0$ *and* $-\dfrac{r_1}{b_1}\leq\underline{X}=-\dfrac{c_1}{c_2}\in\mathcal{U}$*. Part 4 of theorem 3.1 holds.*

Remark 3.1 Despite the fact that the Predator-free equilibrium $(K_1,0)$ is unstable, when it exists, the homoclinic cycle denotes that Preys can converge to their carrying capacity while Predators go to extinction.

3.2. Mathematical analysis of model(1) when disease spread among the Preys and the Predators

Following [5], let the variables S_1 and I_1 denote respectively the susceptible and infectious in Prey population, S_2 and I_2 denote respectively the susceptible and infectious in Predator population. Parameters b and μ are the natural birth and death rates in Preys, $K_1=\dfrac{r_1}{b_1}$ denotes the carrying capacity of the Prey's environnent, the parameter $0\leq\theta\leq1$ is such that $b-\frac{r_1\theta H}{K_1}$ is the birth rate coefficient, $\mu+\frac{(1-\theta)r_1H}{K_1}$ is the mortality rate, $r_1=b-\mu$ is the intrinsic growth rate. The restricted growth in the logistic equation is due to a density-dependent death rate when $\theta=0$, is due to a density-dependent birth rate when $\theta=1$, and is due to a combination of these when $0<\theta<1$. σ_i, $i=1,2$ is the recovery rate of infectious Preys and infectious Predators. λ_i, $i=1,2$ is the adequate contact rate between susceptibles and infectious in Prey and in Predator. In addition to (H1)-(H3), we assumed that

(H4) There is a vertical transmission of the disease i.e a susceptible Predator can become infectious if he consumed an infectious Prey. δ is the adequate contact rate between a susceptible Predator and an infectious Prey.

The Leslie-Gower Predator-Prey model when the disease is present in the community is given by the set of differential equations

$$\left\{\begin{array}{rcl}
\dot{H} &=& r_1\left(1-\dfrac{H}{K_1}\right)H-a_1PH,\\
\dot{S}_1 &=& \left(b-r_1\theta\dfrac{H}{K_1}\right)H-\left[\mu+\dfrac{(1-\theta)r_1H}{K_1}\right]S_1-\dfrac{\lambda_1S_1I_1}{H}+\sigma_1I_1-a_1S_1P,\\
\dot{I}_1 &=& \dfrac{\lambda_1S_1I_1}{H}-\sigma_1I_1-\left[\mu+\dfrac{(1-\theta)r_1H}{K_1}\right]I_1-a_1I_1P,\\
\dot{P} &=& \left(r_2-\dfrac{a_2P}{H}\right)P,\\
\dot{S}_2 &=& \left(r_2-\dfrac{a_2P}{H}\right)S_2-\dfrac{\delta S_2I_1}{P}-\dfrac{\lambda_2S_2I_2}{P}+\sigma_2I_2,\\
\dot{I}_2 &=& \left(r_2-\dfrac{a_2P}{H}\right)I_2+\dfrac{\delta S_2I_1}{P}+\dfrac{\lambda_2S_2I_2}{P}-\sigma_2I_2.
\end{array}\right. \tag{3}$$

Using the fact that $H = S_1 + I_1$ and $P = S_2 + I_2$, (3) is reduced to

$$\begin{cases} \dot{H} &= r_1\left(1-\dfrac{H}{K_1}\right)H - a_1PH, \\ \dot{I}_1 &= \dfrac{\lambda_1(H-I_1)I_1}{H} - \sigma_1 I_1 - \left[\mu + \dfrac{(1-\theta)r_1H}{K_1}\right]I_1 - a_1I_1P, \\ \dot{P} &= \left(r_2 - \dfrac{a_2P}{H}\right)P, \\ \dot{I}_2 &= \left(r_2 - \dfrac{a_2P}{H}\right)I_2 + \dfrac{\delta(P-I_2)I_1}{P} + \dfrac{\lambda_2(P-I_2)I_2}{P} - \sigma_2 I_2. \end{cases} \tag{4}$$

The following results hold for System (4).

Lemma 3.2. *a). The nonnegative orthant $\mathbf{R}^4_+$ is positively invariant by System (4).*
b). The set $D = \left\{(H, I_1, P, I_2) : 0 < H \leq K_1, 0 \leq I_1 \leq H, 0 \leq I_2 \leq P \leq \frac{r_2K_1}{a_2}\right\}$ is a feasible region for System (4).

Setting $\mathcal{R}_{01} = \dfrac{\lambda_1}{\sigma_1 + b - r_1\theta}$, $\mathcal{R}_2 = \dfrac{\lambda_2}{\sigma_2}$. Equilibria of System (4) are:

1) Equilibrium $E_1 = (K_1, 0, 0, 0)$ which always exists.

2) The disease-free equilibrium $E_2 = (H^*, 0, P^*, 0)$ which always exists.

3) The predator-free equilibrium $E_3 = \left(K_1, K_1\left(1 - \dfrac{1}{\mathcal{R}_{01}}\right), 0, 0\right)$ which is ecologically acceptable if $\mathcal{R}_{01} > 1$.

4) Equilibrium $E_4 = (H^*, 0, P^*, I_{2E}) = \left(H^*, 0, P^*, P^*\left(1 - \dfrac{1}{\mathcal{R}_2}\right)\right)$ which is ecologically acceptable if $\mathcal{R}_2 > 1$.

5) Equilibrium $E_5 = (H^*, I_{1EE}, P^*, I_{2EE})$, with $I_{1EE} = H^*\left(1 - \dfrac{1}{\mathcal{R}_3}\right)$, $\mathcal{R}_3 = \dfrac{\lambda_1}{\sigma_1 + \mu + (1-\theta)r_1\dfrac{H^*}{K_1} + a_1P^*}$ and I_{2EE} is the positive solution of equation

$$\frac{\lambda_2}{P^*}I_2^2 + \left(\frac{\delta I_{1EE}}{P^*} + \lambda_2 + \sigma_2\right)I_2 - \delta I_{1EE} = 0.$$

This equilibrium is acceptable if $\mathcal{R}_3 > 1$.
Now we turn to investigate global stability results for System (4).

Theorem 3.2. *The following properties hold for System (4).*

1) Equilibria E_1 and E_3 are unstable.

2) If $\mathcal{R}_2 \leq 1$ and $\mathcal{R}_3 \leq 1$ then $\lim\limits_{t\to+\infty}(H, I_1, P, I_2)(t) = E_2$.

3) If $\mathcal{R}_2 > 1$ and $\mathcal{R}_3 \leq 1$ then $\lim\limits_{t\to+\infty}(H, I_1, P, I_2)(t) = E_4$.

4) If $\mathcal{R}_2 \leq 1$ and $\mathcal{R}_3 > 1$ then $\lim\limits_{t\to+\infty}(H, I_1, P, I_2)(t) = E_5$.

Proof 3.2. *See Appendix A.*

4. Conclusion

In this paper we formulate and study a Leslie-Gower Predator-Prey model with a disease infection in both populations. The Leslie-Gower predator-Prey model acknowledges the fact that when there is a few quantity of Preys, predation is negligible so Predator find alternative foods. Our eco-epidemiological model also acknowledges both vertical and horizontal transmissions of the disease. This assumption was motivated by the Salton sea infection case. Indeed, since mid-August of 1996, a bacterial outbreak of *Vibrio vulnificus* in the Salton Sea among the Tilapia has led to massive deaths not only among the fish themselves, but also in the pelican population. Studies have indicated that the bacterial infection contributes to low oxygen levels in the tissues of the infected fish. The shortage of oxygen causes the fish to seek oxygen from the sea's surface and leads to a favorable environment for botulism to grow in the tissues of the infected fish [2]. When pelicans prey upon these vulnerable fish, it is likely that they ingest the botulism toxins that eventually contribute to the development of *Avian botulism*. *Avian botulism* is a debilitating neurological disease which usually inflicts death upon its host [2]. The ecological thresholds $\mathcal{R}_{01}$, $\mathcal{R}_2$ and $\mathcal{R}_3$ can be considered respectively as the basic reproduction number of Preys when there is no Predator, the basic reproduction number of Predators when there is no Prey, the basic reproduction number of Predators and Preys when the two populations coexist. In this work, we have observed that despite the fact that the Predator free equilibrium E_1 is unstable, through the homoclinic cycle, Preys can reach their carrying capacity while Predators go to extinction. Moreover, when the disease appears in the community, the disease can disappear or persist in the community, the disease can disappear in Preys and persist in Predators. To avoid extinction of the species, one should look carefully some parameters such as the rate of infection, the death rate of the infective population and the recovery rate of the infective population.

However, our model can be extended by considering a time's delay for the disease transmission. Moreover, since our model aims to study Predators and Preys interactions which could be subject to harvesting, another framework could consist to include continuous or impulsive harvesting in preys, in Predators or in both Preys and Predators. Thus, the next stage will be a thorough analysis of a Leslie-Gower Predator-prey model with infectious disease and subject to a continuous and to an impulsive harvesting.

5. Nonstandard schemes and numerical simulations

As mentioned in [6], compartmental models are usually solved using standard numerical methods, for example, Euler or Runge Kutta methods included in software package such as Scilab and Matlab. Unfortunately, these methods can sometimes present spurious behaviors which are not in adequacy with the continuous system properties that they aim to approximate i.e, lead to negative solutions, exhibit numerical instabilities, or even converge to the wrong equilibrium for certain values of the time discretization or the model parameters. In this section, following [6], we perform numerical simulations using an implicit nonstandard algorithm to illustrate and validate analytical results obtained in the previous sections.

5.1. Nonstandard schemes for Systems (1) and (4)

Following [1] and [6], System (1) is discretized as follows:

$$\left\{\begin{array}{rcl} \dfrac{H^{k+1}-H^k}{\varphi(h)} & = & (r_1 - a_1P^k - b_1H^k)H^{k+1}, \\ \dfrac{P^{k+1}-P^k}{\varphi(h)} & = & \left(r_2 - a_2\dfrac{P^k}{H^k}\right)P^{k+1}, \end{array}\right. \tag{5}$$

where φ is the "denominator function", h the time-step and φ is such that $\varphi(h) = h + \mathcal{O}(h^2), \forall\, h > 0$. For more details see [1]. System (4) is discretized as follows:

$$\left\{\begin{array}{rcl} \dfrac{H^{k+1}-H^k}{\psi(h)} & = & \left(r_1\left(1-\dfrac{H^k}{K_1}\right) - a_1P^k\right)H^{k+1}, \\ \dfrac{I_1^{k+1}-I_1^k}{\psi(h)} & = & \left(\lambda_1\left(1-\dfrac{I_1^k}{H^k}\right) - \sigma_1 - \mu - r_1(1-\theta)\dfrac{H^k}{K_1} - a_1P^k\right)I_1^{k+1}, \\ \dfrac{P^{k+1}-P^k}{\psi(h)} & = & \left(r_2 - \dfrac{P^k}{H^k}\right)P^{k+1}, \\ \dfrac{I_2^{k+1}-I_2^k}{\psi(h)} & = & \left(r_2 - a_2\dfrac{P^k}{H^k} + \lambda_2\left(1-\dfrac{I_2^k}{P^k}\right) - \sigma_2 - \delta\dfrac{I_1^k}{P^k}\right)I_2^{k+1} + \delta I_1^{k+1}. \end{array}\right. \tag{6}$$

Systems (1) can be written in the following matrix form: $\dfrac{dX}{dt} = \mathcal{A}(X)X,\ X(0) = X_0,$ where $X = (H, P) \in \mathrm{R}_+^2$ and $\mathcal{A}(X) = \begin{pmatrix} r_1 - a_1P - b_1H & 0 \\ 0 & r_2 - a_2\dfrac{P}{H} \end{pmatrix}$.
The following results are adapted from [1]. Let

$$\varphi(h) = \frac{1-e^{-Qh}}{Q},\ Q = \max(r_1, r_2). \tag{7}$$

Lemma 5.1. *Using the expression of φ defined in (7), the numerical scheme (5) is positively stable. Moreover, the numerical scheme (5) and the model (1) have the same equilibria.*

The dynamics of model (1) can be captured by any number Q satisfying

$$Q \geq \max\left\{\frac{|\lambda|^2}{2|Re(\lambda)|}\right\}, \tag{8}$$

where $\lambda \in\ sp(J)$ with $J_{ij} = \frac{\partial A_i}{\partial X_j}$.

Lemma 5.2. *If $\varphi(h)$ is chosen as in Eqs. (7) and (8), then the numerical scheme (5) is elementary stable.*

In the same ways if we choose $\psi(h) = \dfrac{1-e^{-Sh}}{S},\ where\ \ S = \max(r_1, \lambda_1, r_2, r_2 + \lambda_2)$, then numerically scheme (6) is positively and elementary stable.

5.2. Some Numerical simulations

Parameter values have been chosen in such a way that they are realistic and at the same time obey the conditions for stability or bifurcation. Figure 1 illustrates the coexistence of Preys and Predators in the disease-free case.

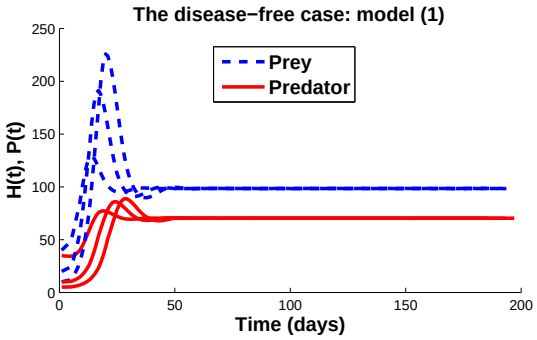


Figure 1: Predator and Prey coexist. $r_1 = 0.9$, $b_1 = 0.002$, $r_2 = 0.5$, $a_1 = 0.01$, $a_2 = 1$.

Figure 2 presents how system (4) changes from the state without disease to state with disease as a function of the contact rates between susceptible and infectious individuals λ_i, recovery rates σ_i and the coefficient θ. $\delta = 0.02$, $\mu = 0.1$, $b = 0.09$.

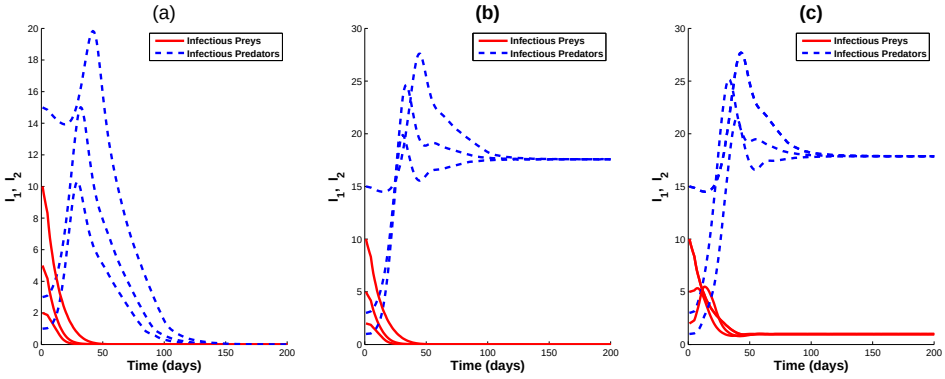


Figure 2: (a) Disease die out in the community: $\sigma_1 = 0.15$, $\sigma_2 = 0.15$, $\theta = 0.08$, $\lambda_1 = 0.1$, $\lambda_2 = 0.1$; (b) Disease die out in Preys and persists in Predators: $\sigma_1 = 0.15$, $\sigma_2 = 0.15$, $\theta = 0.08$, $\lambda_1 = 0.1$, $\lambda_2 = 0.2$; (c) Disease persists both in Prey and in Predator: $\sigma_1 = 0.015$, $\sigma_2 = 0.15$, $\theta = 0.08$, $\lambda_1 = 1$, $\lambda_2 = 0.2$.

6. References

[1] R. ANGUELOV, Y. DUMONT, J. LUBUMA, M. SHILOR, "Dynamically consistent nonstandard finite difference schemes for epidemiological Models", *J. Comp. App. Math.*, vol. 255, 2014, pp. 161-182.

[2] J. CHATTOPADHYAY , N. BAIRAGI, " Pelicans at risk in Salton Sea: an eco-epidemiological model ", *Ecological Modelling*, vol. 136, 2001, pp. 103-112.

[3] K.P. HADELER, H.I. FREEDMAN, " Predator-Prey populations with parasitic infection", *J. Math. Biol.*, vol. 27, 1989, pp. 609-631.

[4] P.J. HUDSON, A.P. DOBSON, D. NEWBORN, " Do parasites make Prey more vulnerable to predation? Red grouse and parasites ", *J. Anim. Ecol.*, vol. 61, 1992, pp. 681-692.

[5] JJ. TEWA, V. YATAT, S. BOWONG, "Predator-prey model with Holling response function of type II and SIS infectious disease", *App. Math. Mod.*, vol. 37, 2012, pp. 4825-4841.

[6] V. YATAT, Y. DUMONT, JJ. TEWA, P. COUTERON, S. BOWONG, "Mathematical Analysis of a Size Structured Tree-Grass Competition Model for Savanna Ecosystems", *Biomath*, vol. 3, 2014, pp. 1-18.

Appendix A : Proof of Theorem 3.2

1) Since $r_2 > 0$ is an eigenvalue of the variational matrix of System (4) at E_1 and E_3, it follows that E_1 and E_3 are unstable.

2) From Theorem 3.1 we deduce that $\lim_{t\to+\infty}(H,P)(t) = (H^*, P^*)$.

Since $r_2 - a_2\dfrac{P^*}{H^*} = 0$, solutions I_1 and I_2 admit as limiting system

$$\begin{cases} \dot{I}_1 &= \dfrac{\lambda_1(H^*-I_1)I_1}{H^*} - \sigma_1 I_1 - \left[\mu + \dfrac{(1-\theta)r_1H^*}{K_1}\right] I_1 - a_1 I_1 P^*, \\ \dot{I}_2 &= \dfrac{\delta(P^*-I_2)I_1}{P^*} + \dfrac{\lambda_2(P^*-I_2)I_2}{P^*} - \sigma_2 I_2. \end{cases} \tag{9}$$

Since $\dfrac{(H^*-I_1)}{H^*} < 1$, we have $\dot{I}_1 \leq \lambda_1\left(1-\dfrac{1}{\mathcal{R}_3}\right)I_1$. Thus, for $\mathcal{R}_3 < 1$, $I_1 \to 0$; for $\mathcal{R}_3 = 1$, $\dot{I}_1 = -\dfrac{\lambda_1}{H^*}I_1^2$ and $I_1 \to 0$. Finally, for $\mathcal{R}_3 \leq 1$, $\lim_{t\to+\infty} I_1(t) = 0$ and the solution I_2 admits as limiting equation $\dot{I}_2 \leq \lambda_2\left(1-\dfrac{1}{\mathcal{R}_2}\right)I_2$. Since $\mathcal{R}_2 < 1$, $\lim_{t\to+\infty} I_2(t) = 0$. Moreover, for $\mathcal{R}_2 = 1$, $\dot{I}_2 = -\dfrac{\lambda_2}{P^*}I_2^2$ and $\lim_{t\to+\infty} I_2(t) = 0$. Finally, we have $\lim_{t\to+\infty}(H, I_1, P, I_2)(t) = E_2$ whenever $\mathcal{R}_3 \leq 1$ and $\mathcal{R}_2 \leq 1$.

3) We have shown that if $\mathcal{R}_3 \leq 1$ then $\lim_{t\to+\infty} I_1(t) = 0$. Thus, $\dot{I}_2 = \dfrac{\lambda_2(P^*-I_2)I_2}{P^*} - \sigma_2 I_2 = g(I_2)$. Since $\mathcal{R}_2 > 1$, $g'(I_{2E}) < 0$ and $\lim_{t\to+\infty} I_2(t) = I_{2E}$. Finally, we have $\lim_{t\to+\infty}(H, I_1, P, I_2)(t) = E_4$ whenever $\mathcal{R}_3 \leq 1$ and $\mathcal{R}_2 > 1$.

4) Solution I_1 of (4) verify

$$\dot{I}_1 = \frac{\lambda_1(H^*-I_1)I_1}{H^*} - \sigma_1 I_1 - \left[\mu + \frac{(1-\theta)r_1H^*}{K_1}\right] I_1 - a_1 I_1 P^* = h_1(I_1). \tag{10}$$

Since $\mathcal{R}_3 > 1$, $h_1'(I_{1EE}) < 0$ and it follows that $\lim_{t\to+\infty} I_1(t) = I_{1EE}$. Thus, solution I_2 of (4) admits as limiting equation $\dot{I}_2 = \dfrac{\delta(P^*-I_2)I_{1EE}}{P^*} + \dfrac{\lambda_2(P^*-I_2)I_2}{P^*} - \sigma_2 I_2 = h_2(I_2)$. Computing h_2' leads to $h_2'(I_{2EE}) = -\dfrac{\delta I_{1EE}}{P^*} - 2\dfrac{\lambda_2 I_{2EE}}{P^*} + \lambda_2\left(1-\dfrac{1}{\mathcal{R}_2}\right)$. Since $\mathcal{R}_2 \leq 1$, $h_2'(I_{2EE}) < 0$ and $\lim_{t\to+\infty} I_2(t) = I_{2EE}$. Finally, we have $\lim_{t\to+\infty}(H, I_1, P, I_2)(t) = E_5$ whenever $\mathcal{R}_3 > 1$ and $\mathcal{R}_2 \leq 1$.

Sur la stabilité globale de l'équilibre de coexistence d'un modèle densité-dépendant de compétition pour une ressource

Radhouane Fekih-Salem [a,b] — Tewfik Sari [c,d]

[a] Université de Tunis el Manar, École Nationale d'Ingénieurs de Tunis, LAMSIN,
B.P. 37, 1002 Tunis Le Belvédère, Tunisie. (e-mail: radhouene.fs@gmail.com)

[b] Université de Monastir, Institut Supérieur d'Informatique de Mahdia,
Avenue Habib Bourguiba, Sidi Massoud, 5100 Mahdia, Tunisie.

[c] Irstea, UMR ITAP,
361 rue Jean-François Breton, 34196 Montpellier, France. (e-mail: tewfik.sari@irstea.fr)

[d] Université de Haute Alsace, Laboratoire de Mathématiques, Informatique et Applications,
4 rue des frères Lumière, 68093 Mulhouse, France.

RÉSUMÉ. Dans ce travail, nous étudions un modèle de deux espèces microbiennes en compétition sur un seul nutriment dans un chémostat avec des taux de croissances densité-dépendants intra et inter-spécifique. Nous démontrons, pour des termes de compétition inter-spécifique assez faibles, la convergence globale vers l'équilibre de coexistence pour toute condition initiale strictement positive. Pour des termes de compétition inter-spécifique assez grands, le système présente une bistabilité, avec exclusion compétitive d'une espèce selon la condition initiale.

ABSTRACT. In this work, we study a model of two microbial species in competition on a single ressource in a chemostat with intra and inter-specific density dependent growth rates. We show for small enough terms of inter-specific competition, the global convergence to the coexistence equilibrium for any positive initial condition. For large enough terms of inter-specific competition, the system exhibits bistability with competitive exclusion of one species according to the initial condition.

MOTS-CLÉS : Chemostat, Coexistence, Compétition, Densité-dépendant, Stabilité Globale.

KEYWORDS : Chemostat, Coexistence, Competition, Density-dependent, Global Stability.

1. Introduction

Nous considérons un modèle de deux espèces microbiennes en compétition sur un seul nutriment dans un chémostat, où les taux de croissance ne dépendent pas seulement de la concentration en substrat du milieu, mais également des concentrations en micro-organismes. Plus précisément, nous considérons des termes de compétition intra et inter-spécifique dans les lois de croissance, pour voir leurs effets sur la coexistence des espèces. Le modèle s'écrit

$$\left\{\begin{array}{lcl} \dot{S} & = & D(S_{in}-S)-\mu_1(S,x_1+\alpha x_2)x_1-\mu_2(S,x_2+\alpha x_1)x_2 \\ \dot{x}_1 & = & [\mu_1(S,x_1+\alpha x_2)-D]x_1 \\ \dot{x}_2 & = & [\mu_2(S,x_2+\alpha x_1)-D]x_2 \end{array}\right. \quad (1)$$

où $S(t)$ désigne la concentration du substrat à l'instant t ; $x_i(t)$, $i = 1, 2$, désigne la concentration de l'espèce i à l'instant t ; D et S_{in} désignent respectivement le taux de dilution dans le chémostat et la concentration du substrat à l'entrée du chémostat ; $\mu_i(S, x_i + \alpha x_j)$, $i, j = 1, 2$ avec $j \neq i$, représente le taux de croissance de l'espèce i où α est un paramètre positif qui désigne la compétition inter-spécifique.

Le cas $\alpha = 0$ a été traité par Lobry et al. [2, 3, 4] avec n espèces. Le cas où les taux de prélèvement D_i de l'espèce i sont distincts, a été considéré dans [4]. Ils ont montré l'existence d'un unique équilibre de coexistence qui est Globalement Asymptotiquement Stable (GAS) pour toute condition initiale strictement positive. Fekih-Salem et al. [1] ont pu construire le modèle densité-dépendant (1) par des mécanismes de floculation, où les μ_i et les D_i dépendent des densités de toutes les espèces, $x = (x_1, \ldots, x_n)$. Ils ont étudié ce modèle (1) dans le cas où les μ_i et les D_i ne dépendent que de x_i, en utilisant la technique de la caractéristique à l'équilibre de [3, 4]. Cette technique ne s'applique pas dans le cas où les μ_i dépendent de tous les x_j.

Le cas $\alpha > 0$ a été considéré numériquement dans [2], où ils ont montré la coexistence pour α assez petit et l'exclusion au moins d'une espèce pour α assez grand. Dans le paragraphe 2, nous analysons le modèle densité-dépendant intra et inter-spécifique (1) dans le cas général $\alpha \geqslant 0$, par l'existence et la convergence globale de l'équilibre de coexistence. La conclusion est donnée dans le paragraphe 3 et les preuves mathématiques des résultats sont présentées dans l'annexe A.

2. Étude du modèle

Nous nous intéressons, dans ce paragraphe, à l'étude du modèle densité-dépendant intra et inter-spécifique (1). Nous faisons les hypothèses suivantes pour $i = 1, 2$:

H1 : $\mu_i(0, x) = 0$ et $\mu_i(S, x) > 0$ pour tout $S > 0$ et $x \geqslant 0$.

H2 : $\frac{\partial \mu_i}{\partial S}(S, x) > 0$ et $\frac{\partial \mu_i}{\partial x}(S, x) < 0$ pour tout $S > 0$ et $x \geqslant 0$.

H3 : Il existe $\lambda_i < S_{in}$ tel que $\mu_i(\lambda_i, 0) = D$.

H1 signifie que la croissance ne peut avoir lieu qu'en présence du substrat. **H2** signifie que le taux de croissance de chaque espèce augmente avec la concentration du substrat et est inhibé par les compétitions intra-spécifique et inter-spécifique. **H3** signifie qu'en l'absence des compétition intra et inter spécifique, les deux espèces ne sont pas lessivées.

Dans la suite, nous montrons que le système d'ordre trois (1) peut être réduit à un système de second ordre. Nous définissons pour cela l'ensemble compact

$$\Omega = \Big\{(S, x_1, x_2) \in \mathbb{R}^3_+ : S + x_1 + x_2 = S_{in}\Big\}.$$

Soit $z = S + x_1 + x_2$, on a $\dot{z} = D(S_{in} - z)$, alors $z = S_{in} + (z(0) - S_{in})e^{-Dt}$. D'où $z \leqslant \max(S_{in}, z(0))$ pour tout $(S, x_1, x_2) \in \mathbb{R}^3_+$. Par suite, pour toute condition initiale positive, toutes les trajectoires du système sont bornées. En outre, l'ensemble Ω est attracteur de toutes les trajectoires dans $\mathbb{R}^3_+$. Ainsi, le système (1) est équivalent au système asymptotiquement autonome

$$\left\{\begin{array}{rcl} \dot{x}_1 &=& \left[\mu_1\left(S_{in} + (z(0) - S_{in})e^{-Dt} - x_1 - x_2, x_1 + \alpha x_2\right) - D\right] x_1 \\ \dot{x}_2 &=& \left[\mu_2\left(S_{in} + (z(0) - S_{in})e^{-Dt} - x_1 - x_2, x_2 + \alpha x_1\right) - D\right] x_2, \end{array}\right. \tag{2}$$

dont le système limite est

$$\left\{\begin{array}{rcl} \dot{x}_1 &=& [\mu_1(S_{in} - x_1 - x_2, x_1 + \alpha x_2) - D]x_1 \\ \dot{x}_2 &=& [\mu_2(S_{in} - x_1 - x_2, x_2 + \alpha x_1) - D]x_2. \end{array}\right. \tag{3}$$

Puisque la technique de la caractéristique à l'équilibre ne s'applique pas pour l'étude de ce modèle, nous utilisons la méthode des isoclines.

Le système (3) est défini sur l'ensemble $M = \big\{(x_1, x_2) \in \mathbb{R}^2_+ : x_1 + x_2 \leqslant S_{in}\big\}$. L'étude du portrait de phase de ce système réduit sur M montre qu'il existe seulement des nœuds stables, des nœuds instables, des points selles et qu'il n'existe pas de trajectoires joignant deux points selles. Ainsi, nous pouvons appliquer le résultat de Thieme [6] et conclure que le comportement asymptotique de la solution du système (2) est le même que celui du système réduit (3).

2.1. Existence des points d'équilibre

Nous étudions dans la suite l'existence et l'unicité des points d'équilibre du système (3) sous les hypothèses **H1**-**H3**. L'équilibre de lessivage $E_0 = (0, 0)$ existe toujours.

Lemme 2.1 *On a les propriétés suivantes*

1) Il existe un unique $x_i = \tilde{x}_i$ défini par $\mu_i(S_{in} - x_i, x_i) = D$, $i = 1, 2$.

2) Il existe un unique $x_i = \bar{x}_i(\alpha)$ défini par $\mu_j(S_{in} - x_i, \alpha x_i) = D$, $i, j = 1, 2$, avec $j \neq i$.

Notons que $\bar{x}_i(0) = S_{in} - \lambda_j$, pour $i, j = 1, 2$, avec $j \neq i$. Sans perte de généralité, nous supposons que $\tilde{x}_2 < \tilde{x}_1$.

Proposition 2.1 *Le système (3) admet un équilibre d'extinction de x_2, $E_1 = (\tilde{x}_1, 0)$, et un équilibre d'extinction de x_1, $E_2 = (0, \tilde{x}_2)$.*

L'équilibre strictement positif E^* est déterminé par les solutions des équations

$$f_i(x_1, x_2) = \mu_i(S_{in} - x_1 - x_2, x_i + \alpha x_j) - D = 0, \quad \text{pour} \quad i, j = 1, 2 \quad \text{avec} \quad j \neq i.$$

En utilisant le théorème des fonctions implicites, nous démontrons le résultat suivant :

Lemme 2.2

1) L'équation $f_1(x_1, x_2) = 0$ définit une fonction décroissante

$$\begin{array}{rccc} F_1: & [0, \tilde{x}_1] & \longrightarrow & [0, \bar{x}_2(\alpha)] \\ & x_1 & \longrightarrow & F_1(x_1) = x_2 \end{array}$$

telle que $F_1(0) = \bar{x}_2(\alpha)$ et $F_1(\tilde{x}_1) = 0$.

2) L'équation $f_2(x_1, x_2) = 0$ définit une fonction décroissante

$$\begin{array}{rccc} F_2: & [0, \bar{x}_1(\alpha)] & \longrightarrow & [0, \tilde{x}_2] \\ & x_1 & \longrightarrow & F_2(x_1) = x_2 \end{array}$$

telle que $F_2(0) = \tilde{x}_2$ et $F_2(\bar{x}_1(\alpha)) = 0$.

Nous allons déterminer la condition d'existence de l'équilibre de coexistence pour $\alpha = 0$. Ensuite, nous étudions les bifurcations selon le paramètre α pour voir l'effet des compétitions inter-spécifiques sur la coexistence.

Proposition 2.2 *Pour $\alpha = 0$, le système (3) admet un unique équilibre strictement positif E^* si et seulement si*

$$\bar{x}_i(0) > \tilde{x}_i, \quad \textit{pour} \quad i = 1, 2. \tag{4}$$

Dans la suite, nous étudions l'existence de l'équilibre strictement positif de (3) dans le cas $\alpha \geqslant 0$ en supposant que la condition (4) d'existence et d'unicité de l'équilibre strictement positif de (3) pour $\alpha = 0$ est vérifiée (voir Fig. 3). Nous constatons que lorsque α augmente ces inégalités ne seront plus satisfaites. Nous démontrons le résultat suivant :

Lemme 2.3 *Il existe une unique valeur critique $\alpha = \alpha_1^c < 1$ telle que $\bar{x}_1(\alpha) = \tilde{x}_1$. Il existe une unique valeur critique $\alpha = \alpha_2^c > 1$ telle que $\bar{x}_2(\alpha) = \tilde{x}_2$ si et seulement si $\mu_1(S_{in} - \tilde{x}_2, +\infty) < D$.*

On se place dans le cas général où $\mu_1(S_{in} - \tilde{x}_2, +\infty) < D$. Le résultat suivant démontre l'existence de l'équilibre strictement positif E^* selon la valeur de α entre les deux valeurs critiques.

Proposition 2.3

1) Si $0 \leqslant \alpha < \alpha_1^c$, alors il existe un unique équilibre strictement positif E^*.

2) Si $\alpha_1^c \leqslant \alpha \leqslant \alpha_2^c$, alors il n'existe aucun équilibre strictement positif.

3) Si $\alpha > \alpha_2^c$, alors il existe un unique équilibre strictement positif E^*.

2.2. Comportement asymptotique

Dans ce paragraphe, nous étudions le comportement asymptotique des points d'équilibre du système (3). Nous démontrons le résultat suivant :

Proposition 2.4 *E_0 est toujours un nœud répulsif. De plus :*

1) Si $0 \leqslant \alpha < \alpha_1^c$, alors E^* est Localement Exponentiellement Stable (LES), alors que E_1 et E_2 sont des points selles.

2) Si $\alpha_1^c < \alpha < \alpha_2^c$, alors E_1 est LES et E_2 est un point selles.

3) Si $\alpha > \alpha_2^c$, alors E^* est un point selle, alors que E_1 et E_2 sont LES.

Proposition 2.5 *Dès que l'équilibre strictement positif E^* existe et est LES, il est GAS sur le quadrant positif ouvert.*

La Fig. 1 (a) montre l'existence d'un unique équilibre de coexistence E^* qui est GAS pour $0 \leqslant \alpha < \alpha_1^c$ (voir Fig. 4 pour $\alpha = 0.2$). Ensuite, il y a une bifurcation selle-nœud pour $\alpha = \alpha_1^c$ (b) où l'équilibre E^* disparaît et l'équilibre E_1 change de comportement et devient LES pour $\alpha_1^c < \alpha < \alpha_2^c$ (c). Finalement, il y a une deuxième bifurcation selle-nœud pour $\alpha = \alpha_2^c$ (d) où l'équilibre E_2 devient LES avec apparition d'un équilibre de coexistence E^* qui est instable pour $\alpha > \alpha_2^c$ (e). Dans ce cas, le système (3) présente la bistabilité (voir Fig. 4 pour $\alpha = 8$).

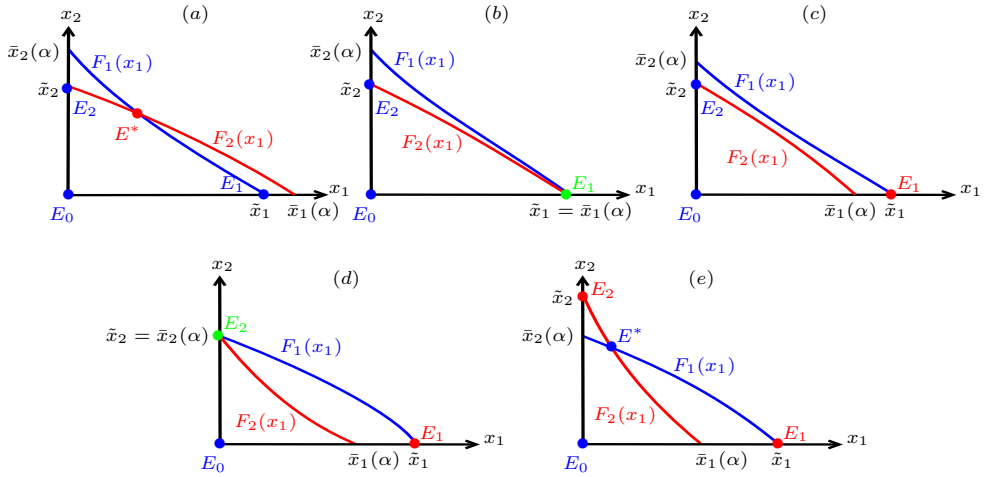


Figure 1. *Isoclines $x_2 = F_1(x_1)$ et $x_2 = F_2(x_1)$. Bifurcation selon le paramètre α.*

2.3. Le cas $\alpha = 0$

Dans la suite, nous démontrons que la condition (4) d'existence de l'équilibre strictement positif, dans le cas particulier où $\alpha = 0$, équivaut aux hypothèses suivantes de Lobry et al. [2]

H4 : $\lim\limits_{x_i \longrightarrow +\infty} \mu_i(S, x_i) = 0.$

D'après les hypothèses **H2**-**H3**, la fonction $x_i \longrightarrow \mu_i(S, x_i)$ est strictement décroissante et pour tout $S \in [\lambda_i, S_{in}]$, on a

$$\mu_i(S, 0) > \mu_i(\lambda_i, 0) = D.$$

D'après l'hypothèse **H4**, pour tout $S \in [\lambda_i, S_{in}]$, il existe une unique solution $X_i(S)$ telle que $\mu_i(S, X_i(S)) = D$.

H5 : $S_{in} - \tilde{\lambda} > X_1(\tilde{\lambda}) + X_2(\tilde{\lambda})$, avec $\tilde{\lambda} = \max(\lambda_1, \lambda_2)$ (voir Fig. 2), c'est-à-dire

$$S_{in} - \lambda_2 > X_1(\lambda_2) \quad \text{et} \quad S_{in} - \lambda_1 > X_2(\lambda_1). \tag{5}$$

D'après l'hypothèse **H2**, les fonctions $\mu_1(\lambda_2, .)$ et $\mu_2(\lambda_1, .)$ sont strictement décroissantes et

$$\mu_1(\lambda_2, X_1(\lambda_2)) = D, \quad \mu_2(\lambda_1, X_2(\lambda_1)) = D.$$

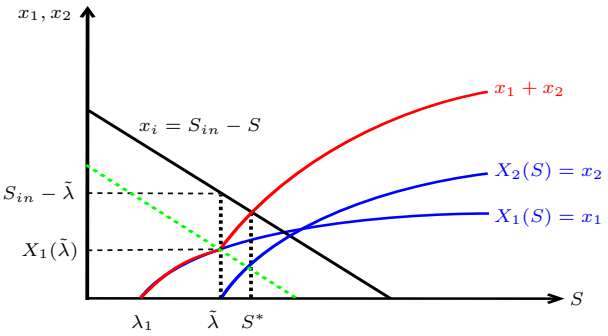


Figure 2. *Caractéristique à l'équilibre : Condition d'existence de l'équilibre strictement positif de (1) pour* $\alpha = 0$.

Par conséquent, l'hypothèse **H5** est équivalente à

$$\mu_1(\lambda_2, S_{in} - \lambda_2) < D \quad \text{et} \quad \mu_2(\lambda_1, S_{in} - \lambda_1) < D. \tag{6}$$

La Fig. 3 (a) montre l'existence d'un unique équilibre strictement positif E^* lorsque la condition (4) est satisfaite. Comme la fonction $x_i \longmapsto \psi_i(x_i) = \mu_i(S_{in} - x_i, x_i) - D$, pour $i = 1, 2$, s'annule en $\tilde{x}_i$ et est strictement décroissante, alors la condition (4) est équivalente à

$$\mu_2(\lambda_1, S_{in} - \lambda_1) - D < \psi_2(\tilde{x}_2) = 0 \quad \text{et} \quad \mu_1(\lambda_2, S_{in} - \lambda_2) - D < \psi_1(\tilde{x}_1) = 0.$$

D'où la condition (4) est équivalente à la condition (6) (voir Fig. 3 (b)).

Ainsi, sous les hypothèses **H1**-**H3**, nous retrouvons le résultat de Lobry et al. [2, 3] où il existe un unique équilibre strictement positif de (1) dans le cas particulier $\alpha = 0$, qui est GAS.

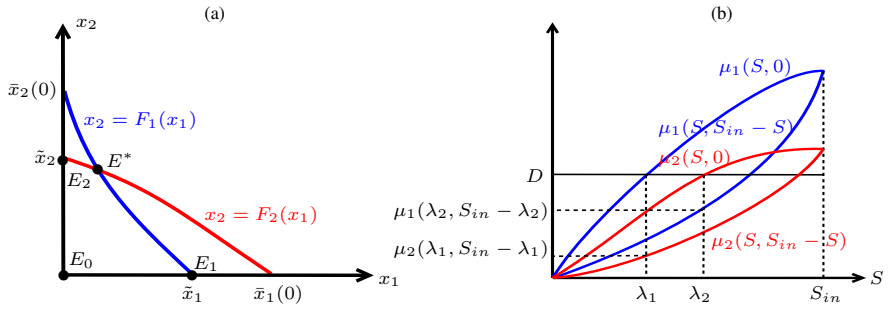


Figure 3. *Condition d'existence et d'unicité de l'équilibre de coexistence : (a)* $\bar{x}_i(0) > \tilde{x}_i$ *ou encore (b)* $\mu_i(\lambda_j, S_{in} - \lambda_j) < D$, *pour* $i, j = 1, 2$ *avec* $j \neq i$.

2.4. Simulations numériques

Dans la suite, nous illustrons les résultats mathématiques de l'étude du modèle (3). Nous considérons les taux de croissance densité-dépendant suivants qui sont obtenus à partir du modèle de floculation [1] avec $n = 2$,

$$\mu_i(S, x_i + \alpha x_j) = f_i(S) p_i(x_i + \alpha x_j) + g_i(S)\left[1 - p_i(x_i + \alpha x_j)\right], \quad i, j = 1, 2, \quad j \neq i,$$

où

$$p_i(x_i + \alpha x_j) = \frac{B_i}{B_i + A_i(x_i + \alpha x_j)}, \quad f_i(S) = \frac{m_{i1} S}{a_{i1} + S} \quad \text{et} \quad g_i(S) = \frac{m_{i2} S}{a_{i2} + S}.$$

Nous choisissons les valeurs suivantes des paramètres

$$m_{11} = 2, \quad a_{11} = 1.5, \quad m_{21} = 1.5, \quad a_{21} = 1.5, \quad m_{12} = 2.2, \quad a_{12} = 2, \quad m_{22} = 2,$$
$$a_{22} = 3, \quad S_{in} = 5, \quad D = 1, \quad A_1 = 2, \quad B_1 = 3, \quad A_2 = 3 \quad \text{et} \quad B_2 = 4,$$

qui vérifient les hypothèses **H1**-**H3** et la condition (4). Les deux valeurs critiques sont données par $\alpha_1^c \simeq 0.507$ et $\alpha_2^c \simeq 1.866$.

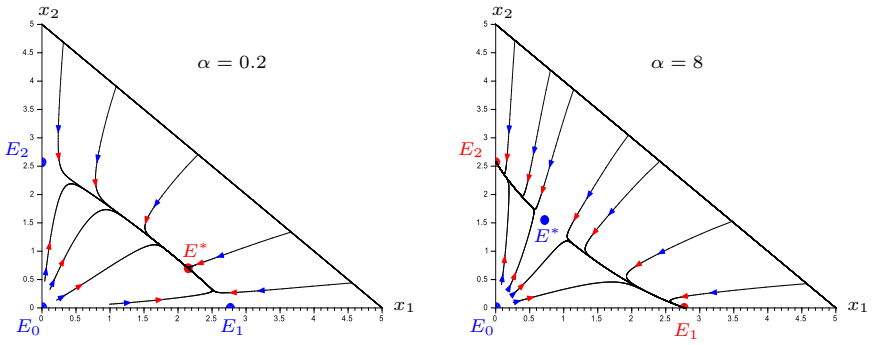


Figure 4. *Convergence globale vers l'équilibre E^* pour $\alpha = 0.2$. Bistabilité pour $\alpha = 8$.*

3. Conclusion

Dans ce travail, nous avons examiné l'effet de la compétition inter-spécifique sur la coexistence des espèces microbiennes dans un chémostat. Dans ce contexte, nous avons analysé un modèle densité-dépendant intra et inter-spécifique de deux espèces avec les mêmes taux de dilution. Puisque le système est conservatif, le modèle d'ordre trois (1) peut être réduit au modèle de second ordre (3). En fait, grâce au résultat de Thieme [6], le comportement asymptotique de la solution de ce système réduit est le même que celui du système complet.

Puisque la technique de la caractéristique à l'équilibre ne s'applique pas dans le cas où le taux de croissance dépend de la densité de l'autre espèce, nous avons utilisé la méthode des isoclines pour l'étude du modèle réduit (3). L'étude de bifurcation selon le paramètre de compétition inter-spécifique α, montre la persistance stable de l'équilibre de coexistence qui est GAS, pour α assez petit. Pour α assez grand, le système présente la bistabilité avec deux bassins d'attraction où l'équilibre de coexistence est un point selle.

Dans le cas particulier où $\alpha = 0$, nous démontrons que la condition (4) d'existence de l'équilibre strictement positif est équivalente aux hypothèses **H4**-**H5** de Lobry et al. [2]. Ainsi, sous les hypothèses **H1**-**H3**, nous retrouvons le résultat de Lobry et al. où il existe un unique équilibre strictement positif qui est GAS sur le quadrant positif ouvert. Les simulations illustrent les résultats mathématiques démontrés.

Notre étude révèle une caractéristique importante du modèle densité-dépendant intra et inter-spécifique : Pour un terme de compétition inter-spécifique assez faible, il y a persistance stable des deux espèces qui peuvent coexister pour toute condition initiale strictement positive. Cependant, si ce terme est assez grand, le système présente la bistabilité, avec lessivage d'une des deux espèces selon la condition initiale.

Remerciements : Les auteurs remercient le soutien financier du réseau de recherche

TREASURE Euromed (https ://project.inria.fr/treasure/). Ce travail a été effectué au cours de la thèse du premier auteur à l'INRA/INRIA équipe MODEMIC, avec le soutien financier du programme Averroès, du projet PHC UTIQUE No. 13G1120 et du projet COADVISE.

4. Bibliographie

[1] R. Fekih-Salem, J. Harmand, C. Lobry, A. Rapaport and T. Sari, « Extensions of the chemostat model with flocculation », *Journal of Mathematical Analysis and Applications*, **397-1**, (2013), 292–306.

[2] C. Lobry and J. Harmand, « A new hypothesis to explain the coexistence of n species in the presence of a single resource », *C. R. Biologies*, **329**, (2006), 40–46.

[3] C. Lobry, F. Mazenc and A. Rapaport, « Persistence in ecological models of competition for a single ressource », *C. R. Acad. Sci. Paris, Ser. I*, **340**, (2005), 199–204.

[4] C. Lobry, A. Rapaport and F. Mazenc, « Sur un modèle densité-dépendant de compétition pour une ressource », *Comptes Rendus Biologies*, **329**, (2006), 63–70.

[5] H.L. Smith and P. Waltman, « The Theory of the Chemostat, Dynamics of Microbial Competition », Cambridge University Press : 1995.

[6] H. R. Thieme, « Convergence results and a Poincaré-Bendixson trichotomy for asymptotically autonomous differential equations », *J. Math. Biol.*, **30**, (1992), 755–763.

A. Preuves

Preuve du Lemme 2.1.

1) Soit la fonction $\psi_i(x_i) = \mu_i(S_{in} - x_i, x_i) - D$, pour $i = 1, 2$. D'après les hypothèses **H1** et **H3**, nous déduisons que

$$\psi_i(S_{in}) = -D < 0 \quad \text{et} \quad \psi_i(0) = \mu_i(S_{in}, 0) - D > 0.$$

De l'hypothèse **H2**, nous avons

$$\psi_i'(x_i) = -\frac{\partial \mu_i}{\partial S}(S_{in} - x_i, x_i) + \frac{\partial \mu_i}{\partial x_i}(S_{in} - x_i, x_i) < 0,$$

donc il existe une unique solution $\tilde{x}_i \in]0, S_{in}[$ telle que $\psi_i(\tilde{x}_i) = 0$.

2) Soit la fonction $h_{i\alpha}(x_i) = \mu_j(S_{in} - x_i, \alpha x_i) - D$, pour $i, j = 1, 2$ avec $j \neq i$. D'après les hypothèses **H1** et **H3**, nous avons

$$h_{i\alpha}(0) = \mu_j(S_{in}, 0) - D > 0 \quad \text{et} \quad h_{i\alpha}(S_{in}) = -D < 0.$$

De plus,

$$h_{i\alpha}'(x_i) = -\frac{\partial \mu_j}{\partial S} + \alpha \frac{\partial \mu_j}{\partial x_j} < 0,$$

donc il existe une unique solution $\bar{x}_i(\alpha) \in]0, S_{in}[$ telle que $h_{i\alpha}(\bar{x}_i(\alpha)) = 0$.

■

Preuve de la Prop. 2.1. Si $x_2 = 0$ et $x_1 \neq 0$, alors de la première équation de (3), nous déduisons que $\psi_1(x_1) = 0$. D'après le Lemme 2.1, cette équation $\psi_1(x_1) = 0$ admet une unique solution $\tilde{x}_1$. Par suite, il existe un unique équilibre $E_1 = (\tilde{x}_1, 0)$. De même pour l'existence et l'unicité de l'équilibre $E_2 = (0, \tilde{x}_2)$. ■

Preuve du Lemme 2.2.

1) Comme f_1 est de classe C^1 sur $\mathbb{R}^2_+$, dont les dérivées partielles sont

$$\frac{\partial f_1}{\partial x_1} = -\frac{\partial \mu_1}{\partial S} + \frac{\partial \mu_1}{\partial x_1} < 0, \quad \frac{\partial f_1}{\partial x_2} = -\frac{\partial \mu_1}{\partial S} + \alpha \frac{\partial \mu_1}{\partial x_1} < 0,$$

alors, d'après le théorème des fonctions implicites, l'équation $f_1(x_1, x_2) = 0$ définit une fonction $x_2 = F_1(x_1)$ de classe C^1 sur $[0, \tilde{x}_1]$ telle que

$$F_1'(x_1) = \frac{-\frac{\partial \mu_1}{\partial S} + \frac{\partial \mu_1}{\partial x_1}}{\frac{\partial \mu_1}{\partial S} - \alpha \frac{\partial \mu_1}{\partial x_1}} < 0.$$

Si $0 \leqslant \alpha < 1$ alors $F_1'(x_1) < -1$ et si $\alpha > 1$ alors $-1 < F_1'(x_1) < 0$. De plus, si $x_1 = 0$, alors d'après le Lemme 2.1

$$F_1(0) = x_2 \iff \mu_1(S_{in} - x_2, \alpha x_2) = D \iff h_{2\alpha}(x_2) = 0 \iff x_2 = \bar{x}_2(\alpha).$$

Si $x_2 = 0$, alors d'après le Lemme 2.1

$$F_1(x_1) = 0 \iff \mu_1(S_{in} - x_1, x_1) = D \iff \psi_1(x_1) = 0 \iff x_1 = \tilde{x}_1.$$

2) D'après le théorème des fonctions implicites, l'équation $f_2(x_1, x_2) = 0$ définit une fonction $x_2 = F_2(x_1)$ de classe C^1 sur $[0, \bar{x}_1(\alpha)]$ telle que

$$F_2'(x_1) = \frac{\frac{\partial \mu_2}{\partial S} - \alpha \frac{\partial \mu_2}{\partial x_2}}{-\frac{\partial \mu_2}{\partial S} + \frac{\partial \mu_2}{\partial x_2}} < 0.$$

Si $\alpha > 1$ alors $F_2'(x_1) < -1$ et si $0 \leqslant \alpha < 1$ alors $-1 < F_2'(x_1) < 0$. De plus, si $x_2 = 0$, alors d'après le Lemme 2.1

$$F_2(x_1) = 0 \iff \mu_2(S_{in} - x_1, \alpha x_1) = D \iff h_{1\alpha}(x_1) = 0 \iff x_1 = \bar{x}_1(\alpha).$$

Si $x_1 = 0$, alors d'après le Lemme 2.1

$$F_2(0) = x_2 \iff \mu_2(S_{in} - x_2, x_2) = D \iff \psi_2(x_2) = 0 \iff x_2 = \tilde{x}_2.$$

■

Preuve de la Prop. 2.2. Soit $\alpha = 0$. L'équilibre strictement positif est donné par la solution des équations

$$f_i(x_1, x_2) = 0, \quad \text{pour} \quad i = 1, 2$$

D'après le Lemme 2.2, ces deux équations définissent deux fonctions $x_2 = F_i(x_1)$, pour $i = 1, 2$. Ainsi, l'équilibre strictement positif est donné par l'intersection de deux isoclines correspondant à ces deux fonctions (voir Fig. 3). D'après le Lemme 2.2, $F_1'(x_1) < -1$ et $F_2'(x_1) > -1$, pour $\alpha = 0$. Par suite, il existe un unique équilibre strictement positif si et seulement si $\bar{x}_i(0) > \tilde{x}_i$, pour $i = 1, 2$. ■

Preuve du Lem. 2.3. Notons

$$h_i(\alpha) = \mu_j(S_{in} - \tilde{x}_i, \alpha \tilde{x}_i) - D, \quad \text{pour} \quad i, j = 1, 2, \quad \text{avec} \quad j \neq i.$$

Nous rappelons que $\bar{x}_1(0) = S_{in} - \lambda_2$. D'après la condition (4), nous déduisons que $S_{in} - \tilde{x}_1 > \lambda_2$. D'où

$$h_1(0) = \mu_2(S_{in} - \tilde{x}_1, 0) - D > \mu_2(\lambda_2, 0) - D = 0.$$

Comme $\tilde{x}_2 < \tilde{x}_1$, alors

$$h_1(1) = \mu_2(S_{in} - \tilde{x}_1, \tilde{x}_1) - D < \mu_2(S_{in} - \tilde{x}_2, \tilde{x}_2) - D = 0,$$

car la fonction $x_i \longmapsto \mu_i(S_{in} - x_i, x_i)$ est strictement décroissante. De plus, nous avons

$$h_i'(\alpha) = \frac{\partial \mu_j}{\partial x_j}\tilde{x}_i < 0 \quad \text{pour} \quad i, j = 1, 2 \quad \text{avec} \quad j \neq i.$$

Par suite, il existe une unique solution $\alpha_1^c \in]0, 1[$ telle que $h_1(\alpha_1^c) = 0$ (voir Fig. 5). En outre,

$$h_2(1) = \mu_1(S_{in} - \tilde{x}_2, \tilde{x}_2) - D > \mu_1(S_{in} - \tilde{x}_1, \tilde{x}_1) - D = 0.$$

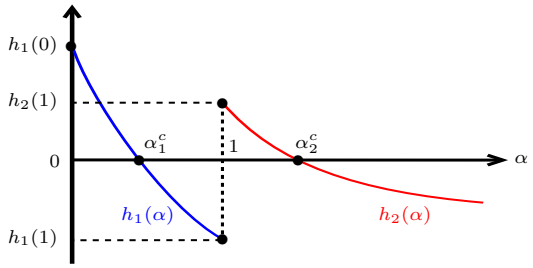


Figure 5. *Existence de deux valeurs critiques dans le cas* $\mu_1(S_{in} - \tilde{x}_2, +\infty) < D$.

Comme la fonction $h_2(\cdot)$ est strictement décroissante, alors il existe une unique solution $\alpha_2^c \in]1, +\infty[$ telle que $h_2(\alpha_2^c) = 0$ si et seulement si

$$\lim_{\alpha \longrightarrow +\infty} h_2(\alpha) < 0 \quad \text{c'est-à-dire} \quad \mu_1(S_{in} - \tilde{x}_2, +\infty) < D.$$

■

Preuve de la Prop. 2.3. L'équilibre strictement positif est donné par la solution des équations

$$f_i(x_1, x_2) = 0, \quad \text{pour} \quad i = 1, 2.$$

D'après le Lemme 2.2, ces deux équations définissent deux fonctions $x_2 = F_i(x_1)$.

– Si $0 \leqslant \alpha < \alpha_1^c$, alors d'après le Lemme 2.2, $F_1'(x_1) < -1$ et $F_2'(x_1) > -1$. De plus, $\bar{x}_i(\alpha) > \tilde{x}_i$, pour $i = 1, 2$. Par suite, les courbes $x_2 = F_i(x_1)$ s'intersectent une seule fois (voir Fig. 1(a))

– Si $\alpha_1^c < \alpha < 1$, alors d'après le Lemme 2.2, $F_1'(x_1) < -1$ et $F_2'(x_1) > -1$. De plus, $\bar{x}_1(\alpha) < \tilde{x}_1$ et $\bar{x}_2(\alpha) > \tilde{x}_2$. Par suite, les courbes $x_2 = F_i(x_1)$ ne s'intersectent pas (voir Fig. 1 (c)).

– Si $\alpha = 1$, alors $F_i'(x_1) = -1$, pour $i = 1, 2$. Comme $\tilde{x}_1 \neq \tilde{x}_2$ alors les courbes $x_2 = F_i(x_1)$ ne s'intersectent pas.

– Si $1 < \alpha < \alpha_2^c$, alors d'après le Lemme 2.2, $F_1'(x_1) > -1$ et $F_2'(x_1) < -1$. De plus, $\bar{x}_1(\alpha) < \tilde{x}_1$ et $\bar{x}_2(\alpha) > \tilde{x}_2$. Par suite, les courbes $x_2 = F_i(x_1)$ ne s'intersectent pas.

– Si $\alpha > \alpha_2^c$, alors d'après le Lemme 2.2, $F_1'(x_1) > -1$ et $F_2'(x_1) < -1$. De plus, $\bar{x}_i(\alpha) < \tilde{x}_i$, pour $i = 1, 2$. Par suite, les courbes $x_2 = F_i(x_1)$ s'intersectent une seule fois (voir Fig. 1 (e)).

■

Preuve de la Prop. 2.4. La matrice jacobienne en (x_1, x_2) du système (3) est :

$$\mathbf{J} = \begin{bmatrix} m_{11} & m_{12} \\ m_{21} & m_{22} \end{bmatrix}$$

où

$m_{11} = \left(-\frac{\partial \mu_1}{\partial S} + \frac{\partial \mu_1}{\partial x_1}\right) x_1 + \mu_1(S_{in} - x_1 - x_2, x_1 + \alpha x_2) - D,\ \ m_{12} = \left(-\frac{\partial \mu_1}{\partial S} + \alpha \frac{\partial \mu_1}{\partial x_1}\right) x_1,$

$m_{21} = \left(-\frac{\partial \mu_2}{\partial S} + \alpha \frac{\partial \mu_2}{\partial x_2}\right) x_2,\ \ m_{22} = \left(-\frac{\partial \mu_2}{\partial S} + \frac{\partial \mu_2}{\partial x_2}\right) x_2 + \mu_2(S_{in} - x_1 - x_2, x_2 + \alpha x_1) - D.$

La matrice jacobienne en $E_0 = (0, 0)$ est

$$\mathbf{J_0} = \begin{bmatrix} \mu_1(S_{in}, 0) - D & 0 \\ 0 & \mu_2(S_{in}, 0) - D \end{bmatrix}.$$

D'après l'hypothèse **H3**, nous avons $\mu_i(S_{in}, 0) > D$, pour $i = 1, 2$, alors E_0 est toujours un nœud répulsif. La matrice jacobienne en $E_1 = (\tilde{x}_1, 0)$ est

$$\mathbf{J_1} = \begin{bmatrix} \left(-\frac{\partial \mu_1}{\partial S} + \frac{\partial \mu_1}{\partial x_1}\right) \tilde{x}_1 & \left(-\frac{\partial \mu_1}{\partial S} + \alpha \frac{\partial \mu_1}{\partial x_1}\right) \tilde{x}_1 \\ 0 & \mu_2(S_{in} - \tilde{x}_1, \alpha \tilde{x}_1) - D \end{bmatrix}.$$

Donc l'équilibre E_1 est LES si et seulement si $\mu_2(S_{in} - \tilde{x}_1, \alpha \tilde{x}_1) < D$, c'est-à-dire $\alpha > \alpha_1^c$. La matrice jacobienne en $E_2 = (0, \tilde{x}_2)$ est

$$\mathbf{J_2} = \begin{bmatrix} \mu_1(S_{in} - \tilde{x}_2, \alpha \tilde{x}_2) - D & 0 \\ \left(-\frac{\partial \mu_2}{\partial S} + \alpha \frac{\partial \mu_2}{\partial x_2}\right) \tilde{x}_2 & \left(-\frac{\partial \mu_2}{\partial S} + \frac{\partial \mu_2}{\partial x_2}\right) \tilde{x}_2 \end{bmatrix}.$$

Donc l'équilibre E_2 est LES si et seulement si $\mu_1(S_{in} - \tilde{x}_2, \alpha \tilde{x}_2) < D$, c'est-à-dire $\alpha > \alpha_2^c$. La matrice jacobienne en $E^* = (x_1^*, x_2^*)$ est

$$\mathbf{J_{E^*}} = \begin{bmatrix} \left(-\frac{\partial \mu_1}{\partial S} + \frac{\partial \mu_1}{\partial x_1}\right) x_1^* & \left(-\frac{\partial \mu_1}{\partial S} + \alpha \frac{\partial \mu_1}{\partial x_1}\right) x_1^* \\ \left(-\frac{\partial \mu_2}{\partial S} + \alpha \frac{\partial \mu_2}{\partial x_2}\right) x_2^* & \left(-\frac{\partial \mu_2}{\partial S} + \frac{\partial \mu_2}{\partial x_2}\right) x_2^* \end{bmatrix}.$$

Nous avons

$$\det J_{E^*} = \left[(\alpha - 1)\left(\frac{\partial \mu_1}{\partial S}\frac{\partial \mu_2}{\partial x_2} + \frac{\partial \mu_1}{\partial x_1}\frac{\partial \mu_2}{\partial S}\right) + (1 - \alpha^2)\frac{\partial \mu_1}{\partial x_1}\frac{\partial \mu_2}{\partial x_2}\right] x_1^* x_2^*,$$

$$\text{tr } J_{E^*} = -\frac{\partial \mu_1}{\partial S} x_1^* + \frac{\partial \mu_1}{\partial x_1} x_1^* - \frac{\partial \mu_2}{\partial S} x_2^* + \frac{\partial \mu_2}{\partial x_2} x_2^* < 0.$$

Si $0 < \alpha < 1$, alors $\det J_{E^*} > 0$ et par suite, les deux valeurs propres de $\mathbf{J_{E^*}}$ sont à partie réelle strictement négative. Ainsi, E^* est LES. Si $\alpha > 1$, alors $\det J_{E^*} < 0$ et E^* est un point selle. ■

Preuve de la Prop. 2.5. On a $z = x_1 + x_2 \leqslant \max(S_{in}, z(0))$ pour tout $(x_1, x_2) \in \mathbb{R}^2_+$, d'où pour toute condition initiale positive, les solutions du système (3) sont positivement bornées et par suite les ensembles limites sont compacts non vides. D'après le théorème de Poincaré-Bendixson [5], ces ensembles limites sont soit des points d'équilibre soit des orbites périodiques soit des polycycles. En faisant le changement de variable $\xi_1 = \ln(x_1)$ et $\xi_2 = \ln(x_2)$, dont les dérivées par rapport au temps sont $\dot{\xi}_1 = \dot{x}_1/x_1$ et $\dot{\xi}_2 = \dot{x}_2/x_2$, le système (3) devient

$$\left\{ \begin{array}{rcl} \dot{\xi}_1 & = & \mu_1\left(S_{in} - e^{\xi_1} - e^{\xi_2}, e^{\xi_1} + \alpha e^{\xi_2}\right) - D \\ \dot{\xi}_2 & = & \mu_2\left(S_{in} - e^{\xi_1} - e^{\xi_2}, e^{\xi_2} + \alpha e^{\xi_1}\right) - D. \end{array} \right.$$

Soit

$$G(\xi_1, \xi_2) = \left[\begin{array}{c} g_1\left(e^{\xi_1}, e^{\xi_2}\right) \\ g_2\left(e^{\xi_1}, e^{\xi_2}\right) \end{array} \right].$$

Notons que la divergence de G est

$$\textbf{div}\, G = \left(-\frac{\partial \mu_1}{\partial S} + \frac{\partial \mu_1}{\partial x_1}\right) e^{\xi_1} + \left(-\frac{\partial \mu_2}{\partial S} + \frac{\partial \mu_2}{\partial x_2}\right) e^{\xi_2} < 0,$$

alors d'après le critère du Dulac, on ne peut pas avoir dans l'ensemble limite une orbite périodique ou un polycycle. Finalement, en utilisant le théorème de Butler-McGehee [5], nous déduisons que toutes les solutions convergent globalement vers l'équilibre strictement positif E^* pour toute condition initiale strictement positive. ■

Mathematical analysis of The effect of a pulse vaccination to an HBV mutation model

Plaire Tchinda Mouofo[a,e,*] — J.J. Tewa[b,e] — B. Mewoli [c,e] — S. Bowong[d,e]

[a] Department of Mathematics, University of Yaounde I,
PO Box 812 Yaounde, Cameroon
tchindaplaire@yahoo.fr

[b] National Advanced School of Engineering
University of Yaounde I, Department of Mathematics and Physics
P.O. Box 8390 Yaounde, Cameroon

[c] Department of Mathematics, University of Yaounde I,
PO Box 812 Yaounde, Cameroon
bomewoli@yahoo.fr

[d] Department of Mathematics and Computer Science, Faculty of Science,
University of Douala, P.O. Box 24157 Douala, Cameroon,
sbowong@gmail.com

[e] UMI 209 IRD/UPMC UMMISCO, University of Yaounde I, Faculty of Science,
LIRIMA Project team GRIMCAPE, University of Yaounde I, Faculty of Science
P.O. Box 812, Yaounde, Cameroon

[*] Corresponding author
Tel.+(237) 99 36 36 20; tchindaplaire@yahoo.fr

ABSTRACT. It has been proven that vaccine can play an important role for eradication of hepatitis B infection. When the mutant strain of virus appears, it change all treatments strategies. The current problem is to find the critical vaccine threshold which can stimulate the immune system for eradicate the virus, or to find conditions at which mutant strain of the virus can persist in the presence of a CTL vaccine. In this paper, the dynamical behavior of a new hepatitis B virus model with two strains of virus and CTL immune responses is studied. We compute the basic reproductive ratio of the model and show that the dynamic depend of this threshold. After that, we extend the model to incorporate pulse vaccination and find conditions for eradication of the disease. Our result indicate that if the vaccine is sufficiently strong, both strains are driven to extinction, assuming perfect adherence.

RÉSUMÉ. Il a été démontré que le vaccin peut jouer un rôle très important dans le processus d'éradication de l'hépatite B. Lorsque la souche mutante apparait, elle modifie les stratégies de luttes. Le problème courant est celui de déterminer le seuil vaccinal capable de stimuler le système immunitaire pour éliminer le virus, ou de trouver les conditions pour lesquelles la souche mutante persistera en présence du vaccin. Dans ce travail, nous considérons un nouveau modèle d'hépatite B dans lequel nous prenons en compte une souche de virus sauvage et une souche mutante et leur interaction avec les cellules du système immunitaire. Nous calculons le taux de reproduction de base et montrons que la dynamique dépend de ce seuil. Une extension de ce modèle est faite afin d'inclure un schéma impulsionnel de vaccination et de déterminer les conditions pour éliminer la maladie. Nos résultats montrent que si le vaccin est suffisamment fort, les deux souches pourront être éliminées.

KEYWORDS : Mutant strains, pulse vaccination, Hepatitis B, mutant strain.

MOTS-CLÉS : Souche mutante, vaccination par impulsion, hépatite B, souche mutante.

1. Introduction

Since its widespread introduction in 1983, the hepatitis B vaccine has become an essential part of infant immunization programmes globally, and is the key component of the global hepatitis B control programme for the World Health Organization (WHO)[1]. Infection with hepatitis B virus (HBV) can cause acute liver disease, as well as chronic infection that may lead to liver failure or hepatocellular carcinoma. The vaccine has been particularly important for countries where the incidence of HBV-related hepatocellular carcinoma is high. In effect, the hepatitis B vaccine was the world's first anticancer vaccine.

Hepatitis B virus variants with precore mutations resulting in the absence of HBeAg production have been associated with the occurrence of fulminant hepatitis in many countries, where the prevalence of this HBV strain appears common. In Africa, where HBV infection is endemic, the role of this mutant virus in fulminant hepatitis is unknown.

Within-host models are used for different purposes : explanation of observations, to predict impact of interventions (antimalarial drugs), estimate hidden states or parameters. Experimental results show that one of the main reasons for CTL response failure is viral escape from CTLs [2]. Moreover, if escape mutation to the vaccine occurs, then either the wild type or the mutant can outcompete the other strain [5]. In this paper, we investigate the effect of viral mutation on the ability of CTLs to control the viral infection when a post-infection vaccine is administered at regular intervals. The novelty in our model is that it not only takes into account two strains of virus, but also assume that a regulatory negative feedback force, operates to suppress immune population growth at a net rate proportional to the square of its density. This implies regulation of the response at hight antigen concentration.

This work is organized as follows. In the next Section, we propose our model. We analyze the model in Section 3. We extend this model in Section 4 to incorporate pulse vaccination and to find conditions for eradication of the viruses. We give some numerical simulations in Sect. 5 to explain our mathematical results. We end this paper with a brief discussion and conclusion.

2. The model formulation

The model we study in this paper is given as follows:

$$\begin{cases} \dot{x} &= \lambda - d_x x - \beta_1 v_1 x - \beta_2 v_2 x, \\ \dot{v}_1 &= k_1 y_1 - d_v v_1, \\ \dot{v}_2 &= k_2 y_2 - d_v v_2, \\ \dot{y}_1 &= (1-\varepsilon)\beta_1 v_1 x - \rho_1 y_1 I - d_y y_1, \\ \dot{y}_2 &= \varepsilon\beta_1 v_1 x + \beta_2 v_2 x - \rho_2 y_2 I - d_y y_2, \\ \dot{I} &= \alpha(y_1+y_2)I + pI - qI^2, \end{cases} \tag{1}$$

where x is the number of uninfected liver cells, v_1 is the number of wild-type virus, v_2 is the number of mutant virus, y_1 is the number of liver cells infected with wild-type, y_2 is the number of liver cells infected with mutant strains, and I is the number of CTL cells. All the parameters λ, d_x, β_1, β_2, k_1, d_v, ε, k_2, d_y, α, p, and q are positive. Uninfected liver cells are produced with constant rate λ and die with rate d_x. They are infected with wild-type and mutant strains respectively at rate β_1 and β_2. The chance of the novo mutation is ε. Free virus particles and infected liver cells die at rate d_v and d_y. Infected

liver cells are also cleared by the body's defensive CTLs; this happens at rate ρ_1 and ρ_2. CTLs reproduced in the presence of infected liver cells at rate α. The parameter p denotes the proliferation rate of immune cells and q the density-dependent rate of immune cells suppression. New virus particles are produced at rate k_1 and k_2.

3. Mathematical analysis of the model

Herein, we present some basic results, such as the positive invariance of model system (1), the boundedness of solutions, the existence of equilibria and and its stability analysis.

3.1. Positivity and boundedness of solutions

The following result guarantees that model system (1) is biologically well behaved and its dynamics is concentrated on a bounded region of $\mathbb{R}^6_+$. More precisely, the following result holds.

Theorem 3.1. *Let* $R^6_+ = \{(x, v_1, v_2, y_1, y_2, I) \in \mathbb{R}^6 : x \geq 0,\ v_1 \geq 0, v_2 \geq 0, y_1 \geq 0, y_2 \geq 0, I \geq 0\}$. *Then,* $\mathbb{R}^6_+$ *is positively invariant under the flow induced by model system (1). Moreover, the region*

$$\begin{aligned}\Delta \quad = \quad & \Big\{(x, v_1, v_2, y_1, y_2, I) \in \mathbb{R}^6 : x + y_1 + y_2 \leq \frac{\lambda}{\mu},\ v_1 + v_2 \leq \frac{(k_1 + k_2)\lambda}{\mu d_v}, \\ & \frac{p}{q} \leq I \leq \frac{p\mu + \alpha\lambda}{\mu q}\Big\}.\end{aligned}$$

is positively invariant and absorbing with respect to model system (1), where $\mu = \min\{d_x, d_y\}$.

Proof. Let $\mu = \min\{d_x, d_y\}$. No solution of model system (1) with initial conditions $(x(0), v_1(0), v_2(0), y_1(0), y_2(0), I(0)) \in \mathbb{R}^6_+$ is negative. In fact, for $(x(t), v_1(t), v_2(t), y_1(t), y_2(t), I(t)) \in \mathbb{R}^6_+$, we have $\dot{x} \mid_{x=0} = \lambda > 0$, $\dot{v}_1 \mid_{v_1=0} = k_1 y_1 \geq 0$, $\dot{v}_2 \mid_{v_2=0} = k_2 y_2 \geq 0$, $\dot{y}_1 \mid_{y_1=0} = (1-\varepsilon)\beta_1 v_1 x \geq 0$, $\dot{y}_2 \mid_{y_2=0} = \varepsilon\beta_1 v_1 x + \beta_2 v_2 x \geq 0$, $\dot{I} \mid_{I=0} = 0 \geq 0$, this immediately implies that all solutions of model system (1) with initial condition $(x(0), v_1(0), v_2(0), y_1(0), y_2(0), I(0)) \in \mathbb{R}^6_+$ stay in the first quadrant.

For the invariance property of Δ, it suffices to show that the vector field, on the boundary, does not point to the exterior. Adding the first and second equations of model system(1) yields on the boundary of Δ:

$$\begin{aligned}\left.\frac{d(x + y_1 + y_2)}{dt}\right|_{x+y_1+y_2=\frac{\lambda}{\mu}} \quad &= \quad \lambda - d_x x - d_y y_1 - d_y y_2 - (\rho_1 y_1 + \rho_2 y_2) I \mid_{x+y_1+y_2=\frac{\lambda}{\mu}} \\ &\leq \quad (\lambda - \mu(x + y_1 + y_2))|_{x+y_1+y_2=\frac{\lambda}{\mu}} = 0\end{aligned}$$

Similarly, we get

$$\left.\frac{d(v_1 + v_2)}{dt}\right|_{v_1+v_2=\frac{(k_1+k_2)\lambda}{\mu d_v}} \quad \leq \quad \frac{(k_1+k_2)\lambda}{\mu} - d_v(v_1 + v_2)\Big|_{v_1+v_2=\frac{(k_1+k_2)\lambda}{\mu d_v}} = 0,$$

$$\left.\frac{dI}{dt}\right|_{I=\frac{p}{q}} \quad \geq \quad (p - qI)\, I|_{I=\frac{p}{q}} = 0 \quad i.e\ I(t) \geq \frac{p}{q},\ \forall t \geq 0,$$

and

$$\left.\frac{dI}{dt}\right|_{I=\frac{p\mu+\alpha\lambda}{\mu q}} \leq \left.\left(\frac{\alpha\lambda}{\mu}+p-qI\right)I\right|_{I=\frac{p\mu+\alpha\lambda}{\mu q}} = 0$$

Therefore, solutions starting in Δ will remain there for $t \geq 0$.

Now, we prove the attractiveness of the trajectories of model system (1). To do so, from model system (1), one has $\frac{d(x+y_1+y_2)}{dt} \leq \lambda - \mu(x+y_1+y_2)$. Therefore, $\limsup_{t\to\infty}(x+y_1+y_2)(t) \leq \frac{\lambda}{\mu}$. Similarly, since $\frac{d(v_1+v_2)}{dt} \leq \frac{(k_1+k_2)\lambda}{\mu} - d_v(v_1+v_2)$, one has $\limsup_{t\to\infty}(v_1(t)+v_2(t)) \leq \frac{(k_1+k_2)\lambda}{\mu d_v}$. Concerning the variable I, we have $\frac{dI}{dt} \leq \left(\frac{\alpha\lambda}{\mu}+p\right)I - qI^2$ which implies that $I(t) \leq \frac{1}{\frac{\mu q}{p\mu+\alpha\lambda}+\left(\frac{1}{I(0)}-\frac{\mu q}{p\mu+\alpha\lambda}\right)e^{-\left(p+\frac{\alpha\lambda}{\mu}\right)t}}$. So, I is bounded and hence, Δ is attracting, that is, all solutions of model system (1) eventually enters Δ. This concludes the proof. □

3.2. Basic reproduction number and equilibria

The basic reproduction number is defined as the average number of secondary infections produced by one infected cell during the period of infection when all cells are uninfected. This threshold is obtained at the virus free equilibrium. The virus free equilibrium is obtained by setting $v_1 = 0$ in all equations of model system (1) at the equilibrium. We obtain that the virus free equilibrium is $P_1(x^*, 0, 0, 0, 0, 0, I^*)$, where $x^* = \frac{\lambda}{d_x}$ and $I^* = \frac{p}{q}$. We use the method of van den Driessche[3] to compute the basic reproduction number. Using the notations of van den Driessche and Watmough[3], for model system (1), we have

$$F = \begin{pmatrix} 0 & 0 & k_1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & k_2 \\ (1-\varepsilon)\beta_1 x^* & 0 & 0 & 0 \\ \varepsilon\beta_1 x^* & \beta_2 x^* & 0 & 0 \end{pmatrix} \quad \text{and}$$

$$V = \begin{pmatrix} d_v & 0 & 0 & 0 \\ 0 & d_v & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \rho_1 I^* + d_y & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \rho_2 I^* + d_y \end{pmatrix}.$$

Thus, the basic reproduction number is given by:

$$\mathcal{R}_0 = \max\left\{\mathcal{R}_{01}\,;\,\mathcal{R}_{02}\right\}. \tag{2}$$

where $\mathcal{R}_{01} = \frac{k_1(1-\varepsilon)\beta_1 x^*}{d_v(d_y+\rho_1 I^*)}$ and $\mathcal{R}_{02} = \frac{k_2\beta_2 x^*}{d_v(d_y+\rho_2 I^*)}$. From theorem 2 of Van Den Driessche[3], we have the following result.

Lemma 3.1. *The virus-free equilibrium P_1 of the model system (1) is locally asymptotically stable (LAS) if $\mathcal{R}_0 < 1$, and unstable if $\mathcal{R}_0 > 1$.*

We now study the existence of equilibria of model system (1). Setting the right-hand sides of model system (1) equals to zero gives

$$\lambda - d_x x - \beta_1 v_1 x - \beta_2 v_2 x = 0, \tag{3}$$

$$k_1 y_1 - d_v v_1 = 0, \tag{4}$$

$$k_2 y_2 - d_v v_2 = 0, \tag{5}$$

$$(1-\varepsilon)\beta_1 v_1 x - \rho_1 y_1 I - d_y y_1 = 0. \tag{6}$$

$$\varepsilon\beta_1 v_1 x + \beta_2 v_2 x - \rho_2 y_2 I - d_y y_2 = 0, \tag{7}$$

$$\alpha(y_1+y_2)I + pI - qI^2 = 0. \tag{8}$$

Model system (1) has always equilibrium $P_1 = (x^*, 0, 0, 0, 0, I^*)$ which is the virus free equilibrium and represents the state when the viruses are absent. If $\mathcal{R}_{02} > 1$, then the model has one mutant-only equilibrium $\tilde{P}_2(\tilde{x}, 0, \tilde{v}_2, 0, \tilde{y}_2, \tilde{I})$, where $\tilde{x} = \frac{\lambda d_v}{d_x d_v + \beta_2 k_2 \tilde{y}_2}$, $\tilde{v}_2 = \frac{k_2}{d_v}\tilde{y}_2$, $\tilde{I} = \frac{p}{q} + \frac{\alpha}{q}\tilde{y}_2$, and $\tilde{y}_2$ is the unique positive solution of the following equation:

$$\frac{\rho_2\alpha\beta_2 k_2}{q}\tilde{y}_2^2 + \left(d_y\beta_2 k_2 + \frac{\rho_2\alpha d_x d_v + \rho_2 p\beta_2 k_2}{q}\right)\tilde{y}_2 + (1-\mathcal{R}_{02})d_x d_v(d_y + \rho_2 I^*) = 0 \tag{9}$$

In what follows, we study the existence of the third equilibrium $\bar{P} = (\bar{x}, \bar{v}_1, \bar{v}_2, \bar{y}_1, \bar{y}_2, \bar{I})$, which is obtained when the two virus strains coexist. From equations (3), (4), (5) and (8), we have

$$\bar{x} = \frac{\lambda d_v}{d_x d_v + \beta_1 k_1 \bar{y}_1 + \beta_2 k_2 \bar{y}_2}, \quad \bar{v}_1 = \frac{k_1}{d_v}\bar{y}_1, \quad \bar{v}_2 = \frac{k_2}{d_v}\bar{y}_2, \quad and \quad \bar{I} = \frac{p}{q} + \frac{\alpha}{q}(y_1+y_2).$$

Substituting the above relations in Eqs. (6)−(7),we obtain the following system:

$$\begin{cases} \bar{y}_1 = \dfrac{d_x(1-\varepsilon)\beta_1 k_1 x^* \bar{y}_1}{(d_x d_v + \beta_1 k_1 \bar{y}_1 + \beta_2 k_2 \bar{y}_2)\left[d_y + \rho_1\left(\frac{p}{q} + \frac{\alpha}{q}(\bar{y}_1+\bar{y}_2)\right)\right]} \\ \bar{y}_2 = \dfrac{\varepsilon d_x \beta_1 k_1 x^* \bar{y}_1 + \beta_2 k_2 \bar{y}_2 x^* d_x}{(d_x d_v + \beta_1 k_1 \bar{y}_1 + \beta_2 k_2 \bar{y}_2)\left[d_y + \bar{y}_2\rho_2\left(\frac{p}{q} + \frac{\alpha}{q}(\bar{y}_1+\bar{y}_2)\right)\right]} \end{cases} \tag{10}$$

Solving the above fixed point problem, we obtain the following result:

Proposition 3.1. *If $\mathcal{R}_0 > 1$, then the model has a unique endemic equilibrium $\bar{P} = (\bar{x}, \bar{v}_1, \bar{v}_2, \bar{y}_1, \bar{y}_2, \bar{I})$.*

Remark 3.1. *1) The proof of Proposition 3.1 is given in Appendix C.*

2) Due to mutation, there is no wild-type-only equilibrium. In fact, when $v_2 = 0$ in (3)-(8), then $v_1 = 0$.

3.3. Stability of equilibria

Here, we analyze the stability of equilibria obtained in the previous section. We have the following result.

Lemma 3.2. *If $\mathcal{R}_{01} < 1$, then* $\dfrac{k_1(1-\varepsilon)\beta_1\tilde{x}}{d_v(\rho_1\tilde{I} + d_y)} < 1.$

Proof : If $\mathcal{R}_{01} < 1$, then $k_1(1-\varepsilon)\beta_1 x^* < d_v(\rho_1 I^* + d_y)$. since $x^* > \tilde{x}$ and $I^* < \tilde{I}$, we have the result. □

Theorem 3.2. *Let us consider the model system (1). If $\mathcal{R}_{01} < 1$ and $\mathcal{R}_{02} > 1$, then the mutant-only equilibrium $\tilde{P}_2$ exists and is locally asymptotically stable in Δ.*

Proof : The characteristic equation of the jacobian matrix evaluated at $\tilde{P}$ is given by

$$P(\xi) = \left[\xi^2 + \xi(\rho_1\tilde{I} + d_y + d_v) + d_v(\rho_1\tilde{I} + d_y)\left(1 - \frac{k_1(1-\varepsilon)\beta_1\tilde{x}}{d_v(\rho_1\tilde{I} + d_y)}\right)\right]\left(\sum_{i=0}^{4} a_i\xi^{4-i}\right) \tag{11}$$

where the coefficients a_0, a_1, a_2, a_3 and a_4 are positive and are given in the appendix A. The Maple program shows that $a_1a_2a_3 > a_3^2 + a_1^2a_4$. It follows that the stability of $\tilde{P}_2$ is determined by the solution of equation:

$$\xi^2 + \xi(\rho_1\tilde{I} + d_y + d_v) + d_v(\rho_1\tilde{I} + d_y)\left(1 - \frac{k_1(1-\varepsilon)\beta_1\tilde{x}}{d_v(\rho_1\tilde{I} + d_y)}\right) = 0. \tag{12}$$

Since the discriminant is $delta = (d_v - \rho_1\tilde{I} - d_y)^2 + 4k_1(1-\varepsilon)\beta_1\tilde{x} > 0$, if $\mathcal{R}_{01} < 1$ then from lemma 3.2, equation (12) has two negative solutions. So, it follows from the Routh-Hurwitz criterion that if $\mathcal{R}_{01} < 1$ then $\tilde{P}_2$ is locally asymptotically stable. □

Using the Routh-Hurwitz criterion, about the stability of equilibrium $\bar{P}$ when the two virus co-exist, we have the following result.

Theorem 3.3. *If $\mathcal{R}_0 > 1$, there exists one endemic equilibrium $\bar{P} = (\bar{x}, \bar{v}_1, \bar{v}_2, \bar{y}_1, \bar{y}_2, \bar{I})$ for the model system (1) which is locally asymptotically stable in Δ if the following conditions holds:*

1) $u_i > 0$, $i = 2, ..., 6$ since $u_1 > 0$,

2) $u_1u_2u_3 > u_3^2 + u_1^2u_4$,

3) $(u_1u_4 - u_5)(u_1u_2u_3 - u_3^2 - u_1^2u_4) > u_5(u_1u_2 - u_3)^2 + u_1u_5^2$,

4) $u_5(u_1u_2u_3u_4 + 2u_1^2u_2u_6 + u_1u_4u_5 + u_1u_5u_4 + u_2u_3u_5) + u_3u_6(u_1^2u_4 + u_3) > u_5(3u_1u_3u_6 + u_1^2u_4^2 + u_1u_2^2u_5 + u_3^2u_4 + u_5^2) + u_1u_6(u_2u_3^2 + u_1^2u_6)$.

where u_i, $i = 1, ..., 6$ are given in Appendix D.

4. The model with pulse vaccination

In this section, we consider the previous model and we extend that model by incorporating pulse vaccination. we suppose that at fixed vaccination times t_k, $k = 1, 2, ...$ vaccination increases CTL cells by a fixed amount $\hat{I}$ which is proportional to the total number of CTLs the vaccine stimulates. This hypothesis is make to determine the critical vaccine threshold for eradication of the virus or to find conditions at which mutant strain of the virus can persist in the presence of a CTL vaccine. For $t \neq t_k$, the model is

$$\begin{cases} \dot{x} &= \lambda - d_x x - \beta_1 v_1 x - \beta_2 v_2 x, \\ \dot{v}_1 &= k_1 y_1 - d_v v_1, \\ \dot{v}_2 &= k_2 y_2 - d_v v_2, \\ \dot{y}_1 &= (1-\varepsilon)\beta_1 v_1 x - \rho_1 y_1 I - d_y y_1, \\ \dot{y}_2 &= \varepsilon\beta_1 v_1 x + \beta_2 v_2 x - \rho_2 y_2 I - d_y y_2, \\ \dot{I} &= \alpha(y_1 + y_2)I + pI - qI^2, \end{cases} \tag{13}$$

and for $t = t_k$,

$$\Delta I \equiv I(t_k^+) - I(t_k^-) = \hat{I} \tag{14}$$

where $I(t_k^-)$ is the CTL concentration immediately before the impulse and $I(t_k^+)$ is the CTL concentration immediately after the impulse.

4.1. Impulsive orbit and local stability

Because of the impulsive effect in I, there are no classical equilibria for System (13). In this case, we have the impulse orbit which are obtained when $\dot{x} = \dot{y}_1 = \dot{y}_2 = \dot{v}_1 = \dot{y}_2 = 0$ and $I \neq 0$. Let $r_1 = \rho_1 I + d_y$ and $r_2 = \rho_2 I + d_y$. We obtain the disease-free orbit $\hat{P}_0 = \left(\frac{\lambda}{d_x}, 0, 0, 0, 0\right)$, the mutant-only orbit $\hat{P}_1 = (\hat{x}, 0, \hat{v}_2, 0, \hat{y}_2)$, where $\hat{x} = \frac{r_2 d_v}{\beta_2 k_2}$, $\hat{v}_2 = \frac{\lambda\beta_2 k_2 - d_x r_2 d_v}{\beta_2 r_2 d_v}$, $\hat{y}_2 = \frac{\lambda\beta_2 k_2 - d_x r_2 d_v}{\beta_2 r_2 k_2}$. Due to mutation, there is no wild-type only orbit. For both strains of the virus to be eradicated, the disease-free orbit must be locally stable. If both the disease-free and mutant-only orbits are locally unstable, then the two virus strains will coexist in the presence of the vaccine.

Definition 4.1. *Let I_1^* be the value of I such that $d_x d_v r_1 = (1-\varepsilon)\beta_1 k_1 \lambda$. That is $I_1^* = \frac{(1-\varepsilon)\beta_1 k_1 \lambda - d_x d_v d_y}{d_x d_v \rho_1}$. Let I_2^* be the value of I such that $d_x d_v r_2 = \beta_2 k_2 \lambda$. That is $I_2^* = \frac{\beta_2 k_2 \lambda - d_x d_v d_y}{d_x d_v \rho_2}$. Finally, let I_3^* be the value of I such that $(1-\varepsilon)\beta_1 k_1 r_2 = \beta_2 k_2 r_1$. That is $I_3^* = \frac{(1-\varepsilon)\beta_1 k_1 d_y - \beta_2 k_2 d_y}{\beta_2 k_2 \rho_1 - (1-\varepsilon)\beta_1 k_1 \rho_2}$. The value I_1^* determines the long-term behavior of the wild-type strain, while I_2^* determines the long-term behavior of the mutant strain. The parameter I_3^* can take any sign and is critical in the analysis of the competition between the two virus strains.*

Lemma 4.1. *either $I_1^* = I_2^* = I_3^*$ or $I_3^* > I_1^* > I_2^*$ or $I_2^* > I_1^* > I_3^*$.*

Remark 4.1. *The proof of the previous lemma is given in the appendix B.*

About the local stability of the disease free orbit and mutant-only orbit, we have the following result:

Theorem 4.2. *The disease-free orbit is locally stable if and only if $I > I_1^*$ and $I > I_2^*$. The mutant-only orbit is locally stable if and only if $I_3^* < I < I_2^*$.*

Proof : The characteristic polynomial of the jacobian matrix at the disease-free $\hat{P}_0$ orbit is given by

$$\begin{aligned} P(\zeta) \quad = \quad & (-d_x - \zeta)\left(\zeta^2 + (d_v + r_1)\zeta + d_v r_1 - r_1(1-\varepsilon)\beta_1 \tfrac{\lambda}{d_x}\right) \times \\ & \left(\zeta^2 + (d_v + r_2)\zeta + d_v r_2 - k_2\beta_2 \tfrac{\lambda}{d_x}\right) \end{aligned} \tag{15}$$

At the disease free orbit, $-d_x$ is an eigenvalue which is negative. From equation (15), the equilibrium $\hat{P}$ is locally asymptotically stable if $+d_v r_1 - r_1(1-\varepsilon)\beta_1 \frac{\lambda}{d_x} > 0$ and $d_v r_2 - k_2\beta_2 \frac{\lambda}{d_x} > 0$; i.e $I > I_1^*$ and $I > I_2^*$. The characteristic polynomial of the jacobian matrix at the mutant-only orbit $\hat{P}_1$ is given by:

$$Q(\zeta) = -\left(\zeta^2 + (d_v + r_1)\zeta + d_v r_1 - k_1(1-\varepsilon)\beta_1 \frac{r_2 d_v}{\beta_2 k_2}\right)\left(\zeta^3 + b_1\zeta^2 + b_2\zeta + b_3\right) \tag{16}$$

Where $b_1 = r_2 + d_v + \frac{\lambda\beta_2 k_2}{r_2 d_v}$, $b_2 = (r_2 + d_v)\frac{\lambda\beta_2 k_2}{r_2 d_v}$ and $b_3 = \lambda\beta_2 k_2 - d_x r_2 d_v$. Since $b_1 > 0$ and $b_1 b_2 > b_3$, from the Routh-Hurwitz criterion, the equilibrium $\hat{P}_1$ is locally

asymptotically stable if only if $d_v r_1 - k_1(1-\varepsilon)\beta_1 \frac{r_2 d_v}{\beta_2 k_2} > 0$ and $b_3 > 0$. These lead to $I > I_3^*$ and $I <_2^*$; that is $I_3^* < I < I_2^*$. □

Remark 4.2. *1) By Lemma 4.1, either $I_3^* < I_1^* < I < I_2^*$ or $I_3^* < I < I_1^* < I_2^*$.*

2) The condition for eradication of the both strains of the virus is $I > I_1^*$ and $I > I_2^*$. So, it is important for the vaccine to be strong enough to guarantee $I > I_1^*$ and $I > I_2^*$. Moreover, if $I_2^* > I_1^*$ and if the vaccine is such that $I_3^* < I < I_2^*$, then the mutant strain may become dominant. The both strains coexist when $0 \leq I < I_3^*$.

4.2. Perfect adherence of vaccine

We have established in the two previous section, the critical level of CTLs necessary to control the virus. Here, we determine the maximal time between the vaccinations, depending on the vaccine strength, to ensure that the CTL amount always exceeds the desired level. Establishing this maximal time frame allows us to recommend a CTL vaccine treatment.

The vaccination is operate at time t_k and $I(t_k^+)$ (is the CTL concentration immediately after the impulse. From the impulsive differential equation for I, we have: $\dot{I} = \alpha(y_1 + y_2)I + pI - qI^2 > pI - qI^2$ as y_1 and y_2 are positive. So, we obtain

$$I(t) > \frac{1}{\frac{p}{q} + \left(\frac{1}{I(t_k^+)} - \frac{p}{q}\right)e^{-p(t-t_k)}} \text{ for } t_k < t < t_{k+1}.$$

Let us suppose that vaccination is successful (y_1 and y_2 are very small) and let us consider the following approximaltion of $I(t)$:

$$I(t) = \frac{1}{\frac{p}{q} + \left(\frac{1}{I(t_k^+)} - \frac{p}{q}\right)e^{-p(t-t_k)}} \text{ for } t_k < t < t_{k+1}.$$

Let us suppose that $I(0)) = 0$ and the vaccine is taken at regular intervals with length τ. Then, we have
$I(t_1^+) = \hat{I}, \quad I(t_2^-) = \frac{p\hat{I}}{q\hat{I} + (p - q\hat{I})e^{-p\tau}}, \quad I(t_2^+) = \frac{(p+q)\hat{I} + \hat{I}(p-q\hat{I})e^{-p\tau}}{q\hat{I} + (p-q\hat{I})e^{-p\tau}}$, ... We will show numerically that trajectories converge to an impulsive periodic orbit.

5. Numerical simulation

In this section, we use numerical simulations to illustrate the results. The parameter values are taken as: $\lambda = 252666.6667$, $d_x = 0.0039$, $\beta_1 = 7 \times 10^{-5}$, $\beta_2 = 7 \times 10^{-5}$; $k_1 = 100$; $d_v = 0.021$; $k_2 = 100$, $\varepsilon = 3 \times 10^{-5}$, $r_1 = 0.03$, $r_2 = 0.042$, $\alpha = 0.03$, $p = 0.5$, $q = 0.03$ and $\hat{I} = 50$ (these data based on [4, 6, 7], others values are assumed) in the following simulations except as noted in the figures. Firstly, Fig. 1 (a) illustrates that under regular vaccinations, the CTL count oscillates in an impulsive periodic orbit. If the vaccine is sufficiently strong, both strains are driven to extinction, assuming perfect adherence (see Fig. 1.(b)). In this figure we have also increase the value of d_v. So, if the vaccine can reduce the life span of viruses, the two strains can be eradicated.

Fig 2.(a) show that the mutant and wild type can coexist if vaccination is low, but nonzero, and if we increase the time life of virus. Both values approach a stable orbit. When $I_3^* < I_2^*$, the mutant persists at high levels, while the wild type is driven to extinction if vaccination is low or zero. The mutant go to an impulsive orbit (see Fig 2. b). The disease-free equilibrium is also unstable, in this case.

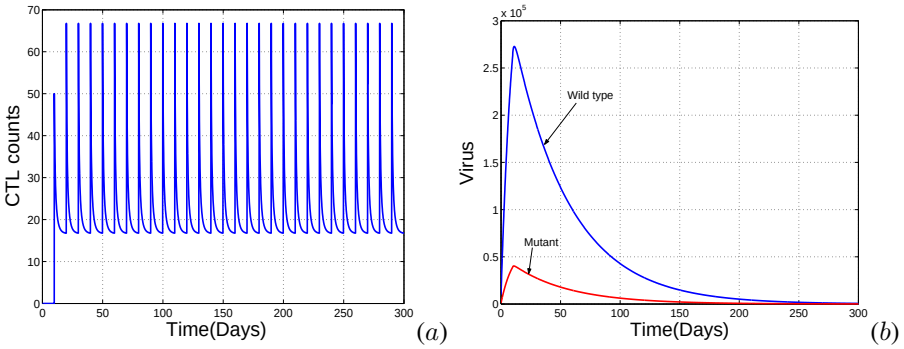


Figure 1: When the vaccine is taken every ten days, stimulating 50 cells/1L, CTL cells converge to an impulse periodic orbit (Fig 1.(a)); ff the vaccination frequency is increased, then we have eradication of both strains (Fig 1.(b)).

6. Conclusion

In this paper, we have developed a hepatitis B virus infection model with cell-mediated immunity and two strains of virus. We have analyzed the local stabilities of the equilibria. The mathematical analysis results show that the basic reproductive ratio satisfies a threshold property with threshold value 1. After introduction of pulse vaccine in our model, we find that a CTL vaccine can theoretically eradicate both the wild-type and resistant strains of the virus, if taken with sufficient frequency, at regular intervals and if the vaccine can reduce the life span of the virus.

7. References

Kane M. Global status of hepatitis B immunization. Lancet, 350: 1102, (1997).

Barouch D. H., Kunstman J., Kuroda M. J., et al., Eventual AIDS vaccine failure in a rhesus monkey by viral escape from cytotoxic T lymphocytes. Nature, 415: 335-339, (2002).

VAN DEN DRIESSCHE P., WATMOUGH J., *Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission.* Math. Biosci. 180 , 29-48, (2002).

Nowak M. A., May R. M., Virus Dynamics. Cambridge University Press, Cambridge, (2000).

Bernhard P. K., Naveen K. V., Robert J. S., Modelling Mutation to a Cytotoxic T-lymphocyte HIV Vaccine, Mathematical Population Studies, 18: 122-149, (2011)

Whalley S. A., Murray J. M. , Brown D., Webster G. J. M., Emery V. C., Dusheiko G. M. and Perelson A. S., Kinetics of Acute Hepatitis B Virus Infection in Humans. J. Exp. Med., 193: 847−853, (2001).

Murray J. M., Purcell R. H., Wieland S. F., The half-life of hepatitis B virions. Hepatology, 44: 1117−1121, (2006).

Hethcote H. W., Thieme H. R., Stability of the Endemic Equilibrium in Epidemic Models with Subpopulations, Math. Biosci. 75 205-277, (1985).

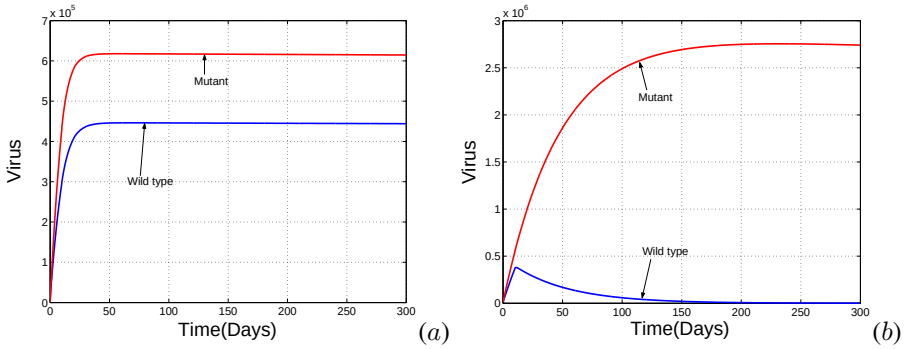


Figure 2: $0 \leq I < I_3^*$, $d_v = 0.00021$ and the two populations coexist (Fig 2 (a)). The mutant exists at high levels (approximately 2.7×10^6 virions/1L), but the wild type is eradicated. This one is obtained when $I_3^* < I_2^*$ (Fig 2.(b)).

Appendix A : Coefficients of the characteristic polynomial at $\tilde{P}$

$$
\begin{aligned}
a_4 &= (d_x + \beta_2 v_2)[d_v q\tilde{I} d_y + q\tilde{I} k_2 \beta_2 \tilde{x} + \rho_2 d_v p\tilde{I}] + \beta_2^2 \tilde{v}_2 \tilde{x} k_2 q\tilde{I} \\
a_3 &= (d_x + \beta_2 v_2)[(\rho_2 \tilde{I} + d_y + q\tilde{I}) d_v + q\tilde{I} d_y + k_2 \beta_2 \tilde{x} + \rho_2 p\tilde{I}] \\
&+ d_v q\tilde{I} d_y + q\tilde{I} k_2 \beta_2 \tilde{x} + \rho_2 d_v p\tilde{I} + \beta_2^2 \tilde{v}_2 \tilde{x} k_2 \\
a_2 &= (d_x + \beta_2 v_2)(d_v + \rho_2 \tilde{I} + d_y + q\tilde{I}) + d_v(\rho_2 \tilde{I} + d_y + q\tilde{I}) + q\tilde{I} d_y + k_2 \beta_2 \tilde{x} \\
&+ \rho_2 p\tilde{I} \\
a_1 &= d_x + d_v + d_y + \beta_2 v_2 + (\rho_2 + q)\tilde{I} \\
a_0 &= 1
\end{aligned}
$$

Appendix B : Proof of lemma 4.1.

Proof : Case 1: Suppose that $I_1^* = I_2^* = I$. Since $\frac{\lambda}{d_x d_v} = \frac{r_1}{(1-\varepsilon)\beta_1 k_1}$ and $\frac{\lambda}{d_x d_v} = \frac{r_2}{k_2 \beta_2}$, we obtain $\frac{r_1}{(1-\varepsilon)\beta_1 k_1} = \frac{r_2}{k_2 \beta_2} \Rightarrow r_2(1-\varepsilon)\beta_1 k_1 = r_1 \beta_2 k_2 \Rightarrow I = I_3^*$.

Case 2: Let us suppose that $I_1^* > I_2^*$. Set $I = I_2^*$ then $I < I_1^* \Leftrightarrow r_1 < \frac{(1-\varepsilon)\beta_1 k_1 \lambda}{d_x d_v} \Leftrightarrow I < I_3^*$. Hence $I_3^* > I_2 *$. By the same method, we establish that $I_3^* > I_2^*$. The case 3 is obtained by the same method as in case 2. □

Appendix C : Proof of Proposition 3.1.

We use a theorem for the existence and uniqueness of a positive fixed point of a multivariable function. We labeled this theorem as follows.

Theorem 7.1. *(Thieme [8], theorem 2.1) Let $F(x)$ be a continuous, monotone non-decreasing, strictly sub linear, bounded function which maps the non-negative orthant $\mathbb{R}_+^n = [0, +\infty)$ into itself. Let $F(0) = 0$ and $F'(0)$ exists and be irreducible. Then $F(x)$ does not have a non-trivial fixed point on the boundary of $\mathbb{R}_+^n$. Moreover, $F(x)$ has a positive fixed point iff $\rho(F'(0)) > 1$. If there is a positive fixed point, then it is unique.*

Let us show that the system (10) has a positive solution. (10) can be written as: $Y = F(Y)$ where $Y = (\bar{y}_1, \bar{y}_2)^T$ and

$$F = \begin{pmatrix} \dfrac{d_x(1-\varepsilon)\beta_1 k_1 x^*}{(d_x d_v + \beta_1 k_1 \bar{y}_1 + \beta_2 k_2 \bar{y}_2)\left[d_y + \rho_1\left(\frac{p}{q} + \frac{\alpha}{q}(\bar{y}_1 + \bar{y}_2)\right)\right]} \\ \dfrac{\varepsilon d_x \beta_1 k_1 x^* \bar{y}_1 + \beta_2 k_2 \bar{y}_2 x^* d_x}{(d_x d_v + \beta_1 k_1 \bar{y}_1 + \beta_2 k_2 \bar{y}_2)\left[d_y + \bar{y}_2 \rho_2\left(\frac{p}{q} + \frac{\alpha}{q}(\bar{y}_1 + \bar{y}_2)\right)\right]} \end{pmatrix} \triangleq \begin{pmatrix} F_1(Y) \\ F_2(Y) \end{pmatrix}$$

We have $F_1(Y) \leq \dfrac{d_x(1-\varepsilon)\beta_1 k_1 x^* \bar{y}_1}{(d_x d_v + \beta_1 k_1 \bar{y}_1)\left(d_y + \rho_1 \frac{p}{q}\right)} \leq M_1$ and

$$F_2(Y) \leq \frac{\varepsilon d_x \beta_1 k_1 x^* \bar{y}_1}{(d_x d_v + \beta_1 k_1 \bar{y}_1)\left(d_y + \rho_2 \frac{p}{q}\right)} + \frac{\beta_2 k_2 \bar{y}_2 x^* d_x}{(d_x d_v + \beta_2 k_2 \bar{y}_2)\left(d_y + \rho_2 \frac{p}{q}\right)} \leq M_2.$$

In this case, $F(Y)$ is continuous, bounded function which maps

$$\Gamma = \{(y_1, y_2) : 0 < y_1 < M_1, \quad 0 < y_2 < M_2\}$$

It is easy to find that $F(Y)$ is infinitely differentiable and is a monotone nondecreasing function. Moreover, $F(0,0) = (0,0)$ and

$$F'(0,0) = \begin{pmatrix} \mathcal{R}_{01} & 0 \\ \dfrac{\varepsilon \beta_1 k_1 x^*}{d_v(d_y + \rho_2 I^*)} & \mathcal{R}_{02} \end{pmatrix}$$

Hence $\rho(F'(0,0)) = \max\{\mathcal{R}_{01}, \mathcal{R}_{02}\} = \mathcal{R}_0 > 1$. Thanks to the graph theory, we claim that $F'(0,0)$ is irreducible because the associated graph of the matrix is strongly connected.

Let us now prove that F is strictly sub linear in Γ, i.e., $F(rY) > rF(Y)$, for any $Y \in \Gamma$. with $Y > 0$, and $r \in (0;1)$. Some calculations give

$$\frac{r_1 F_1(Y)}{F_1(r_1 Y)} = \frac{(d_x d_v + r_1\beta_1 k_1 \bar{y}_1 + r_1 \beta_2 k_2 \bar{y}_2)\left[d_y + \rho_1\left(\frac{p}{q} + r_1\frac{\alpha}{q}(\bar{y}_1 + \bar{y}_2)\right)\right]}{(d_x d_v + \beta_1 k_1 \bar{y}_1 + \beta_2 k_2 \bar{y}_2)\left[d_y + \rho_1\left(\frac{p}{q} + \frac{\alpha}{q}(\bar{y}_1 + \bar{y}_2)\right)\right]} < 1,$$

$$\frac{r_2 F_2(Y)}{F_2(r_2 Y)} = \frac{(d_x d_v + r_2\beta_1 k_1 \bar{y}_1 + r_2 \beta_2 k_2 \bar{y}_2)\left[d_y + \rho_2\left(\frac{p}{q} + r_2\frac{\alpha}{q}(\bar{y}_1 + \bar{y}_2)\right)\right]}{(d_x d_v + \beta_1 k_1 \bar{y}_1 + \beta_2 k_2 \bar{y}_2)\left[d_y + \rho_2\left(\frac{p}{q} + \frac{\alpha}{q}(\bar{y}_1 + \bar{y}_2)\right)\right]} < 1$$

So the function $F(Y)$ is strictly sub linear with $r = \min(r_1; r_2)$. This ends the proof of Proposition 3.1.

Appendix D : Coefficients u_i ($i = 1, ..., 6$) of the characteristic polynomial at $\bar{P}$

The characteristic polynomial at $\bar{P}$ is given by

$$Q(\lambda) = \lambda^6 + u_1\lambda^5 + u_2\lambda^4 + u_3\lambda^3 + u_4\lambda^2 + u_5\lambda + u_6$$

where:

$$
\begin{aligned}
u_1 &= q\bar{I} + \rho_1\bar{I} + \rho_2\bar{I} + 2d_y + d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2 + 2d_v,\\
u_2 &= -k_2\beta_2\bar{x} + q\bar{I}(\rho_1\bar{I} + \rho_1\bar{I} + 2d_y) + (\rho_1\bar{I} + d_y)(\rho_2\bar{I} + d_y) + \alpha\bar{I}(\rho_1\bar{y}_1 + \rho_2\bar{y}_2)\\
&+ (d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2 + 2d_v)(q\bar{I} + \rho_1\bar{I} + \rho_2\bar{I} + 2d_y) + 2d_v(d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2)\\
&+ d_v^2,\\
u_3 &= k_2\beta_2\bar{x}(\varepsilon\beta_1\bar{v}_1 - \rho_1\bar{I} - d_y - d_x - \beta_1\bar{v}_1 - q\bar{I} - d_v) + \beta_1k_1(1-\varepsilon)\bar{x}(\bar{v}_1\beta_1 + 1)\\
&- q\bar{I}(\rho_1\bar{I} + d_y)(\rho_2\bar{I} + d_y) + \alpha\rho_1\bar{y}_1\bar{I}(\rho_2\bar{I} + d_y)\\
&+ (d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2 + 2d_v)\big[q\bar{I}(\rho_1\bar{I} + \rho_2\bar{I} + 2d_y) + (\rho_1\bar{I} + d_y)(\rho_2\bar{I} + d_y)\\
&+ \alpha\bar{I}\rho_2\bar{y}_2(\rho_1\bar{I} + d_y) + \alpha\bar{I}(\rho_1\bar{y}_1 + \rho_2\bar{y}_2)\big] + d_v^2(d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2)\\
&+ d_v(q\bar{I} + \rho_1\bar{I} + \rho_2\bar{I} + 2d_y)\big[d_v + 2(d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2)\big]\\
u_4 &= k_2\beta_2\bar{x}(\varepsilon\beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2)(\rho_1\bar{I} + d_y + d_v + q\bar{I})\\
&- k_2\beta_2\bar{x}\big[\alpha\bar{I}\rho_1\bar{y}_1 + q\bar{I}(\rho_1\bar{I} + d_y) + (d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2 + d_v)(\rho_1\bar{I} + d_y + q\bar{I})\\
&+ ad_v\big] - (d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2 + 2d_v)\big[q\bar{I}(\rho_1\bar{I} + d_y)(\rho_2\bar{I} + d_y) - \alpha\bar{I}\rho_1\bar{y}_1(\rho_2\bar{I} + d_y)\\
&- \alpha\bar{I}\rho_2\bar{y}_2(\rho_1\bar{I} + d_y)\big] + \beta_1^2(1-\varepsilon)\bar{v}_1k_1\bar{x}(d_v + \rho_2\bar{I} + d_y + q\bar{I})\\
&+ d_v(2d_x + 2\beta_1\bar{v}_1 + 2\beta_2\bar{v}_2 + d_v)\big[q\bar{I}(\rho_1\bar{I} + \rho_2\bar{I} + 2d_y) + (\rho_1\bar{I} + d_y)(\rho_2\bar{I} + d_y)\\
&+ \alpha\bar{I}(\rho_1\bar{y}_1 + \rho_2\bar{y}_2)\big] + d_v^2(d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2)(\rho_1\bar{I} + \rho_1\bar{I} + 2d_y + q\bar{I})\\
&+ k_1(1-\varepsilon)\beta_1\bar{x}(d_v + \rho_2\bar{I} + d_y + q\bar{I})\\
u_5 &= -\beta_1k_1\bar{x}(\varepsilon\beta_1v_1 + \beta_2v_2)\big[\rho_1y_1\alpha\bar{I} + k_2(1-\varepsilon)\bar{x}\beta_2\big]\\
&+ k_2\beta_2\bar{x}(\varepsilon\beta_1v_1 + \beta_2v_2)\big[\alpha\bar{I}\rho_1\bar{y}_1 + q\bar{I}(\rho_1\bar{I} + d_y) + d_v(q\bar{I} + \rho_1\bar{I} + d_y)\\
&+ \varepsilon\beta_1k_1\rho_1\alpha\bar{x}\bar{y}_1\big] + \beta_1k_1\bar{x}(1-\varepsilon)(\beta_1v_1 + 1)[d_v(\rho_2\bar{I} + d_y) + q\bar{I}(d_v + \rho_2\bar{I} + d_y)\\
&- k_2\beta_2\bar{x} + \rho_2\alpha\bar{I}\bar{y}_2] - k_2\beta_2\bar{x}[(d_v + d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2)(\rho_1\bar{I}q\bar{I} + d_yq\bar{I} + \alpha I\rho_1y_1)\\
&+ d_v(d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2)(\rho_1\bar{I} + d_y + q\bar{I})]\\
&+ d_v(d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2)[q\bar{I}(\rho_1\bar{I} + \rho_2\bar{I} + 2d_y) + (\rho_1\bar{I} + d_y)(\rho_2\bar{I} + d_y)\\
&+ \alpha\bar{I}(\rho_1\bar{y}_1 + \rho_2\bar{y}_2)] - d_v(d_v + 2d_x + 2\beta_1\bar{v}_1 + 2\beta_2\bar{v}_2)[q\bar{I}(\rho_1\bar{I} + d_y)(\rho_2\bar{I} + d_y)\\
&- \alpha\bar{I}\rho_1\bar{y}_1(\rho_2\bar{I} + d_y) - \alpha\bar{I}\rho_2\bar{y}_2(\rho_1\bar{I} + d_y)] + k_2(1-\varepsilon)\beta_1\beta_2\bar{v}_1\bar{x}(k_1\varepsilon\beta_1\bar{x} - \rho_2\alpha\bar{I}\bar{y}_2)
\end{aligned}
$$

$$
\begin{aligned}
u_6 &= \beta_1\bar{x}\bar{I}k_1(\varepsilon\beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2)\big[qk_2\bar{x}(1-\varepsilon)\beta_2 + \bar{y}_1\rho_1\alpha d_v\big]\\
&+ k_2(1-\varepsilon)\beta_1\bar{v}_1\beta_2\bar{x}(k_1\varepsilon\beta_1\bar{x}q\bar{I} - \rho_2y_2\alpha\bar{I}d_v) + \varepsilon\beta_1k_1d_v\rho_1y_1\alpha\bar{I}\bar{x}\\
&- \beta_1^2(1-\varepsilon)\bar{v}_1\bar{x}k_1\big[- q\bar{I}d_v(\rho_2\bar{I} + d_y) + k_2\beta_2\bar{x}q\bar{I} - \rho_2\bar{y}_2\alpha\bar{I}d_v\big]\\
&- k_1(1-\varepsilon)\beta_1\bar{x}\big[- q\bar{I}d_v(\rho_2\bar{I} + d_y) + k_2\beta_2\bar{x}q\bar{I} - \alpha\rho_2\bar{y}_2\bar{I}d_v\big]\\
&- k_2\beta_2\bar{x}d_v(d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2)\big[(\rho_1\bar{I} + d_y)q\bar{I} + \alpha\bar{I}\rho_1\bar{y}_1\big]\\
&- d_v^2(d_x + \beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2)\big[q\bar{I}(\rho_1\bar{I} + d_y)(\rho_2\bar{I} + d_y) - \alpha\bar{I}\rho_1\bar{y}_1(\rho_2\bar{I} + d_y)\\
&- \alpha\bar{I}\rho_2y_2(\rho_1\bar{I} + d_y)\big] + k_2\beta_2\bar{x}v_v(\varepsilon\beta_1\bar{v}_1 + \beta_2\bar{v}_2)\big[q\bar{I}(\rho_1\bar{I} + d_y) + \alpha\bar{I}\rho_1\bar{y}_1\big]
\end{aligned}
$$

Modélisation et simulation multi-agents d'un protocole de capture-marquage-recapture d'une population de rongeurs sauvages dans la réserve de Bandia (Sénégal)

El. H. Malick Diakhate[1,2], Ndathie Diouf [3,2], Laurent Granjon[2], Karim Konate[1], Pape Adama Mboup[1,2] et Jean Le Fur[4,*]

[1] Département de mathématiques et informatique, Univ. C.A. Diop/18522 Dakar Sénégal,

[2] Institut de Recherche pour le Développement (IRD), UMR 022 CBGP, Campus de Bel-Air, BP 1386, Dakar, CP 18524, Sénégal

[3] Département de biologie animale, Univ. C.A. Diop, Dakar Sénégal,

[4] IRD, Centre de Biologie pour la Gestion des Populations (UMR 022), Campus international de Baillarguet, CS 30016, 34988 Montferrier-sur-Lez cedex, France

*Corresponding author: lefur@ird.fr

RÉSUMÉ. Ce travail porte sur la construction d'un modèle multi-agents permettant de représenter dans le temps une expérience de bio-écologie en milieu naturel intégrant des sessions de piégeages et de marquage de rongeurs sauvages dans la réserve de Bandia (Sénégal). Le modèle représente de façon intégrée l'environnement hétérogène, la dynamique de la population de rongeurs et le système de pièges ainsi que des indicateurs conformes à ceux utilisés par les biologistes. Le protocole d'expérience réel est simulé. Le simulateur produit des dynamiques conformes à celles observées dans la réalité. Des analyses de sensibilité ont révélé des modes de fonctionnement non attendus et utiles à la compréhension de l'expérience dans cet environnement complexe.

ABSTRACT. This work focuses on the construction of a multi-agent simulation model of a bio-ecological experiment realized in the field of the Bandia reserve (Senegal). The protocol consists in a succession of wild rodents trapping and marking sessions. The model simultaneously integrates the heterogeneous environment, the dispersal and demographic dynamics of the rodents' population, the management of a system of traps; it renders indicators consistent with those used by biologists. The actual experience is simulated. The resulting simulations produce consistent dynamics compared with those observed in reality. A first set of sensitivity analyses revealed unknown operation modes useful to understand the experience in this complex environment.

MOTS-CLÉS : système multi-agents, modélisation, simulation, rongeurs, protocole, capture-marquage-recapture, réserve de Bandia, Sénégal

KEYWORDS: multi-agent system, modeling, simulation, rodents, protocol, catch-mark-recatch, Bandia reserve, Senegal

1. Introduction

Chaque être vivant entretient un réseau de relations avec les organismes et les conditions environnementales qui se trouvent dans son voisinage. Pour démêler cette complexité et améliorer notre compréhension des relations entre tous ces facteurs on peut recourir au développement de modèles informatiques dont particulièrement les systèmes multi-agents, ou SMA [2] [5] qui représentent simultanément ces éléments et les mettent en relation dans des simulations [3].

Depuis près de cinquante ans, dans la savane arborée de la réserve de Bandia, Sénégal, plusieurs études d'écologie des populations de rongeurs se sont succédé [1] [7] [8] qui ont montré la grande variabilité des facteurs qui influent sur ces populations. La plupart des données acquises ont été obtenues à partir de protocoles de type "capture-marquage-recapture" (CMR) [9]. Cette méthode couramment utilisée en écologie estime des paramètres démographiques et/ou spatiaux dans des populations animales. Une partie de la population que l'on veut représentative est capturée, marquée puis relâchée. Ultérieurement une autre partie est capturée et parmi ce nouveau groupe figurent certains des rongeurs déjà capturés et marqués au cours de la période de capture initiale. Les rongeurs nouvellement capturés sont à leur tour marqués puis relâchés.

La méthode de CMR est ainsi très utilisée lorsqu'il est malaisé de calculer la taille de la population de façon directe (par observation par exemple). Certains organismes peuvent par ailleurs être difficiles à capturer durant une partie de leur cycle de vie. C'est le cas des juvéniles qui échappent souvent aux programmes de suivi par CMR. Cette technique ne permet donc pas d'évaluer correctement le taux de survie des juvéniles qu'elle considérera faible alors que des travaux de modélisation ont souvent prouvé le contraire, grâce à une estimation du taux de survie des juvéniles nécessaire au maintien d'une population stable [14]. Ceci montre les limites et les biais d'échantillonnage liés à la méthode CMR, en matière d'estimation des abondances, de la survie, ou des déplacements notamment [14] [4]. Dans ces différents domaines, une approche de modélisation peut donc s'avérer utile pour évaluer ces limites et biais, voire les corriger.

Cette approche a été menée sur un jeu de données de CMR recueilli entre décembre 2008 et juin 2012 via des sessions trimestrielles de piégeage des rongeurs dans la réserve de Bandia. On cherche ici à utiliser la capacité des SMA à représenter une réalité complexe pour appréhender le réalisme des expérimentations de CMR. Pour ce faire, on simule une population sauvage de rongeurs et un environnement les plus proches possibles de la réalité observée puis on insère dans l'environnement simulé le modèle d'une expérience de CMR afin d'étudier les facteurs qui influent sur les résultats obtenus grâce à cette méthode. Le simulateur permet également de calculer des indicateurs standards de CMR concernant le déplacement des rongeurs qui a été retenu ici comme étude de cas. Des analyses simples de sensibilité aux conditions d'expérience sont réalisées.

Matériel et méthode

1. Présentation de l'étude écologique et du protocole à représenter

Le quadrat qui a servi de cadre à l'expérience de CMR est une zone située dans la réserve de Bandia (Figure 2a). Il est de forme plus ou moins rectangulaire avec une superficie de 2,52ha au sein duquel 285 (15x19) pièges sont posés. Les sessions de piégeage durent 5 jours chacune durant lesquelles des rongeurs sont capturés et parfois recapturés avant la fin de la session. Les pièges sont relevés chaque jour. Les données brutes ont été récupérées et analysées. Les résultats de l'étude biologique ont servi de référence pour le développement du simulateur et l'analyse de ses résultats.

2. Architecture et fonctionnement du modèle

Le principe général du présent modèle est de mettre en relation la population simulée et celle échantillonnée sur le quadrat de capture et de récolter les résultats des piégeages simulés de façon identique au protocole réel. Le modèle alimente et bénéficie de la plate-forme SimMasto (http://simmasto.org) qui contient des primitives pour mettre en œuvre l'espace, l'environnement et les populations de rongeurs (Annexe 1). Pour les besoins de l'étude quatre classes ont été développées (Figure 1).

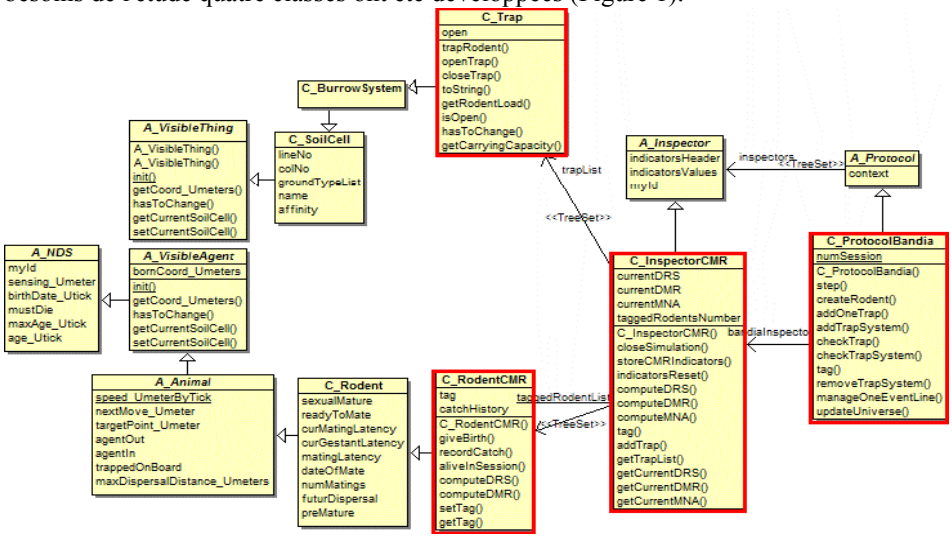


Figure 1. *Structure du modèle d'expérimentation du protocole de Capture-Marquage-Recapture (CMR). Flèches fermées: généralisation, flèches ouvertes: dépendances, C_: classe; A_: classe abstraite. Les classes traitées dans cet article sont encadrées.*

Objets pièges

Les pièges sont des objets fonctionnant de façon conforme à ceux disposés sur le terrain. Un piège est modélisé comme un contenant; la classe **Trap** hérite de la classe «terrier » (**BurrowSystem**) issue d'autres implémentations de la plate-forme [10] à laquelle elle ajoute des éléments supplémentaires tels que l'ouverture ou la fermeture automatique (annexe 1) lorsqu'un agent rongeur y pénètre.

Agents rongeurs

La classe **RodentCMR** réalise un héritage préalable des capacités biologiques de déplacement, d'interaction et de reproduction des rongeurs génériques (**Rodent**, voir Annexe 1) et les augmentent d'attributs propres tel qu'un numéro de marquage (tag) et une "histoire de capture" dans laquelle est stockée l'ensemble des événements (date et coordonnées) de capture subis. Ceci permet à chaque rongeur simulé de calculer de façon autonome ses indicateurs propres de déplacement à chaque session et de fournir les résultats à la demande de l'inspecteur (voir ci-dessous).

Système épiphyte

La classe **Inspector** fait partie du système épiphyte [6] du simulateur au sens où l'inspecteur effectue des mesures sur les résultats de simulation sans intervenir dans son fonctionnement (idéalement, la suppression de l'inspecteur ne modifie pas la performance de la simulation). L'inspecteur est chargé d'observer la simulation et de récupérer les informations utiles concernant le déroulement de la simulation pour les restituer à la demande (tableaux, graphiques). Lors du calcul des indicateurs l'inspecteur interroge chaque rongeur qui fournit la valeur de l'indicateur correspondant à son histoire propre de capture. L'inspecteur rassemble ensuite ces données pour produire les valeurs globales recherchées et les mettre à disposition. Plusieurs indicateurs standard utilisés par les chercheurs en écologie ont été reproduits, ceux décrits dans cette étude (annexe 2) apprécient la mobilité des rongeurs et sont *(i)* la distance moyenne entre les recaptures successives (N<=5) d'un rongeur au cours d'une session (DRS), *(ii)* la distance maximale entre les recaptures de chaque rongeur capturé au cours de la session (DMR).

Protocole

Le protocole est chargé de réaliser spécifiquement l'expérience de CMR en mettant en œuvre les trois classes précédentes. Il hérite de la classe abstraite **Protocol** lui permettant de gérer le déroulement de la simulation proprement dite : traiter de façon appropriée les éléments du fichier d'événements (voir ci-après), définir concrètement les agents effectivement simulés, initialiser un système d'observation composé d'un ou plusieurs inspecteurs, déclencher l'activation des agents à chaque pas de temps, mettre à jour et sauvegarder les indicateurs. La classe **ProtocolBandia** augmente ce dispositif pour permettre la réalisation d'une expérience de CMR dans un quadrat d'étude: ajout et retrait de système de pièges dans le domaine, vérification des captures et calcul des indicateurs (annexe 1).

Fichier d'événements

Le modèle a vocation à se rapprocher le plus fidèlement possible des données fournies par les biologistes. Dans le protocole informatique, un chronogramme d'événements est utilisé pour gérer le déroulement proprement dit des sessions de piégeage. Un fichier tabulaire simple des différents événements caractérisant le protocole est construit et reçu en entrée par le simulateur pour effectuer les actions souhaitées sur les pièges à des instants précis du déroulement de la simulation. Ce document est ensuite lu et traité par la classe **Protocol** du modèle.

3. Analyse de sensibilité

La probabilité pour un rongeur d'être capturé dans un piège (capturabilité) peut être paramétrée. L'analyse de sensibilité pour ce paramètre a consisté à faire varier la valeur de la probabilité de capture de 0,1 à 1 par pas de 0,05 et de récupérer ensuite, pour chaque valeur de probabilité, les données générées par le simulateur (résultats obtenus à t_{1000}). Ces répliquas sont ensuite utilisés pour calculer les indicateurs de CMR et analyser leur sensibilité à la valeur de ce paramètre.

Résultats

1. Simulation de l'expérience de Capture-Marquage-Recapture

La population de rongeurs évolue dans le milieu simulé en fonction des déplacements et des reproductions (Figure 2).

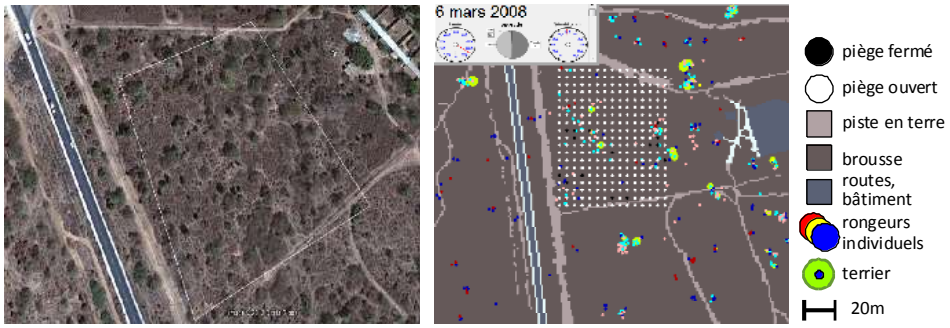


Figure 2. *A gauche : image satellite du site d'étude (14°33'21"N, 17°1'0.3"W) avec la délimitation du quadrat à représenter (image Google Earth, résolution 2m, juillet 2013). A droite : extrait de simulation, points blancs: pièges vides, noirs: rongeur piégé. Les rongeurs sont représentés suivant un code de couleur en fonction de leur sexe (mâle ou femelle) et de leur état (juvénile, mature).*

Un quadrat de pièges est posé dans la réserve simulée. Lorsque les rongeurs rencontrent un piège, ils peuvent y être capturés en fonction d'un taux paramétrable de capturabilité.

2. Analyse de sensibilité

L'analyse de sensibilité du modèle a porté principalement sur l'influence de la capturabilité des pièges sur les deux indicateurs décrivant la dispersion et le domaine vital des rongeurs (Figure 3).

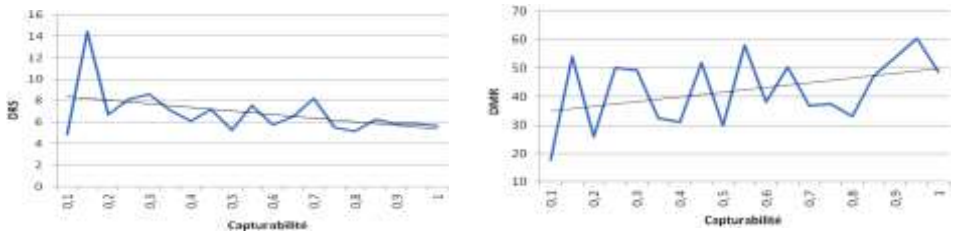


Figure 3. *Variation des deux indicateurs de mobilité des rongeurs simulés en fonction de la valeur du taux de capturabilité. A gauche, DRS: Distance entre recaptures successives, à droite, DMR: distance maximale de recapture. Les valeurs représentées sont les moyennes des résultats obtenus par chaque individu lors du 1000ème pas de temps de la simulation. Les valeurs présentées concernent la même simulation (tous les générateurs de nombres aléatoires ont leur graine fixée).*

Plus la probabilité de capture d'un rongeur est élevée et plus la DRS diminue ce qui n'était pas anticipé ni décrit dans la littérature. Ce résultat correspond au fait que plus la capturabilité est forte, plus le rongeur est recapturé près de l'endroit où il a été relâché: il n'a pas alors l'occasion de faire de longs déplacements entre 2 captures, ce qui entraîne ainsi une DRS faible. Inversement, la DMR montre une augmentation proportionnelle à la capturabilité. Ce résultat peut s'expliquer par le fait que si la capturabilité est forte, les rongeurs effectuant les plus grands déplacement auront plus de chance d'être capturés aux extrémités de leur parcours. Ces deux résultats ne sont pas incompatibles, car en cas de captures fréquentes (capturabilité élevée) une succession de petits déplacements éloignant progressivement le rongeur de son point de capture initial donnera bien une DRS (moyenne entre ces déplacements successifs) faible et une DMR (distance entre les points de capture les plus éloignés) forte.

Discussion

Le modèle et son simulateur reflètent une dynamique spatio-temporelle rendant compte de la variabilité individuelle et de l'hétérogénéité de l'environnement: Les qua-

drats sont effectivement placés au sein de populations anisotropes; les outils géographiques et informatiques offrent une représentation conforme du quadrat d'étude de Bandia; l'utilisation d'un fichier d'événements permet d'assurer que le protocole est conforme pour les biologistes; les indicateurs calculés sont standards et précisément identifiés ce qui permet une comparaison entre les résultats de terrain et le modèle.

Bien qu'elle vise à être le plus fidèle possible à la réalité, la modélisation informatique ne constitue cependant qu'une approximation de ce qui se passe réellement sur le terrain. Par exemple, la taille de la population initiale est inconnue et cela constitue un problème quasi-indécidable sur le nombre d'individus à simuler pour représenter une population conforme. D'autre part, la programmation peut générer des artefacts liés au codage ou au modèle opérationnel [12].

Le couplage du modèle à l'analyse de sensibilité permet cependant de révéler des connaissances reconnues utiles par les biologistes sur la nature réelle de la CMR et sa sensibilité à divers paramètres bioécologiques. D'autre part, le modèle informatique permet de générer de nombreux répliquas dans des conditions variées là où l'expérimentation intense n'est pas possible.

Bien que potentiellement intéressants car amenant à des résultats contre-intuitifs (cf. la relation inverse entre DRS et capturabilité), les résultats obtenus dans cette étude ne sont encore qu'indicatifs. Il est nécessaire de consolider les analyses de sensibilité en multipliant les répétitions pour chaque valeur de capturabilité pour permettre le calcul d'estimateurs statistiques rendant les conclusions plus robustes.

Remerciements

Les auteurs remercient Khalilou Bâ et Youssoupha Niang pour leur importante contribution au recueil des données sur le terrain.

Bibliographie

[1] Bâ K. (2002) Systématique, écologie et dynamique de populations de petits rongeurs potentiellement réservoirs ou hôtes de virus au Sénégal. Mém. diplôme EPHE, Montpellier, 126 p.

[2] Bommel P. (2009).Définition d'un cadre méthodologique pour la conception de modèle multi-agents adaptée à la gestion des ressources renouvelables, Thèse de Doctorat en Informatique de l'Université de Montpellier 2

[3] DeAngelis D. L., Mooij W. M. (2003). In praise of mechanistically-rich models. In: Canham C. D., Cole J. J., Lauenroth W. K. (Eds.), *Models in Ecosystem Science*. Princeton University Press, Princeton, New Jersey, pp. 63–82.

[4] Duplantier J. M., Orsini P., Thohari M., Cassaing J. et H.Croset, (1984) Echantillonnage des populations de Muridés : influence du protocole de piégeage sur l'estimation des paramètres démographiques. *Mammalia*, t. 48, no 1: 130-141

[5] Ferber J., (1995). *Les systèmes multi-agents: vers une intelligence collective*. InterEditions, Paris

[6] Giroux S., Pachet F., Paquette G. et Girard J. (1995) Des Systèmes Conseillers Epiphytes, *Revue d'Intelligence Artificielle*, 9(2):165-190,1995.

[7] Granjon L. (1987) Évolution allopatrique chez les Muridés : mécanismes éco-éthologiques liés au syndrome d'insularité chez Mastomys et Rattus. Thèse de doctorat, Université des Sciences et techniques de Languedoc, Montpellier : 163p.

[8] Hubert B. (1977) Écologie des populations de rongeurs de Bandia (Sénégal), en zone sahélo-soudanienne. *Terre et Vie Revue Ecologie A.*, 31 : 33-100.

[9] Lebreton J. D., Burnham K. P., Clobert J. and Anderson D. R. (1992) Modeling survival and testing biological hypotheses using marked animals: a unified approach with case studies. *Ecological Monographs*, 62(1): 67-118

[10] Longueville J. E. (2011). Modélisation spatialisée de la variabilité génétique de populations de rongeurs sauvages dans un paysage explicite. Rapp. Master 2, EEB, Univ. Lyon I, 46p.

[11] Mboup P.A. (2012) Construction d'un environnement de simulation multi-agents pour l'étude de la diffusion du rat noir au Sénégal au cours du siècle écoulé, Rapport de stage Master 2, Univ. Cheikh Anta Diop de Dakar, 42p

[12] Meurisse T. (2004). Simulation multi-agent : du modèle à l'opérationnalisation. Thèse de Doctorat, Université de Paris 6: 142.

[13] North M. J., Collier N. T., Ozik J., Tatara E., Altaweel M., Macal C. M., Bragen M., and Sydelko P. (2013) Complex Adaptive Systems Modeling with Repast Simphony. *Complex Adaptive Systems Modeling*, Springer, Heidelberg, FRG

[14] Pike D. A., Lígia P., Pike B. A. and Shine R. (2008). Estimating survival rates of uncatchable animals : The myth of high juvenile mortality in reptiles. *Ecology* 89:607–611

[15] Spitz F. (1969) L'échantillonnage des populations de petits mammifères, problèmes d'écologie ? *L'échantillonnage des peuplements animaux des milieux terrestres*. Masson, Paris: 153-188.

ANNEXE 1 – sous-modèles

Représentation des agents rongeurs

Cette étude est intégrée dans le projet SimMasto (http://simmasto.org/) [10] [11], une plate-forme générique de simulation informatique dédiée à l'étude des rongeurs en général et s'appuyant sur l'environnement de simulation Repast-Simphony (http://repast.sourceforge.net/) [13]. Elle bénéficie de ce fait des primitives développées dans ce cadre pour la modélisation de populations de rongeurs sauvages.

L'espace de simulation est décomposé en cellules de sol (ou patches) qui peuvent abriter un ou plusieurs agents mobiles, un ou plusieurs terriers. Chaque patch est également caractérisée par un degré d'affinité qui peut être interprété comme une variable d'habitat (*i.e.*, habitat plus ou moins favorable à l'alimentation des individus et au creusement des terriers). Chaque rongeur est caractérisé par son âge, sa localisation géographique, son sexe, son état physiologique (mature / immature, gravide / non gravide). Certaines caractéristiques varient avec le temps, en particulier l'âge, l'état physiologique et la localisation géographique. Les rongeurs peuvent se déplacer dans leur environnement et interagir avec d'autres agents. Ils peuvent se comporter différemment en fonction (*i*) de certaines de leurs caractéristiques propres (notamment leur sexe et leur état physiologique), (*ii*) de celles des autres agents mobiles avec lesquels ils entrent en interaction et (*iii*) des caractéristiques de leur environnement.

Comportement : Le comportement des rongeurs est formalisé selon le schéma perception-délibération-décision-action [5] qui leur permet de choisir parmi les opportunités disponibles en fonction de leur objectif. Les rongeurs sont dirigés par deux objectifs. En situation courante ils cherchent à se positionner dans les aires les plus favorables ; en saison de reproduction les mâles cherchent à s'accoupler dès qu'ils perçoivent une femelle réceptive et cet objectif devient prioritaire.

Déplacement : Les agents mobiles peuvent quitter leur colonie de naissance, événement qui dépend de leur sexe, âge, état physiologique, de la saturation du terrier. Les mâles quittent le terrier lorsque le sevrage est terminé ou l'accouplement a été réalisé. Les femelles quittent également le terrier lorsqu'il est saturé. Un agent parvenant dans un milieu homogène ne se déplacera pas plus loin en l'absence de stimulation externe comme l'arrivée d'un autre rongeur ou l'ouverture d'un terrier dans son champ de perception.

Actions réalisées par le protocole

En fonction des événements reçus dans le fichier des événements, le protocole peut déclencher notamment les trois actions suivantes :

- **Ajouter un système de piège** : Le protocole se charge durant cette période de poser tous les pièges sur le raster. Ici, les pièges ne sont pas placés de manière aléatoire mais grâce à leurs coordonnées. Tous les pièges sont en effet repérés soit par leurs coordonnées cartésiennes, soit par leurs coordonnées sur le raster (ligne et colonne). Cette étape dure 1 jour simulé (1 pas de temps).
- **Contrôler les pièges** : dans ce cas, le protocole doit *(i)* vérifier si des rongeurs ont été capturés dans des pièges, *(ii)* marquer ces rongeurs capturés par un numéro (tag) s'ils n'ont jamais été capturés, sinon conserver leur ancien numéro qui constituera leur identifiant durant tout le reste de l'étude, *(iii)* libérer les rongeurs capturés.
- **Retirer le système de pièges**: C'est l'événement correspondant au dernier jour de piégeage. Le protocole enlève tous les pièges du raster après avoir réalisé un dernier contrôle pour relever les informations concernant les derniers rongeurs piégés peu avant d'enlever les pièges. Il fait calculer et relever à l'inspecteur toutes les informations relatives à la session de capture. Les indicateurs calculés sont ici la distance de recapture successive (DRS) de chaque rongeur, sa distance maximale de recapture (DMR) ainsi que le nombre minimum d'individus vivant sur le quadrat lors de la session de piégeage (non présenté dans cette étude)

Modélisation des pièges

La classe "piège" dispose spécifiquement ou par héritage de sa classe mère "terrier" de caractéristiques permettant à un piège de :

- Contenir des rongeurs
- Libérer les rongeurs qu'il héberge
- Fixer sa capacité de contenance en rongeurs
- Ajouter ou enlever un agent dans sa liste d'agent
- Renseigner sur sa position exacte c'est-à-dire ses coordonnées
- Etre placé et relevé au besoin

Certaines fonctions ont été définies ou surchargées spécifiquement pour décrire un piège. Ainsi, contrairement à ce qui concerne plutôt les terriers, il faut noter que :

- Les pièges sont posés et relevés à la demande du protocole qui décide du moment de la pose, de la vérification ou de la relève des pièges en fonction du fichier d'événements.
- Ils ne sont pas disposés de manière aléatoire mais en fonction de leur coordonnée (ligne et colonne) sur le quadrat.
- Un piège n'est ouvert que lorsqu'il est vide. Il se ferme automatiquement à la capture d'un rongeur.

L'entrée d'un rongeur entraîne automatiquement la fermeture du piège. Un rongeur ne peut être capturé dans un piège que sous certaines conditions ; pour qu'un rongeur soit capturé, il faut que :

- Le piège soit ouvert,
- le rongeur soit libre c'est-à-dire qu'il ne soit ni dans un autre piège ni dans un terrier,
- le piège n'ait pas atteint sa capacité de charge maximale de rongeur (dans la réalité, plusieurs rongeurs peuvent se retrouver simultanément capturés dans le même piège,
- la probabilité pour que le rongeur entre dans le piège soit supérieure ou égale à une probabilité fixée par le simulateur : la capturabilité du piège pour cette espèce de rongeurs.

Si ces conditions sont réunies, alors le rongeur peut être capturé par le piège le plus proche (le rongeur dispose d'une capacité de perception des éléments de son voisinage).

Marquage des rongeurs

Comme toute étude de CMR, les individus capturés doivent être obligatoirement marqués pour pouvoir être identifiés à la recapture. Le marquage des rongeurs se fait par attribution d'un numéro de 'tag' après chaque première capture. Ce numéro sera incrémenté (par l'inspecteur) à chaque nouvelle capture.

Après sa capture, on vérifie si le rongeur n'a pas encore été marqué. Si non, on lui attribue un numéro de marquage; si oui, on conserve son ancien numéro. Après capture et marquage, le rongeur est relâché mais il peut être recapturé ultérieurement au cours d'une session suivante.

ANNEXE 2 - Présentation des indicateurs clés utilisés en écologie avec le protocole CMR

L'étude des déplacements d'un individu capturé plusieurs fois au cours d'une session de piégeage permet d'appréhender son domaine vital qui est l'espace où un animal vit ordinairement et où il trouve l'essentiel de ses besoins vitaux.

Le domaine vital est la surface traversée par l'individu pendant ses activités normales de recherche de nourriture, de reproduction et de soins aux jeunes. Deux indicateurs permettant d'estimer ce facteur à partir d'un protocole de CMR ont été reconstitués dans le modèle :

La distance entre recaptures successives (DRS)

La DRS est la moyenne des distances linéaires entre points de capture successifs d'un animal dans une même session de piégeage [15]. C'est un indice de déplacement permettant de comprendre et de caractériser la dynamique spatiale des populations. Il sert aussi à corriger la surface utilisée pour le calcul de la densité. A partir du tableau d'histoire des captures, la DRS des rongeurs capturés plus de deux fois dans la même session est déterminée à la fin de chaque session. Cet indicateur permet ainsi d'estimer le déplacement moyen de chaque rongeur capturé au cours de la session. Les moyennes de DRS de catégories d'individus (mâles, femelles, juvéniles, adultes) peuvent également être établies et comparées pour une session donnée ou entre sessions.

La distance maximale de recapture (DMR)

La DMR est la distance entre les captures les plus éloignées d'un individu au cours d'une session [15]. Elle constitue un indice permettant d'estimer le déplacement maximal d'un rongeur au cours d'une session, souvent considéré comme le grand axe de son domaine vital "instantané". La DMR n'est cependant pas influencée par le nombre de captures de l'individu car elle ne dépend que des deux points de captures les plus éloignés.

Ces deux indicateurs sont calculés sur la fraction de la population dont les individus sont capturés au moins deux fois au cours d'une session.

Solutions to a Riemann problem at a junction of two reaches

M. S. GOUDIABY[1] – M. L. DIAGNE[1, 2] – B. M. DIA[1, 3]

[1]Laboratoire d'Analyse Numérique et Informatique,
Université Gaston Berger, Saint-Louis, Sénégal
Email: samsidy@yahoo.fr.

[2] UMR Mistea, 2 place Pierre Viala, 34060 Montpellier Cedex 2, France.
Email: couragelamine@gmail.com.

[3] SRI - Center for Uncertainty Quantification in Computational Science & Engineering
CEMSE, King Abdullah University of Sciences and Technology,
Thuwal 23955-6900, Kingdom of Saudi Arabia
E-mails: mansourben2002@yahoo.fr, benmansour.dia@kaust.edu.sa.

RÉSUMÉ. Nous étudions dans ce papier un problème de Riemann au niveau de la jonction de deux biefs. Les équations de Saint-Venant sont considérées dans chaque bief et des conditions particulières au niveau de la jonction. L'écoulement dans le canal est sous-critique. Nous avons montré, à l'aide d'une condition, que le problème de Riemann admet une solution unique. Cependant la condition n'est pas toujours vérifiée, autrement dit, l'existence d'une solution de Riemann, pour le problème considéré, n'est pas toujours garantie.

ABSTRACT. In this paper, we study a Riemann problem at a junction of two reaches. We consider the 1D Saint-Venant equations in each reach combined with particular conditions at the junction of the two reaches. The flow in the canal system is assumed to be subcritical. We have shown under a certain condition that the Riemann problem has a unique solution. However such a condition is not always satisfied, meaning that there are states where no solution to the Riemann problem can be found.

MOTS-CLÉS : Problème de Riemann, Equations de Saint-Venant, Systèmes hyperboliques, Canal à ciel ouvert.

KEYWORDS : Riemann problem, Saint-Venant equations, hyperbolic systems, open canal network.

1. Introduction

The so-called Saint-Venant equations are nonlinear system of one dimensional partial differential equations established by *Barré de Saint-Venant* in [1]. They are composed by a mass and momentum balance laws. In water management problems, these equations are often used as a fondamental tool to describe the dynamics of canals and rivers.

These equations are used in different type of configuration, involving sometimes also different type of junctions where several canals are interconnected. Among the configurations, we have star and cascade networks modeled as junction of canals, see [12], [15], [11] and reference cited therein. Concerning the junctions, they are originally derived by engineers and physical reasons motivate different choices of conditions, see [11]-[14]. In the present paper, we consider a canal with two reaches interconnected at a junction and assumed that the flow is subcritical. We use the conservation of mass and the non equality of water levels at the junction. An example involving such conditions is a cascade network [11].

When it comes to solve mathematical models involving discontinuities such as junctions, Riemann solvers are often used in order to handle correctly these discontinuities. Indeed discontinuities occur even when solving nonlinear models without junctions. These solvers are also used by numerical methods such as finite volumes and finite elements. Riemann problems have been, for a longtime, considered in the litterature for different types of problems among which : shallow water equations [2]-[4], gas networks [5]-[6] and traffic flows [7]-[8].

In this paper, we are inspired by the approach of [3]. The canal system and junction conditions considered in the present paper are different to those of [3]. A Riemann problem is formulated at a junction of two reaches. The solution to the Riemann problem is obtained through intersections of curves in state space. A condition ensuring the existence of a unique solution and an algorithm for computing the solution are given. However, there are states where no solution to the Riemann problem can be found.

2. Governing equations

Consider the configuration depicted at Fig. 1. The canal has a prismatic section of unit width and is modeled by 1D Saint-Venant equations in each reach together with junction conditions at M. The reaches before and after the junction are indexed by 1 and 2, respectively. The parameters are : h_i the height of the fluid column (m), v_i the flow $(m \cdot s^{-1})$, L_i the length of the canal (m). The governing equations are

$$\frac{\partial u_i}{\partial t} + \frac{\partial}{\partial x} f_i(u_i) = 0, \quad \text{where} \quad u_i = \begin{pmatrix} h_i \\ v_i \end{pmatrix} \quad \text{and} \quad f_i(u_i) = \begin{pmatrix} v_i h_i \\ \dfrac{v_i^2}{2} + g h_i \end{pmatrix}. \quad (1)$$

Here g is the gravity constant. The Jacobian matrix of f_i and its eigenvalues are

$$f_i'(u_i) = \begin{pmatrix} v_i & h_i \\ g & v_i \end{pmatrix}, \qquad \lambda_{i1} = v_i - \sqrt{g h_i}, \qquad \lambda_{i2} = v_i + \sqrt{g h_i}, \quad (2)$$

We consider a subcritical flow, a flow for which the speed v_i of the fluid is smaller than the speed $\sqrt{g h_i}$ of the gravity waves :

$$v_i < \sqrt{g h_i}. \quad (3)$$

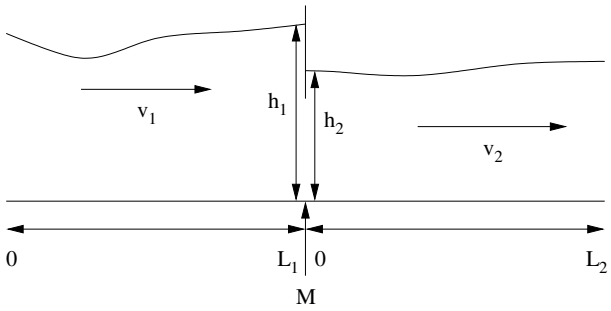


Figure 1. *The canal system.*

When a subcritical flow is considered, the eigenvalues $\lambda_{ij},\ j = 1, 2$ defined in (2) are of opposite sign and therefore there are two waves propagating in opposite directions. Note that critical cases are cases where states satisfy

$$v_i = \pm\sqrt{gh_i}. \tag{4}$$

The original shallow water equations are applied to both sides of the discontinuity but sometimes it is quite impossible to link these sides by using only the original equations. Instead, special conditions depending on the nature of the discontinuity are used. In our case, we have

$$h_1 v_1 = h_2 v_2, \tag{5}$$

$$h_1 > h_2. \tag{6}$$

These conditions express the conservation of mass and the non equality of water levels. A situation involving such conditions can be found in [11]. We consider, for simplicity, the following case of the water levels condition (6) :

$$h_1 = h_2 + \bar{h}, \tag{7}$$

where $\bar{h}$ is a constant given value.

In the sequel, we give rarefaction and shock curves from which the solution to the Riemann problem is obtained. More details can be found in [2], [9] and [10].

Rarefaction curves are computed using integral curves of right eigenvectors of the Jacobian of f_i. They determine the states u_i that can be connected to the initial state u_{i0} by physically correct rarefaction waves. They are

$$\mathcal{R}_1(u_{i0}) = \left\{ u_i \mid \quad v_i(h_i) = v_{i0} - 2\left(\sqrt{gh_i} - \sqrt{gh_{i0}}\right),\ \text{for}\ h_i < h_{i0} \right\}, \tag{8}$$

and

$$\mathcal{R}_2(u_{i0}) = \left\{ u_i \mid \quad v_i(h_i) = v_{i0} + 2\left(\sqrt{gh_i} - \sqrt{gh_{i0}}\right),\ \text{for}\ h_i < h_{i0} \right\}, \tag{9}$$

with initial condition $u_{i0} = u_i(x, 0) = (h_{i0}, v_{i0})$.

The Rankine-Hugoniot jump condition is used to determine shock curves. These shock curves determine the set of all states u_i that can be connected to the initial state u_{i0} by physically correct shock waves. They are

$$\mathcal{S}_1(u_{i0}) = \left\{ u_i \mid \quad v_i(h_i) = v_{i0} - \sqrt{\frac{2g}{h_i + h_{i0}}}(h_i - h_{i0}),\ \text{for}\ h_i > h_{i0} \right\}, \tag{10}$$

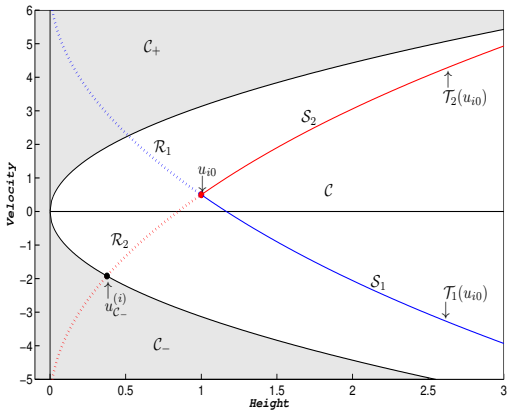


Figure 2. *Wave curves of state u_{i0}, $\mathcal{C}$ is a the subcritical region while $\mathcal{C}_-$ and $\mathcal{C}_+$ are non-subcritical regions.*

and

$$\mathcal{S}_2(u_{i0}) = \left\{ u_i \mid \quad v_i(h_i) = v_{i0} + \sqrt{\frac{2g}{h_i + h_{i0}}}(h_i - h_{i0}), \text{ for } h_i > h_{i0} \right\}. \tag{11}$$

Any given initial state u_{i0} is connected to the left and to the right by physically correct waves (rarefactions or shocks). Let consider the wave curves of first and second family defined as

$$\mathcal{T}_i(u_{i0}) = \mathcal{R}_i(u_{i0}) \cup \mathcal{S}_i(u_{i0}). \tag{12}$$

Curves of rarefaction and of shock are shown in Figure 2. The areas $\mathcal{C}_-$ and $\mathcal{C}_+$ (gray areas in Fig.2) contain states safisfying $v_i \leq -\sqrt{gh_i}$ and $v_i \geq \sqrt{gh_i}$, respectively. These are regions where the subcritical condition (3) is not satisfied. Therefore, any states in these regions will not be considered as an admissible states and thus will be rejected. Only states that are in region $\mathcal{C}$ (white area in Fig.2) are accepted because they satisfy the subcritical condition. The state $u_{\mathcal{C}_-}^{(i)}$ is the intersection between the wave curve $\mathcal{T}_2$ and the critical curve $\{v_i = -\sqrt{gh_i}\}$, and is, following the ideas of Lemma 3.3 in [3], given as follows

$$h_{\mathcal{C}_-}^{(i)} = \frac{1}{g}\left(-\frac{1}{3}v_{i0} + \frac{2}{3}\sqrt{gh_{i0}}\right)^2 \quad \text{and} \quad v_{\mathcal{C}_-}^{(i)} = -\sqrt{gh_{\mathcal{C}_-}^{(i)}} = \frac{1}{3}v_{i0} - \frac{2}{3}\sqrt{gh_{i0}}. \tag{13}$$

3. The Riemann problem

In order to state the Riemann problem, we rewrite (1) in the following form involving the junction M :

$$\begin{cases} \dfrac{\partial u_1}{\partial t} + \dfrac{\partial}{\partial x} f_1(u_1) = 0, & x < M, \\ \dfrac{\partial u_2}{\partial t} + \dfrac{\partial}{\partial x} f_2(u_2) = 0, & x > M. \end{cases} \tag{14}$$

Recall that at the junction M, we have :

$$h_1 v_1 = h_2 v_2, \tag{15}$$

$$h_1 = h_2 + \bar{h}. \tag{16}$$

Then, the Riemann problem at the junction M is given by (14)-(16) together with the initial condition as Riemann data :

$$u_1(0,x) = u_{10}, \quad x < M, \qquad u_2(0,x) = u_{20}, \quad x > M. \tag{17}$$

The solution to this Riemann problem consists of two states separated by the intermediate states u_{1*} and u_{2*} satisfying (15)-(16). Furthermore, u_{1*} and u_{2*} are connected to the Riemann data through physically correct wave curve, i.e

$$u_{1*} \in \mathcal{T}_1(u_{10}) \quad \text{and} \quad u_{2*} \in \mathcal{T}_2(u_{20}) \tag{18}$$

where $\mathcal{T}_1$ and $\mathcal{T}_2$ are defined in (12). We rewrite the mass conservation condition by using (16) in (15) to get

$$v_1 = \frac{h_2}{h_2 + \bar{h}} v_2. \tag{19}$$

It is straightforward, from (19), to show that if u_2 is subcritical, the state u_1 is also subcritical.

3.1. The junction curve

Solving the Riemann problem is reduced to looking for intersections between curves : wave and junction curves. The wave curves are already known (see (12)) and the junction curve comes from the compatibility conditions (7) and (15) together with wave curves. Thanks to (16) and (19), when u_2 follows the wave curve $\mathcal{T}_2(u_{20})$, the junction curve, denoted by $\mathcal{J}(u_{20})$ is given by :

$$\mathcal{J}(u_{20}) = \left\{ u \,|\quad h = h_2 + \bar{h}, \quad v = \frac{h_2}{h_2 + \bar{h}} v_2, \quad (h_2, v_2) \in \mathcal{T}_2(u_{20}) \right\}. \tag{20}$$

Let us recall from (9) and (11) that $(h_2, v_2) \in \mathcal{T}_2(u_{20})$ implies

$$v_2(h_2) = \begin{cases} v_{20} + 2\left(\sqrt{g h_2} - \sqrt{g h_{20}}\right), & \text{if} \quad h_2 < h_{20}, \quad (a) \\ v_{20} + \sqrt{\dfrac{2g}{h_2 + h_{20}}}(h_2 - h_{20}), & \text{if} \quad h_2 > h_{20}. \quad (b) \end{cases} \tag{21}$$

Therefore, the junction curve gives states (h, v) satisfying

$$h(h_2) = h_2 + \bar{h}, \qquad v(h_2) = \frac{h_2}{h_2 + \bar{h}} v_2(h_2), \qquad h_2 > 0. \tag{22}$$

In order to give a description of $\mathcal{J}(u_{20})$, let us consider the following result :

Lemma 1 *Let assume that u_2 is along the shock portion of the wave curve of the second family, i.e $(h_2, v_2(h_2))$ satisfies (21.b). Therefore, if the subcritical condition is satisfied, one has*

$$v'(h_2) > 0, \qquad \forall\, h_2 > h_{20}. \tag{23}$$

The proof of Lemma 1 and that of next Lemma giving the description of the junction curve are given in the Appendix.

Lemma 2 *The junction curve is given by a function which is decreasing in* $]\bar{h}, h_{min}]$ *and increasing in* $[h_{min}, +\infty[$ *where* h_{min}

$$h_{min} = \bar{h} + h_{2,min}, \tag{24}$$

where $h_{2,min}$ *is the minimum of the function* $v(h_2)$ *and is given by*

$$h_{2,min} = \frac{1}{g}\left[\left(-\frac{q}{2} + \frac{1}{2}\sqrt{\frac{-\Delta}{27}}\right)^{\frac{1}{3}} + \left(-\frac{q}{2} - \frac{1}{2}\sqrt{\frac{-\Delta}{27}}\right)^{\frac{1}{3}}\right]^2. \tag{25}$$

Here,

$$q = g\bar{h}(v_{20} - 2\sqrt{gh_{20}}) < 0, \qquad \Delta = -\big(27q^2 + 4(3g\bar{h})^3\big) < 0. \tag{26}$$

The junction curve decreases from

$$\lim_{h_2 \to 0^+} v(h_2) = 0 \quad \textit{to} \quad v_{min} = v(h_{2,min}) \tag{27}$$

and increases from

$$v_{min} = v(h_{2,min}) \quad \textit{to} \quad \lim_{h_2 \to +\infty} v(h_2) = +\infty. \tag{28}$$

Example 1 Let us consider the following parameters :

$$u_{10} = \begin{pmatrix} 1 \\ 2 \end{pmatrix}, \qquad u_{20} = \begin{pmatrix} 1.6 \\ 1.2 \end{pmatrix}, \qquad \bar{h} = 0.5. \tag{29}$$

Fig.3(a) shows wave curves $\mathcal{T}_1(u_{10})$ and $\mathcal{T}_2(u_{20})$, the junction curve $\mathcal{J}(u_{20})$ and u_{min} the maximum state on the junction curve, which is given in Lemma 2.

3.2. Solution to the Riemann problem

Let us recall that we are solving the Riemann problem (14)-(17). The intermediate states in the solutions to the Riemann problem are determined thanks to the intersections of $\mathcal{J}(u_{20})$ and $\mathcal{T}_1(u_{10})$ (see Fig.3). These intersections solve the following equation

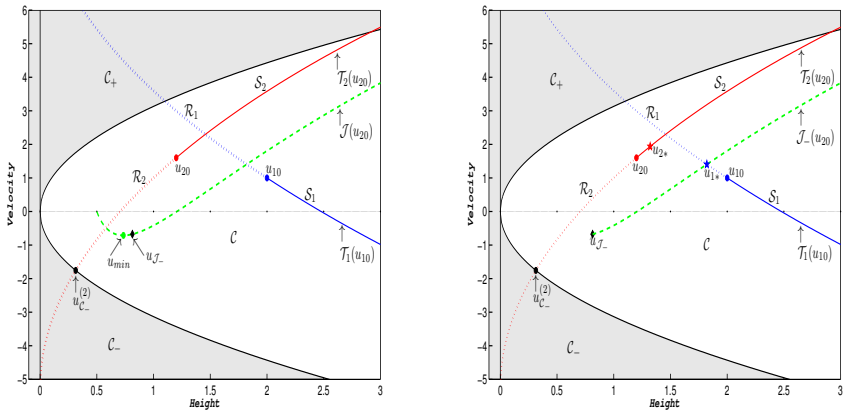
$$v_1(h_2 + \bar{h}) - \frac{h_2}{h_2 + \bar{h}} v_2(h_2) = 0, \tag{30}$$

where v_2 is given in (21) and v_1 is, from (8) and (10), defined as

$$v_1(h_1) = \begin{cases} v_{10} - 2\left(\sqrt{gh_1} - \sqrt{gh_{10}}\right), & \text{if} \quad h_1 < h_{10}, \quad (a) \\ \\ v_{10} - \sqrt{\dfrac{2g}{h_1 + h_{10}}}(h_1 - h_{10}), & \text{if} \quad h_1 > h_{10}. \quad (b) \end{cases} \tag{31}$$

Note the wave curve of second family $\mathcal{T}_2(u_{20})$ contains both subcritical and non subcritical states since it crosses the critical curve $\{v_1 = \sqrt{gh_1}\}$. The crossing point is $u^{(2)}_{\mathcal{C}_-}$, see (13). Let us denote by $u_{\mathcal{J}_-}$ the corresponding state of $u^{(2)}_{\mathcal{C}_-}$ along $\mathcal{J}(u_{20})$. Therefore

$$h_{\mathcal{J}_-} = h^{(2)}_{\mathcal{C}_-} + \bar{h}, \qquad v_{\mathcal{J}_-} = \frac{h^{(2)}_{\mathcal{C}_-}}{h^{(2)}_{\mathcal{C}_-} + \bar{h}} v_2(h^{(2)}_{\mathcal{C}_-}). \tag{32}$$



(a) (b)

Figure 3. *(a) Wave and junction curves, maximum state u_{min} of $\mathcal{J}(u_{20})$ and $u_{\mathcal{J}_-}$ the corresponding state of $u^{(2)}_{\mathcal{C}_-}$ along $\mathcal{J}(u_{20})$. (b) The portion of $\mathcal{J}_-(u_{20})$ giving subcritical solution and the intermediate states u_{1*} and u_{2*} in the Riemann solution.*

The state $u_{\mathcal{J}_-}$ is shown in Fig.3 for data given in Example 1. States on the junction curve coming before $u_{\mathcal{C}_+}$ correspond to states on the wave curve $\mathcal{T}_1(u_{10})$ that are not subcritical. Therefore those states are not considered as valid states in the solution of the Riemann problem. The possible Riemann solutions come only from states after $u_{\mathcal{J}_-}$ and their corresponding states along $\mathcal{T}_2(u_{20})$. Denote this part of the junction curve by

$$\mathcal{J}_-(u_{20}) = \left\{ u \,|\quad h = h_2 + \bar{h}, \quad v = \frac{h_2}{h_2+\bar{h}} v_2, \quad (h_2, v_2) \in \mathcal{T}_2(u_{20}), \quad h_2 > h^{(2)}_{\mathcal{C}_-} \right\}. \quad (33)$$

The curve $\mathcal{J}_-(u_{20})$ and the intermediate states u_{1*} and u_{2*} in Riemann solution are shown in Fig.3(b) for the same data as those of Example 1. In this case the u_{1*} is connected to u_{10} through a physically correct rarefaction wave and u_{2*} is connected to u_{20} through a physically correct shock wave, i.e, $(u_{1*}, u_{2*}) \in \big(\mathcal{R}_1(u_{10}), \mathcal{S}_2(u_{20})\big)$.

The following Theorem states a condition wich ensures the existence of a solution to the Riemann problem (14)-(17).

Theorem 1 *The Riemann problem (14)-(17) has a unique solution if and only if*

$$v_1(h_{\mathcal{J}_-}) > v_{\mathcal{J}_-}, \quad (34)$$

where v_1 and $(h_{\mathcal{J}_-}, v_{\mathcal{J}_-})$ are given by (31) and (32), respectively. In this case, the intermediate states in the Riemann solution, are

$$u_{1*} = \begin{pmatrix} h_{1*} \\ v_{1*} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} h_{2s} + \bar{h} \\ v_1(h_{2s} + \bar{h}) \end{pmatrix}, \; u_{2*} = \begin{pmatrix} h_{2*} \\ v_{2*} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} h_{2s} \\ v_2\big(h_{2s}\big) \end{pmatrix}, \quad (35)$$

where h_{2s} is a solution of

$$g(h_2) \equiv v_1(h_2 + \bar{h}) - \frac{h_2}{h_2+\bar{h}} v_2(h_2) = 0, \quad h_2 > h^{(2)}_{\mathcal{C}_-}. \quad (36)$$

The proof of Theorem 1 is given in the Appendix.

Remark 1 *Note that by using (31) and Lemma 2, condition (34) can be checked computationally. The condition relates the initial states u_{10} and u_{20}. After chosing the initial state u_{20}, it is always possible to choose the velocity component v_{10} of u_{10} in order to satisfy condition (34).*

4. Bibliographie

[1] B. DE SAINT-VENANT , « Théorie du mouvement non-permanent des eaux avec application aux crues des rivières et à l'introduction des marées dans leur lit, », *Comptes Rendus Academie des Sciences,* vol. 73, 148 – 154, 237 – 240, 1871.

[2] A. MARIGO, « Entropic solutions for irrigation networks », *SIAM J. Appl. Math.*, vol. 70, n° 5, 1711-1735, 2010.

[3] M. S. GOUDIABY, G. KREISS, « A Riemann problem at a junction of open canals », *J. Hyp. Diff. Eq.*, vol. 10, n° 3, 431-460, 2013.

[4] R. BERNETTI, V. A. TITAREV, E. F. TORO, « Exact solution of the Riemann problem for shallow water equations with discontinuous bottom geometry », *Journal of Computational Physics*, vol. 227, 3212-3243, 2008.

[5] M. K. BANDA, M. HERTY, A. KLAR, « Coupling conditions for gas networks governed by the isothermal Euler equations », *Netw. Heterog. Media*, vol. 1, n° 2, 295-314, 2006.

[6] R. M COLOMBO, M. GARAVELLO, « A well posed Riemann Problem for the p-System at a junction », *Netw. Heterog. Media*, vol. 1, n° 3, 495-511, 2006.

[7] R. M COLOMBO, P. GOATIN, M. D. ROSINI, « On the Modeling and Management of Traffic », *ESAIM : Math. Model. Numer. Anal.*, vol. 45, 853-872, 2011.

[8] M. GARAVELLO, B. PICCOLI, « Traffic flow on a road network using the Aw-Rascle model », *Comm. Partial Differential Equations*, vol. 31, 243-275, 2006.

[9] R. J. LEVEQUE, « Finite Volume Methods for Hyperbolic Problems », *Cambridge Texts in Applied Mathematics,* USA, 2002.

[10] E. F. TORO, « Riemann Solvers and Numerical Methods for Fluid Dynamics : A Practical Introduction », *Springer-Verlag, Berlin*, 1999.

[11] J. DE HALLEUX, C. PRIEUR, J-M. CORON, B. D'ANDRÉA-NOVEL, G. BASTIN, « Boundary feedback control in networks of open channels », *Automatica*, vol. 39, n° 8, 1365-1376, 2003.

[12] G. LEUGERING, E. J. P. GEORG SCHMIDT « On the modelling and stabilization of flows in networks of open canal, » *SIAM J. Control Optim.*, vol. 41, n° 1, 164-180, 2002.

[13] J. A. CUNGE, F. M. HOLLY, A. VERWEY « Practical Aspects of Computational River Hydraulics, » *Pitman*, Boston, 1980.

[14] M. GUGAT, G. LEUGERING, E. J. P. GEORG SCHMIDT « Global controllability between steady supercritical flows in channel networks, » *Mathematical Methods in the Applied Sciences*, vol. 27, 781-802, 2004.

[15] M. S. GOUDIABY, A. SENE, G. KREISS « A delayed feedback control for network of open canals, » *Int. J. Dynam. Control*, vol. 1, n° 4, 316-329, 2013.

Fast inversion of triangular Toeplitz matrices based on trigonometric polynomial interpolation

Skander Belhaj[*,**] — Marwa Dridi[**]

[*] Université de Manouba
Institut Supérieur des Arts du Multimédia de la Manouba (ISAMM)
Campus Universitaire de Manouba - 2010 Tunis
Tunisie
skander_belhaj@yahoo.fr

[**] Université de Tunis El Manar
ENIT - LAMSIN
BP 37, 1002 Tunis
Tunisie
dridi_marwa23@yahoo.fr

RÉSUMÉ. En utilisant l'interpolation polynomiale trigonométrique, un algorithme numérique rapide et efficace pour le calcul de l'inverse d'une matrice triangulaire de Toeplitz avec des coefficients réels a été proposé dans la littérature. La complexité de l'algorithme est de deux transformées de Fourier rapides (FFT) et d'une transformée de cosinus rapide (DCT) de $2n$-vecteurs. Dans cet article, nous présentons un algorithme avec une complexité de deux transformées de Fourier rapide (FFT) de $2n$-vecteurs pour calculer l'inverse d'une matrice de Toeplitz triangulaire avec des nombres réels et/ou complexes. Une analyse théorique de la précision est également considéré. Des exemples numériques sont donnés pour illustrer l'efficacité de notre méthode.

ABSTRACT. Using trigonometric polynomial interpolation, a fast and effective numerical algorithm for computing the inverse of a triangular Toeplitz matrix with real numbers has been recently proposed. The complexity of the algorithm is two fast Fourier transforms (FFTs) and one fast cosine transform (DCT) of $2n$-vectors. In this paper, we present an algorithm with two fast Fourier transforms (FFTs) of $2n$-vectors for calculating the inverse of a triangular Toeplitz matrix with real and/or complex numbers. A theoretical accuracy analysis is also considered. Numerical examples are given to illustrate the effectiveness of our method.

MOTS-CLÉS : Interpolation polynomiale trigonométrique, matrice triangulaire de Toeplitz, Transformation de Fourier rapide

KEYWORDS : Trigonometric polynomial interpolation, Triangular Toeplitz matrix, Fast Fourier transforms

1. Introduction

Let lT_n be an n-by-n lower triangular Toeplitz matrix :

$$lT_n = \begin{pmatrix} t_0 & & & \\ t_1 & t_0 & & \\ \vdots & \ddots & \ddots & \\ t_{n-1} & \cdots & t_1 & t_0 \end{pmatrix}, \tag{1}$$

where $(t_j)_{j=1,\ldots,n-1}$ are real and/or complex numbers. Problems related to compute the inverse of a nonsingular lower triangular Toeplitz matrix often appear in several fundamental problems of scientific computing, signal and image processing, etc [8]. To compute the inverse of a lower triangular Toeplitz matrix with real numbers, Lin, Ching and Ng [7] give an efficient numerical algorithm whose computational complexity is two fast Fourier transforms (FFTs) and one fast cosine transform (DCT) of $2n$-vectors. Other well-known algorithms, i.e. Bini's and Pan-Chen's algorithms for computing the inverse of a lower triangular Toeplitz matrix are given [4, 9].

In this paper, a new algorithm is developed for computing the inverse of a triangular Toeplitz matrix with real and/or complex numbers. The key issue of our method is to adopt the framework of approximate matrix inversion and employ techniques based on interpolation via trigonometric polynomials, following an idea proposed by Lin, Ching and Ng [7]. The complexity of our method for computing the inverse of a triangular Toeplitz matrix with real and/or complex numbers is two FFTs of $2n$-vectors. A theoretical accuracy analysis is also considered. Several numerical examples are given to illustrate the effectiveness and stability of the proposed algorithm with respect to the ones provided by the known algorithms.

The rest of this paper is organized as follows : In the next section, we give some classical results. In section 3, our algorithm is presented to compute the inverse of a triangular Toeplitz matrix with real and/or complex numbers. In Section 4, some numerical examples are introduced to show the performance of our algorithm. Finally, we make some concluding remarks in Section 5.

2. Some classical results

To make the paper self-contained we provide the following resume of Toeplitz matrices.

Definition 2.1 $T_n = [t_{ij}]_{i,j=0}^{n-1}$ is a Toeplitz matrix if $t_{ij} = t_{i+k,j+k}$ for all positive k (finite), that is, if all the entries of T_n are invariant in their shifts in the diagonal direction, so that the matrix T_n is completely defined by its first row and its first column.

Toeplitz matrix of size n is completely specified by $2n-1$ parameters, thus requiring less storage space than ordinary dense matrices. Moreover, many computations with Toeplitz matrices can be performed faster ; this is the case, for instance, for the sum and the product by a scalar. Now, we list some definitions and more advanced results.

Proposition 2.1 [1] The multiplication of a Toeplitz matrix of size n by a vector can be reduced to multiplication of two polynomials of degree at most $2n$ and performed with a computational cost of $O(n \log n)$.

Definition 2.2 $Z_f(\mathbf{c}) = Z_{f,m,n}(\mathbf{c}) = [z_{i,j}]$, for a vector $\mathbf{c} = [c_0, ..., c_{m-1}]^T$ and for a scalar $f \neq 0$, is an f-circulant $n \times n$ matrix if $z_{i,j} = c_{i-j}$ for $i \geq j$; $z_{i,j} = f c_{n+i-j}$ for $i < j$.

Definition 2.3 $lT_n = lT_n(t) = Z_0(t)$ denotes the lower triangular Toeplitz matrix with the first column t, that is, $lT_n = \sum_{i=0}^{n-1} t_i Z^i$ where $t = (t_0, ..., t_{n-1})^T$ and Z is the down-shift matrix filled with zeros, except for its first lower subdiagonal filled with ones.

Lemma 2.1 The products and inverses of f-circulant $n \times n$ matrices are f-circulant $n \times n$ matrices.

Lemma 2.2 For a lower triangular Toeplitz matrix lT_n, we define the polynomial :

$$p_n(z) = \sum_{k=0}^{n-1} t_i z^k = t_0 + t_1 z + ... + t_{n-1} z^{n-1} \tag{2}$$

Let the Maclaurin series of $p_n^{-1}(z)$ be given by

$$p_n^{-1}(z) = \sum_{k=0}^{\infty} v_k z^k, \tag{3}$$

then

$$lT_n^{-1} = \begin{pmatrix} v_0 & & & \\ v_1 & v_0 & & \\ \vdots & \ddots & \ddots & \\ v_{n-1} & \cdots & v_1 & v_0 \end{pmatrix} \tag{4}$$

Thus in order to obtain lT_n^{-1}, we only need to compute the coefficients v_k for $k = 0, 1, ..., n-1$.

Lemma 2.3 Replacing z in (2) and (3) by ρz we get $p_{n,\rho}(z) = p_n(\rho z) = \sum_{k=0}^{n-1} \left(t_k \rho^k\right) z^k$ and $p_{n,\rho}^{-1}(z) = p_n^{-1}(\rho z) = \sum_{k=0}^{\infty} \left(v_k \rho^k\right) z^k$. Equivalently, we have

$$\begin{pmatrix} t_0 & & & \\ \rho t_1 & t_0 & & \\ \vdots & \ddots & \ddots & \\ \rho^{n-1} t_{n-1} & \cdots & \rho t_1 & t_0 \end{pmatrix}^{-1} = \begin{pmatrix} v_0 & & & \\ \rho v_1 & v_0 & & \\ \vdots & \ddots & \ddots & \\ \rho^{n-1} v_{n-1} & \cdots & \rho v_1 & v_0 \end{pmatrix}$$

We note that we can choose $\rho \in (0,1)$ such that $\sum_{k=0}^{\infty} \left|v_k \rho^k\right| < \infty$.

Lemma 2.4 The inverse of the leading principal sub-matrix $lT_n(1:m, 1:m)$ is equal to the leading principal sub-matrix $lT_n^{-1}(1:m, 1:m)$ for $1 \leq m \leq n$.

3. Main results

Without loss of generality, suppose that $z = e^{-ix}$, where $i^2 = -1$ and x is a real variable, we deduce that $p_n(e^{-ix})$ is a trigonometric polynomial. One possible way to obtain v_k is to compute the Fourier coefficients of $1/p_n(e^{-ix})$: $v_k = \frac{1}{2\pi} \int_0^{2\pi} \frac{1}{p_n(e^{-ix})} e^{ikx} dx$ for $k = 0, 1 \ldots, n-1$. It is hard to compute v_k explicitly since p_n^{-1} is generally unknown. This is why we propose an approximate way to conclude p_n^{-1} as defined in (3). Let $p_\rho(\theta) = p_{n,\rho}(e^{-i\theta}) = \sum_{k=0}^{n-1} (t_k \rho^k) e^{-ik\theta} = p_\rho^{(r)}(\theta) + i p_\rho^{(i)}(\theta)$ where $p_\rho^{(r)}(\theta)$ and $p_\rho^{(i)}(\theta)$ are the real and imaginary part of $p_\rho(\theta)$, respectively. Similarly, by using (3), we have $h_\rho(\theta) \equiv p_\rho^{-1}(\theta) = \sum_{k=0}^{\infty} x(v_k \rho^k) e^{-ik\theta}$ then

$$h_\rho(\theta) = \frac{p_\rho^{(r)}(\theta) - i p_\rho^{(i)}(\theta)}{(p_\rho^{(r)}(\theta))^2 + (p_\rho^{(i)}(\theta))^2}, \tag{5}$$

Noticeably, $h_\rho^{(r)}(\theta)$ and $h_\rho^{(i)}(\theta)$ are the real and imaginary part of $h_\rho(\theta)$ which are 2π-periodic even and odd function, respectively. To obtain approximate values $\widehat{v}_k$ for v_k, $k = 0, 1, \ldots, n-1$, we interpolate $h_\rho(\theta)$ by function in $\prod_{n-1}$, where $\prod_m$ denotes the set of all even trigonometric polynomials of degree $\leq m$. We use the following equidistant points $\theta_k = \frac{2k}{n}\pi$, $k = 1, 2, \ldots, n$ as the interpolating knots to obtain efficiently $\widehat{v}_k$ by using FFTs and to approximate the original function accurately via the interpolating trigonometric polynomial. Let $\tau_{n-1}(\theta) = \sum_{k=0}^{n-1} f_k e^{-ik\theta}$ be the corresponding interpolating polynomial for $h_\rho(\theta)$. By using the interpolating condition $\tau_{n-1}(\theta_k) = h_\rho(\theta_k)$, $k = 1, \ldots, n$,

we have $\mathcal{F}(f_0, f_1, \ldots, f_{n-1}) = (h_\rho(\theta_1), h_\rho(\theta_2), \ldots, h_\rho(\theta_n))^t$ where $[\mathcal{F}]_{j,k} = e^{-2ikj/n}$. Note that $\mathcal{F}$ is the FFTs matrix and we see that if the values of $h_\rho(\theta)$, $k = 1, 2, \ldots, n$ are known, then f_k can be obtained by using one FFTs of n-vector. Finally, $\widehat{v}_k$ can obtained in $O(n)$ divisions by making use of $\widehat{v}_k = f_k \rho^{-k}$.

3.1. Algorithm and Complexity for computing the inverse of a triangular Toeplitz matrix

In the following, we give the algorithm for computing the inverse of a triangular Toeplitz matrix with real and/or complex numbers.

Algorithm 3.1

Step 0 : Based on Remark 3.1, choose $\rho \in (0, 1)$ and compute $\tilde{t_j} = \rho^j t_j$, for $j = 0, 1, \ldots, n-1$.

Step 1 : Compute $p_\rho(\theta_k) = \sum_{l=0}^{n-1} \tilde{t}_l e^{-il\theta_k}$ where $\theta_k = 2k\pi/2n$ for $k = 1, ..., 2n$.

Step 2 : Compute $h_k = \frac{p_\rho^{(r)}(\theta_k) - i p_\rho^{(i)}(\theta_k)}{(p_\rho^{(r)}(\theta_k))^2 + (p_\rho^{(i)}(\theta_k))^2}$, for $k = 1, ..., 2n$.

Step 3 : Solve $\mathcal{F}(f_0, f_1, \ldots, f_{2n-1})^t = (h_1, h_2, \ldots, h_{2n})^t$, where $[\mathcal{F}]_{j,k} = e^{-i\frac{2jk\pi}{2n}}$, $j, k = 1, 2, \ldots, 2n$. Compute $[\widehat{v}_k]_{k=0}^{n-1} = [f_k \rho^{-k}]_{k=0}^{n-1}$.

Complexity of Algorithm 3.1 In Step 1, the values of $p_\rho(\theta_k)$ for $k = 1, ..., 2n$ can be computed by one FFT$(2n)$. We make use of the FFT's matrix $[\mathcal{F}]_{j,k} = e^{-i\frac{2jk\pi}{2n}}$, $j, k = 1, 2, \ldots, 2n$. Therefore, we need about one FFT$(2n)$ for computing $\widehat{v}_k$, $k = 0, ..., n-1$ in Step 3.

Now, we compare costs among Bini's algorithm [4], revised Bini's algorithm [7], Lin-Chan-Ng's algorithm [7] and our algorithm (Algorithm 3.1) in Table 3.1.

Bini [4]	Lin-Chan-Ng [7]	revised Bini [7]	our algorithm
2 FFT(n)	2 FFT$(2n)$ + 1 DCT$(2n)$	2 FFT$(2n)$	2 FFT$(2n)$

Table 3.1. Comput. costs comparison for an $n \times n$ triangular Toeplitz matrix.

We prove that the computational cost of our algorithm for finding the inverse of a triangular Toeplitz matrix with real and/or complex numbers is less or equal than those of three well-known algorithms. Obviously, Bini's algorithm [4] requires about half cost

of the proposed method but this method is suitable when not requiring very high order of accuracy, such as in the Gauss-Seidel iteration for Toeplitz systems. In some applications, such as in [2], we need an approximation inversion as accurate as possible. In these cases, the Lin-Chan-Ng's algorithm, revised Bini's algorithm and our algorithm are more preferred.

3.2. Analysis of Algorithm 3.1 : Theoretical accuracy

Here we present a brief analysis of the theoretical accuracy of $[\widehat{v}_k]_{k=0}^{n-1}$ computed by Algorithm 3.1.

Theorem 3.1 Let the Maclaurin series of $p_n^{-1}(\rho z)$ be given by $\sum\limits_{j=0}^{\infty}(v_j\rho^j)z^j$ and $\rho \in (0,1)$ such that $\sum\limits_{j=0}^{\infty}|v_j\rho^j| < \infty$. Let $\tau_{n-1}(\theta) = \sum_{j=0}^{n-1} f_j e^{-ij\theta}$ be the interpolating polynomial for $h_\rho(\theta)$ with interpolating knots $\theta_k = \frac{2k}{n}\pi$, $k = 1, 2, \ldots, n$ and $\widehat{v}_j = f_j\rho^{-j}$. Then $|\widehat{v}_k - v_k| = O(\rho^n),\ k = 0, 1, \ldots, n-1$. More precisely,

$$\widehat{v}_k = v_k + \rho^n \sum_{j=1}^{\infty}(\rho^{(j-1)n} v_{k+jn}),\ k = 1, 2, \ldots, n-1. \tag{6}$$

Proof. Let $w = e^{-2i\pi/n}$. We have $f_k = \frac{1}{n}\sum_{j=0}^{n-1}(\sum_{l=0}^{\infty} v_l\rho^l w^{lj}) = \sum_{m=0}^{\infty} v_{k+mn}\rho^{k+mn}$. The last equality is a result of discrete orthogonality relation. Thus we have the following deducing formula : $\sum_{j=0}^{n-1} w^{-lj}w^{kj} = \sum_{j=0}^{n-1} w^{(k-l)j} = \frac{1-w^{(k-l)n}}{1-w^{k-l}}$, where

$$\frac{1-w^{(k-l)n}}{1-w^{k-l}} = \begin{cases} 0 \text{ if } k \neq l \pmod n \\ n \text{ if } k = l \pmod n \end{cases}$$

■

Remark 3.1 According to our preliminary numerical tests, we remark that $\rho = \exp(-9/n)$ and $\rho = (0.5 \times \exp(-11))^{1/n}$ are good choices for our method in real and complex cases, respectively.

To illustrate the results of Theorem 3.1, we plot in Fig. 3.1 the errors $(\log_{10}(|\hat{v} - v|))$ in finding the inverse of a triangular Toeplitz matrix with entries given by $t_k = \frac{1}{(k+1)^2},\ k = 0, 1 \ldots, 511$, $\rho = \exp(-9/n)$ and $\rho = 1$. Here v is the first column of the inverse of T_n obtained by the divide-and-conquer method [6] and $\hat{v}$ is the first column of the approximate inverse obtained by our method.

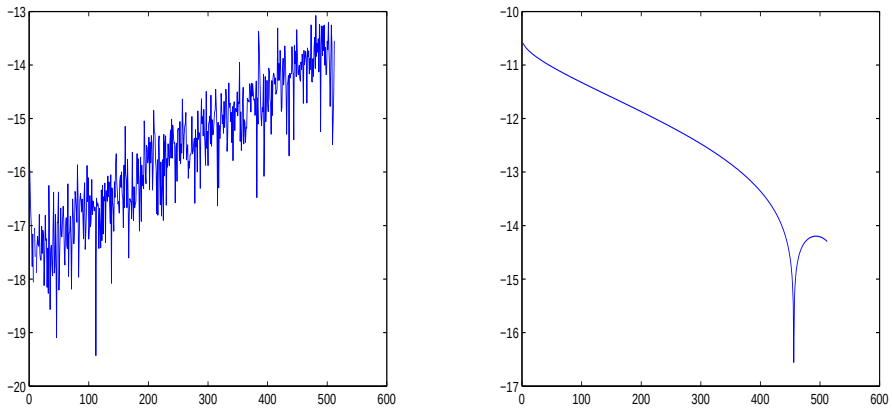


Fig. 3.1. $\log_{10}(|\hat{v} - v|)$ with $t_k = \frac{1}{(k+1)^2}$, $k = 0, 1, \ldots, 511$.
The left one is for $\rho = \exp(-9/n)$ and the right one is for $\rho = 1$.

It is clear that the numerical results coincide with the theoretical results.

4. Examples and numerical tests

In this section, we give the results of some numerical tests to illustrate the effectiveness of our algorithm. All examples were performed in MATLAB R2007a using double precision arithmetic.

Tables 4.1-4.2 give the behavior of the relative accuracy $\frac{\|\widehat{v}-v\|_1}{\|v\|_1}$ of Bini's algorithm (with real and/or complex numbers) [4], revised Bini algorithm (with real and/or complex numbers) [7], Lin-Chan-Ng's Algorithm (with real numbers solely) [7] and our algorithm (with real and/or complex numbers) for two different sequences of lower triangular Toeplitz matrices where $\widehat{v}$ is the first column of the approximate inverse and v is the column of the exact inverse computed by the divide-and-conquer method [6].

n	Bini	Interpolation	Revised Bini	Modified-Interpolation
512	2.5446×10^{-008}	5.4048×10^{-011}	1.3059×10^{-011}	2.3302×10^{-012}
1024	4.4955×10^{-008}	8.8015×10^{-011}	2.2790×10^{-011}	2.7815×10^{-012}
2048	5.2207×10^{-008}	1.0615×10^{-010}	3.3609×10^{-011}	3.7570×10^{-012}
4096	8.8215×10^{-008}	1.5081×10^{-010}	5.1190×10^{-011}	5.6812×10^{-012}

Table 4.1. $t_k = \frac{1}{(k+1)}$, $k = 0, 1, \ldots, n-1$.

n	Bini	Interpolation	Revised Bini	Modified-Interpolation
512	2.3745×10^{-008}	4.9944×10^{-011}	1.4104×10^{-011}	1.4950×10^{-012}
1024	3.7879×10^{-008}	8.6915×10^{-011}	2.1475×10^{-011}	2.2359×10^{-012}
2048	5.0758×10^{-008}	1.1980×10^{-010}	3.2501×10^{-011}	3.1058×10^{-012}
4096	8.8215×10^{-008}	1.5081×10^{-010}	5.1190×10^{-011}	5.6812×10^{-012}

Table 4.2. $t_k = \frac{1}{(k+1)^2}$, $k = 0, 1, \ldots, n-1$.

While the above sequences with real numbers (Tables 4.1-4.2) are very favorable for computing the inverse of a triangular Toeplitz matrix, they demonstrate that the proposed method (Algorithm 3.1) gives similar or best results. The following sequences with complex numbers (Tables 4.3-4.4) show the competitiveness of the proposed method.

n	Bini	Revised Bini	Modified-Interpolation
512	6.3364×10^{-009}	1.0184×10^{-010}	2.1983×10^{-011}
1024	1.1392×10^{-008}	9.8914×10^{-011}	1.6085×10^{-011}
2048	1.3366×10^{-008}	1.0350×10^{-010}	2.6875×10^{-011}
4096	2.0866×10^{-008}	1.0491×10^{-010}	7.0000×10^{-011}

Table 4.3. $t_0 = t_1 = 1 + i$, $t_k = 0$, $k = 2, 3 \ldots, n-1$.

n	Bini	Revised Bini	Modified-Interpolation
512	5.0319×10^{-008}	1.4823×10^{-010}	9.3484×10^{-011}
1024	1.0113×10^{-007}	1.8976×10^{-010}	1.8405×10^{-010}
2048	1.9431×10^{-007}	2.5356×10^{-010}	3.5098×10^{-010}
4096	4.5384×10^{-007}	4.3653×10^{-010}	7.1259×10^{-010}

Table 4.4. $t_k = \frac{1}{2} + i\left(\frac{1}{k+1}\right)$, $k = 0, 1 \ldots, n-1$.

5. Concluding remarks

In this paper, a numerical algorithm for computing the inverse of a triangular Toeplitz matrix with real and/or complex numbers are presented. We have showed that the computational cost of our algorithm for finding the inverse of a triangular Toeplitz matrix with real and/or complex numbers is less or equal than those of three well-known algorithms. A theoretical error analysis is also provided in [3].

6. Bibliographie

[1] J. Abdeljaoued, H. Lombardi : Méthodes matricielles. Introduction à la complexité Algébrique. Springer, collection "Mathématiques et applications" de la SMAI (2003).

[2] S. Belhaj, Computing the polynomial remainder sequence via Bézout matrices, J. Computational Applied Mathematics 250, 244-255 (2013).

[3] S. Belhaj and M. Dridi, A note on computing the inverse of a triangular Toeplitz matrix, Applied Mathematics and Computation 236, 512-523 (2014).

[4] D. Bini : Parallel solution of certain Toeplitz linear systems. SIAM J. Comput. 13, 268-276 (1984).

[5] D. Bini, V. Pan : Polynomial and Matrix computations. Vol.1, Fundamental Algorithms, Birkhauser (1994).

[6] D. Commenges, M. Monsion : Fast inversion of triangular Toeplitz matrices. IEEE Trans. Automat. Control AC-29, 250-251 (1984).

[7] Fu-Rong Lin, Wai-Ki Ching, M. K. Ng : Fast inversion of triangular Toeplitz matrices. Theoretical Computer Science 315, 511-523 (2004).

[8] V. Y. Pan : Structured Matrices and Polynomials. Unified Superfast Algorithms, Springer Verlag (2001).

[9] V. Y. Pan, Z. Q. Chen, Approximate real polynomial division via approximate inversion of real triangular Toeplitz matrices, Appl. Math. Letters 12, 1-2 (1999).

An inverse boundary value problem for image inpainting

Moez KALLEL* — Maher MOAKHER** — Anis THELJANI***

* IPEIT & ENIT-LAMSIN
University of Tunis El Manar
BP 37, 1002 Tunis-Belvédère
Tunisia
moez.kallel@ipeit.rnu.tn

** ENIT-LAMSIN
University of Tunis El Manar
BP 37, 1002 Tunis-Belvédère
Tunisia
maher.moakher@enit.rnu.tn

*** ENIT-LAMSIN
University of Tunis El Manar
BP 37, 1002 Tunis-Belvédère
Tunisia
thaljanianis@gmail.com

ABSTRACT. Image inpainting or disocclusion, is a classical problem in image processing. Which refers to the process of restoring a damaged image with missing information. Many variational models have appeared in the literature to solve this problem. These models give rise to partial differential equations for which Dirichlet boundary conditions are usually used. The basic idea of the algorithms that have been proposed is to fill-in damaged regions with available information from their surroundings. The aim of this work is to treat the case where this information is not available in a part of the boundary of the damaged region. The inpainting problem is formulated as an elliptic nonlinear Cauchy problem. Then, we give a Nash-game formulation of this Cauchy problem and we present different numerical experiments using the finite-element method for solving the image inpainting problem.

RÉSUMÉ. La désocclusion (inpainting) est un problème classique en analyse d'images qui consiste à retrouver des parties cachées ou endommagées d'une image. Dans la littérature, on trouve beaucoup de modèles variationnels pour résoudre ce problème. Ces modèles considèrent des équations aux dérivées partielles pour lesquelles la condition aux limites de type Dirichlet est généralement utilisée. L'idée de base dans ces algorithmes est de remplir les régions endommagées à partir des informations disponibles au voisinage de sa frontière. Le but de ce travail est de traiter le cas où cette information n'est pas disponible sur une partie de la frontière de la zone endommagée. Notre approche consiste à résoudre un problème de Cauchy non linéaire elliptique par une stratégie de jeu de Nash. Cette approche a donné lieu à un algorithme de reconstruction, qui a été suivi par une validation numérique effectuée sur plusieurs types d'images.

KEYWORDS : Image inpainting, Cauchy problem, Nash game.

MOTS-CLÉS : Désocclusion d'image, Problème de Cauchy, Jeu de Nash.

1. Introduction

In this work we address a Cauchy problem arising in image inpainting which consists in reconstructing lost or deteriorated parts of an image. Different techniques can be applied to solve this problem. For instance, partial differential equations (PDE) are widely used and are proven to be efficient (see e.g. [2]). Let Ω denote the entire image domain, the problem is to fill-in image information in the incomplete/damaged region $D \subset \Omega$ based upon the image information available outside D (i.e., in $\Omega \setminus D$). We assume that

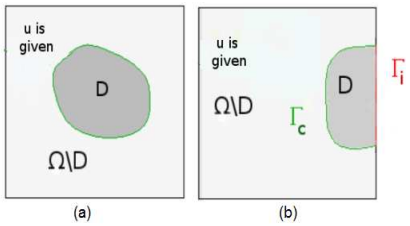


Figure 1. *Illustration of a typical inpainting problem.*

∂D is sufficiently smooth and composed of two connected components Γ_c and Γ_i. When the information is available near all the boundary $\partial D = \Gamma_i \cup \Gamma_c$ (see Fig. 1 (a)), it can be used as Dirichlet boundary conditions for the partial differential equation that propagates the information inside D such as in [2, 3]. The aim of this work is to treat the case where this information is not available in the part Γ_i (see Fig. 1 (b)). The inpainting problem is formulated as a Cauchy problem, which is linear in the case of smooth images and nonlinear for images containing edges. In both cases, we consider the following inverse boundary-value problem for the unknown image function u:

$$\begin{cases} \nabla\cdot[k(|\nabla u|^2)\nabla u] = 0, & \text{in } D, \\ u = f, & \text{on } \Gamma_c, \\ k(|\nabla u|^2)\nabla u \cdot n = \phi, & \text{on } \Gamma_c. \end{cases} \tag{1}$$

The Cauchy problem for elliptic equations still remains a challenge for modern analysis [4, 6, 7, 9]. It is generally an ill-posed problem in the sense of Hadamard which makes classical numerical methods usually inappropriate because they are unstable, so there is a need for carefully stabilized and dedicated computational methods for the numerical treatment. Regularization methods through reformulation of the Cauchy problem itself was introduced in [10, 11]. Others called iterative methods, for solving Cauchy problems for the Laplace equation, was introduced in [6, 7]. I. Ly and N. Tarkhanov in [11] give a new method, they rephrase the nonlinear Cauchy for first order as a variational problem and they have developed this method in [12] to solve Cauchy problems for the p-Laplace operator.

The novelty of this work has two folds. First, it consists in extending the work introduced in [13] for a nonlinear elliptic equation. The Cauchy problem is formulated as a two-player Nash game. The first player is given the known Dirichlet data and uses the Neumann condition prescribed over the inaccessible part of the boundary as strategy variable. The second player given the known Neumann data, and plays with the Dirichlet condition prescribed over the accessible boundary. The two players solve, in parallel, the associated boundary value problems. Second, the proposed approach is exploited in im-

age inpainting. The image information in the incomplete/damaged region is completed by the corresponding Cauchy solution.

2. The nonlinear direct problem

In this work, we consider the following function

$$k(s) = \frac{1}{\sqrt{s+\epsilon^2}} + \alpha, \tag{2}$$

where $\alpha > 0$ and $\epsilon > 0$ are small parameters. The function k is a regularized version of the diffusion function used in total variation (TV) [2] which consists of joining the same level lines on both sides of D and minimizing their lengths. We note that this function satisfing the following conditions.

$$\begin{cases} (a) \quad \alpha + \frac{1}{\epsilon} \geq k(s) \geq \alpha > 0, \ \forall s \in \mathbb{R}^+; \\ (b) \quad k'(s) \leq 0, \ \forall s \in \mathbb{R}^+; \\ (c) \quad k(s) + 2sk'(s) \geq \alpha > 0, \ \forall s \in \mathbb{R}^+. \end{cases} \tag{3}$$

We consider the following direct nonlinear boundary value problem:

$$\begin{cases} \nabla\cdot[k(|\nabla u|^2)\nabla u] = 0, & \text{in } D, \\ u = f, & \text{on } \Gamma_c, \\ k(|\nabla u|^2)\nabla u \cdot n = \varphi, & \text{on } \Gamma_i. \end{cases} \tag{4}$$

Assumptions (a), (b) and (c) are the naturel sufficient conditions to guarantee the solvability of (4). The existence and uniqueness of the solution to (4) is garanteed by the theory of monotone operators (see also [14, 15, 16]).

The linearized direct problem can be rewritten in the following form: Given an initial approximation u_0 of the solution u, we consider the sequence $(u_n)_{n\geq 1}$ where u_n is the solution of

$$\begin{cases} \nabla\cdot[k(|\nabla u_{n-1}|^2)\nabla u_n] = 0, & \text{in } D, \\ u_n = f, & \text{on } \Gamma_c, \\ k(|\nabla u_{n-1}|^2)\nabla u_n \cdot n = \varphi, & \text{on } \Gamma_i. \end{cases} \tag{5}$$

On each iteration, the linearization leads to a linear elliptic equation which has a unique solution $u_n \in H^1(D)$.

Theorem 2.1 *The solution $u_n \in H^1(D)$ of the linearized problem converges, in H^1-norm as $n \to \infty$, to the solution $u \in H^1(D)$ of the nonlinear problem (4).*

3. Existence and uniqueness of the Cauchy problem solution

The existence of a solution of our Cauchy problem (1) depends the compatibility of the Cauchy data f and ϕ. The data f and ϕ are said to be compatible if the Cauchy problem (1) admits a solution. We also say that f and ϕ are consistent for (1). Let us define $[H_{00}^{1/2}(\Gamma_c)]'$ as the dual space of $H_{00}^{1/2}(\Gamma_c)$, which consists of functions in $H^{1/2}(\Gamma_c)$, vanishing on Γ_i. Then we have:

Proposition 1 *For $f \in H^{1/2}(D)$, we define the set*

$$M = \{\phi \in [H_{00}^{1/2}(\Gamma_c)]';\ f \text{ and } \phi \text{ are compatible}\}.$$

Then:

(i) M is dense in $[H_{00}^{1/2}(\Gamma_c)]'$.

(ii) In the case of compatible data, the Cauchy problem (1) admits a unique solution in $H^1(D)$.

4. Nash game formulation of the Cauchy problem

We present an algorithm based on a game theory. This algorithm was introduced in [13] for solving the Cauchy problem for an elliptic linear operator. We extend it to solve our nonlinear Cauchy problem (1), where the function k is given by (2). The Cauchy problem is formulated as a two-player. The first player is given the known Dirichlet data f and uses the Neumann condition prescribed over the inaccessible Γ_i part of the boundary ∂D as strategy variable. The second player is given the known Neumann data ϕ, and plays with the Dirichlet condition prescribed over the inaccessible boundary. Following the work in [13], for all $(\eta, \tau) \in (H_{00}^{\frac{1}{2}}(\Gamma_i))' \times H^{\frac{1}{2}}(\Gamma_i)$, we define

$$\begin{cases} J_1(\eta,\tau) = \frac{1}{2}\|(k(|\nabla u_1(\eta)|^2)\nabla u_1(\eta)\cdot n - \phi\|^2_{(H_{00}^{\frac{1}{2}}(\Gamma_c))'} + \frac{1}{2}\|u_1(\eta) - u_2(\tau)\|^2_{H^{\frac{1}{2}}(\Gamma_i)} \\ J_2(\eta,\tau) = \frac{1}{2}\|u_2(\tau) - f\|^2_{H^{\frac{1}{2}}(\Gamma_c)} + \frac{1}{2}\|u_1(\eta) - u_2(\tau)\|^2_{H^{\frac{1}{2}}(\Gamma_i)} \end{cases}$$

where $u_1(\eta)$ and $u_2(\tau)$ are the solutions to:

$$\begin{cases} \nabla\cdot[k(|\nabla u_1|^2)\nabla u_1] = 0, & \text{in } D, \\ u_1 = f, & \text{on } \Gamma_c, \\ k(|\nabla u_1|^2)\nabla u_1 \cdot n = \eta, & \text{on } \Gamma_i, \end{cases} \tag{SP_1}$$

and

$$\begin{cases} \nabla\cdot[k(|\nabla u_2|^2)\nabla u_2] = 0, & \text{in } D, \\ u_2 = \tau, & \text{on } \Gamma_i, \\ k(|\nabla u_1|^2)\nabla u_2 \cdot n = \phi, & \text{on } \Gamma_c. \end{cases} \tag{SP_2}$$

The two players solve in parallel the associated boundary value problems (SP_1) and (SP_2). We seek to find a couple $(\eta_c; \tau_c)$, called "Pareto optimal Nash equilibrium" in the game theory vocabulary.

Definition 4.1 *A pair $(\eta_N, \tau_N) \in (H_{00}^{\frac{1}{2}}(\Gamma_i))' \times H^{\frac{1}{2}}(\Gamma_i)$ is called:*

– Nash equilibrium for the two-players game involving the costs functionals J_1 and J_2 if:

$$J_1(\eta_N, \tau_N) \leq J_1(\eta, \tau_N),\ \forall\, \eta \in (H_{00}^{\frac{1}{2}}(\Gamma_i))',$$

$$J_2(\eta_N, \tau_N) \leq J_1(\eta_N, \tau),\ \forall\, \tau \in H^{\frac{1}{2}}(\Gamma_i).$$

– Pareto optimal Nash equilibrium for the two-players game involving the costs J_1 and J_2 if there does not exist another Nash equilibrium $(\eta_n, \tau_n) \in (H_{00}^{\frac{1}{2}}(\Gamma_i))' \times H^{\frac{1}{2}}(\Gamma_i)$ such that:

$$J_1(\eta_n, \tau_n) \leq J_1(\eta_N, \tau_N) \text{ and } J_2(\eta_n, \tau_n) \leq J_1(\eta_N, \tau_N).$$

Proposition 2 *When the Cauchy problem (1) has a solution u, the pair*

$$(\eta_c, \tau_c) = (k(|\nabla u|^2)\nabla u \cdot n|_{\Gamma_i}, u|_{\Gamma_i})$$

is unique Pareto optimal Nash equilibrium for the two-players game involving the costs functionals J_1 and J_2.

Remark *(i) For the case $k(\cdot) \equiv 1$ we have a Cauchy problem for the Laplace operator. Nash game formulation of this problem was studied in [13]. The costs functionals are elliptic and convex. The authors proved that there always exists a unique Nash equilibrium, which turns out to be the reconstructed data when the Cauchy problem has a solution. They also proved that the completion algorithm is stable with respect to noise.*

(ii) Linear model gives a smooth solution. Hence it is unable to restore edges and we must take care of edges in image since they are crucial for object recognition and image processing problems. The use of a the nonlinear model defined by (1) and (2) allows us to inpaint edges while keeping the edges.

4.1. Numerical procedure

To compute the Nash equilibrium, we use the classical alternating minimization algorithm with relaxation, by means of the following iterative process:

– Set $k = 0$ and choose an initial guess $S^{(0)} = (\eta^{(0)}, \tau^{(0)})$.

– Step 1: Compute $\overline{\eta}^{(k)}$ solution of

$$\min_{\eta} \; J_1(\eta, \tau^{(k)}).$$

– Step 2: Compute $\overline{\tau}^{(k)}$ solution of

$$\min_{\tau} J_2(\eta^{(k)}, \tau).$$

– Step 3: Set $S^{(k+1)} = (\eta^{(k+1)}, \tau^{(k+1)}) = t(\eta^{(k)}, \tau^{(k)}) + (1-t)(\overline{\eta}^{(k)}; \overline{\tau}^{(k)})$, $0 < t < 1$.

– If $||S^{(k+1)} - S^{(k)}|| \leq \epsilon$, stop. Otherwise $k = k + 1$, go to Step 1.

The gradients may be efficiently computed by means of an adjoint state method and we have the following two partial derivatives:

$$\frac{\partial J_1}{\partial \eta}(\eta, \tau)h = -\int_{\Gamma_i} \lambda_1 h \, ds, \; \forall h \in (H_{00}^{\frac{1}{2}}(\Gamma_i))',$$

where $\lambda_1 \in W = \{u \in H^1(D); \; u|_{\Gamma_c} = 0\}$ solves the adjoint problem

$$\int_D B(\nabla u_1)\nabla\sigma \cdot \nabla\lambda_1 \, dx = \int_{\Gamma_c} (k(|\nabla u_1|^2)\nabla u_1 \cdot n - \phi)(B(\nabla u_1)\nabla\sigma \cdot n) \, ds + \int_{\Gamma_i} (u_1 - u_2)\sigma \, ds, \; \forall \sigma \in W.$$

and

$$\frac{\partial J_2}{\partial \tau}(\eta,\tau)\xi = \int_{\Gamma_i} (B(\nabla u_2)\nabla\lambda_2 \cdot n + u_2 - u_1)\xi \, ds, \ \forall \xi \in H^{\frac{1}{2}}(\Gamma_i),$$

where λ_2 solves the adjoint problem

$$\begin{cases} \nabla \cdot (B(\nabla u_2)\nabla\lambda_2) = 0 & \text{in } \Omega \\ \lambda_2 = 0 & \text{on } \Gamma_i \\ (B(\nabla u_2)\nabla\lambda_2) \cdot n = f - u_2 & \text{on } \Gamma_c \end{cases}$$

with

$$B(\omega) = k(|\omega|^2)I_2 + 2k'(|\omega|^2)\begin{pmatrix} \omega_1^2 & \omega_1\omega_2 \\ \omega_1\omega_2 & \omega_2^2 \end{pmatrix}, \ \ \omega = (\omega_1, \omega_2).$$

5. Numerical results

All the numerical results were obtained by the finite-element method which were implemented in the Freefem++ Software environment. We illustrate the numerical results obtained using the algorithm described in the previous section. To evaluate the effectiveness of the proposed method, we tested it for some examples for exact and noisy data. In all the numerical tests, we have chosen images where the missing region D is such that $\partial D \cap \partial\Omega \neq \emptyset$, see Fig.1 (b).

Linear case: The first test case, a rather simple, has been shown in Fig. 2. It is a direct application of the model proposed in [13] for Laplace Cauchy problem and were performed on a smooth image for noisy Cauchy data. We compare this result to those given by the total variation inpainting, which uses the homogeneous Neumann condition.

Nonlinear case: The second result concerns the nonlinear model, where we have chosen images containing edges and jumps. We have tested different values of α in our algorithm. We illustrate in Fig. 3 the results obtained using our algorithm (for $\alpha = 1$ and 10^{-6})). To see the efficiency of the proposed method from data completion point of view, we illustrate in Fig. 4 the numerical Dirichlet and Neumann solutions compare it with the original image for different values of α. The numerical Dirichlet solution remains good (see the top plot of Fig. 4) for $\alpha = 10^{-6}$. On the other hand, concerning the numerical Neumann solution (see the right-hand plot of Fig. 4), it can be seen that we have two picks which correspond to edges in the image.

6. Conclusion

In this paper, we have investigated a Cauchy problem for a nonlinear elliptic equation in image inpainting. This Cauchy problem was introduced to treat the case when a Dirichlet boundary condition is not known on a part on the boundary ∂D and was formulated as a Nash game, where Dirichlet data f uses the Neumann condition η prescribed over the inaccessible Γ_i part of the boundary ∂D as strategy variable to play against Neumann data ϕ which uses in turn the Dirichlet condition τ prescribed over the inaccessible part of the boundary. Numerical experiments on different images were performed and showed the efficiency of the proposed method. This work can be extended in many different ways. For instance, one might consider using our approach for other inpainting models

such as the one based on Ginzberg-Landau equation. One can also theoretically study the convergence of the numerical method used for solving the Nash-game formulation.

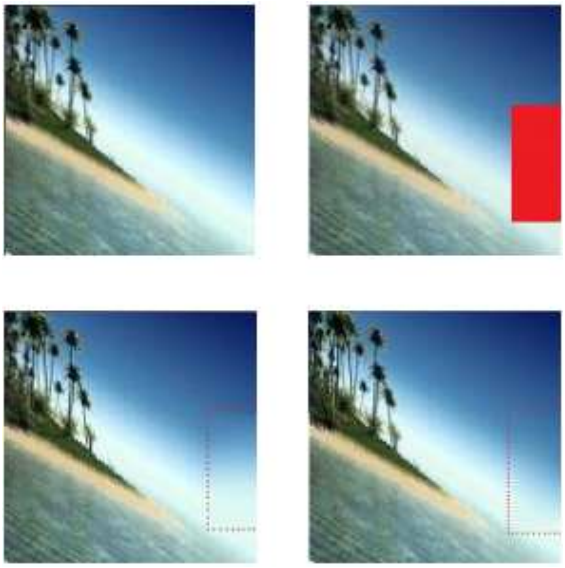


Figure 2. *Top row: original, damaged. Bottom row: TV* $(MSE = 7.73\,10^{-3})$*, our method* $(MSE = 4.63\,10^{-4})$*.*



Figure 3. *From left to right: original, damaged and Nash game for* $\alpha = 1$ *and* $\alpha = 10^{-8}$*.*

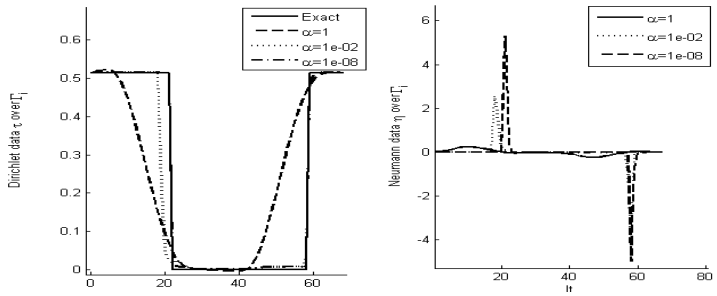


Figure 4. *Reconstructed Dirichlet (*τ_N*, left) and Neumann (*η_N*, right) data over* Γ_i*.*

7. References

[1] S. Masnou and J. M. Morel, *Level-lines based disocculusion*, Procedings of 5th IEEE International Conference on Image Processing, 1998, 259–263.

[2] T. Chan and J. Shen, *Mathematical models for local non-texture inpainting*, SIAM Journal on Applied Mathematics, **62(3)** 1992, 1019–1043.

[3] T. Chan, S. H. Kang and J. Shen, *Euler's elastica and curvature based inpainting*, SIAM Journal on Applied Mathematics, **63(2)** 2002, 564–592.

[4] A. Tikhonov and V. Arsenine, *"Méthodes de Résolution de Problèmes Mal Posés,"* Mir, Moscou, 1994.

[5] H. Egger and A. Leitao, *Efficient reconstruction methods for nonlinear elliptic Cauchy problems with piecewise constant Solutions*, Advances in Applied Mathematics and Mechanics, **1(6)** 2009, 729–749.

[6] P. Kügler and A. Leitao, *Mean value iterations for nonlinear elliptic cauchy problems*, Numerische Mathematik, **96** 2003, 269–293.

[7] V.A. Kozlov, V.G. Maz'ya and A.V. Fomin, *An iterative method for solving the Cauchy problem for elliptic equations*, Comput. Math. Math. Phys., **30(1)** 1991, 45–52.

[8] M. A. Lavrentev, *On the Cauchy problem for the Laplace equation*, Izv. Akd. Nauk SSSR. Ser. Mat., **50** 1956, 819–842.

[9] S. Avdonin, V. Kozlov, D. Maxwell, M. Truffer, *Iterative methods for solving a nonlinear boundary inverse problem in glaciology*, Journal of Inverse and III-posed Problems, 2009, 1569–3945.

[10] R. Aboulaich, A. Ben Abda and M. Kallel, *Missing boundary data reconstruction via an approximate optimal controls*, Inverse Problems and Imaging, **2(4)** 2008, 411–426.

[11] I. Ly and N. Tarkhanov, *A variational approach to the Cauchy problem for nonlinear elliptic differential equations*, Journal of Inverse and Ill-posed Problems, **17(6)** 2009, 595–610.

[12] I. Ly, *An iterative method for solving Cauchy problems for the p-Laplace operator*, Complex Variables and Elliptic Equations: An International Journal, **55(11)** 2010, 1079–1088.

[13] A. Habbal and M. Kallel, *Neumann-Dirichlet Nash strategies for the solution of elliptic Cauchy problems*, SIAM Journal on Control and Optimization, **51(5)** 2013, 4066–4083.

[14] S.-S. Chow, *Finite element error estimates for nonlinear elliptic equations of monotone type*, Numer. Math, **54(4)** 1987, 373–393.

[15] M. Feistauer and A. Zenisek, *Finite element solution of nonlinear elliptic problems*, Numer. Math, **50(4)** 1987, 451–475.

[16] R. Aboulaich, S. Boujena and E. El Guarmah, *A nonlinear parabolic model in processing of medical image*, Mathematical Modelling of Natural Phenomena, **3(3)** 2008, 131–145.

CARI'14

A generalized finite difference method for the 2-D nonlinear shallow water equations

Ben Mansour Dia[1, 2] – Ababacar Diagne[1, 3] – Leon M. S. Tine[1, 4]

[1] Laboratoire d'Analyse Numérique et Informatique,
Université Gaston Berger, Saint-Louis, BP 234, Sénégal.

[2] SRI - Center for Uncertainty Quantification in Computational Science & Engineering
CEMSE, King Abdullah University of Sciences and Technology,
Thuwal 23955-6900, Kingdom of Saudi Arabia
E-mail: benmansour.dia@kaust.edu.sa.

[3] Division of Scientific Computing, Department of Information Technology,
Uppsala University, Box 337, 751 05 Uppsala, Sweden,
Email: ababacar.diagne@it.uu.se.

[4] Institut Camille Jordan, Université Claude Bernard Lyon 1,
Avenue Claude Bernard 69622 VILLEURBANNE cedex, France
E-mail: leon-matar.tine@univ-lyon1.fr.

RÉSUMÉ. Dans ce travail, nous présentons un schéma différences finies généralisé pour les équations de Saint-Venant en dimension deux. La discrétisation spatiale utilise la grille décalée $\mathbf{C}$ d'Arakawa. En plus du facteur d'implicitation θ, la discrétisation temporelle introduit un facteur de rapport de poids des noeuds spatiaux. L'analyse de stabilité tient compte de l'ordre de grandeur des paramètres. Nous discutons les propriétés du schéma et présentons quelques simulations.

ABSTRACT. In this paper, we propose a generalized finite difference method for the two-dimensional nonlinear shallow equations. The space discretization uses the staggered grid $\mathbf{C}$ of Arakawa. Beside the implicit-explicit factor θ, the time discretization involves a balance ratio α of the spatial nodes. The stability analysis takes account the size of the parameters. We discuss the stabilizing properties of the scheme and present some numerical experiments.

MOTS-CLÉS : Différences finies, Equations de Saint-Venant, Analyse de stabilité

KEYWORDS : Finite difference, Shallow water equations, Stability analysis

1. Problem setting

Let T be a real positive number standing for the study time, Ω represents a rectangular two dimensional domain $\Omega = [0, L_1] \times [0, L_2]$. We denote $Q =]0, T] \times \Omega$ and consider the two dimensional shallow water equations in the following form

$$\begin{cases} \dfrac{\partial h}{\partial t} + \dfrac{\partial q_1}{\partial x} + \dfrac{\partial q_2}{\partial y} = 0 & \text{in } Q, \\ \dfrac{\partial q_1}{\partial t} + gh\dfrac{\partial h}{\partial x} + \dfrac{q_1}{h}\dfrac{\partial q_1}{\partial x} + \dfrac{q_2}{h}\dfrac{\partial q_1}{\partial y} = 0 & \text{in } Q, \\ \dfrac{\partial q_2}{\partial t} + gh\dfrac{\partial h}{\partial y} + \dfrac{q_1}{h}\dfrac{\partial q_2}{\partial x} + \dfrac{q_2}{h}\dfrac{\partial q_2}{\partial y} = 0 & \text{in } Q, \\ h(t=0,x,y) = h^0(x,y),\ (q_1,q_2)\,(t=0,x,y) = \left(q_1^0, q_2^0\right)(x,y) & \text{in } \Omega, \\ \text{boundary conditions,} \end{cases} \tag{1}$$

where the variable h designates the height of the water column, $(q_1,\ q_2)$ is the volumetric flow vector with reference to (Ox, Oy) and g represents the coefficient of the acceleration due to the gravity. The initial conditions at the starting time $t = 0$ are given while non-reflection boundary conditions will be considered in the implementation.

There are several numerical techniques for approximating (1), e.g. finite elements methods, finite volumes methods, spectral methods. In a classical way, the numerical solution of 2-D SW (shallow water) equations is affected by small oscillations called **modes**. In this paper, we present an accurate finite difference approach.

Thus far, two type of modes have been identified in the literature [3, 6] and mainly come from the approximation of the gravity waves. In one hand, when the waves travel with different speeds, dispersion occurs. In that case, the observed oscillations are called **natural modes**. Those unsteady wiggles do not present any risk for the quality of the numerical solution since they are inherent to the model itself. In the other hand, there are oscillations proper to the approximation of the convection terms. Such spurious modes are stationary and will accumulate over time to spoil the numerical solution. They are exclusively arising from the choice of the discretization grid (see [1]).

This paper investigates a finite difference scheme for an accurate numerical solution. The occurrence of the spurious modes is avoided by the use of the staggered grid **C** of Arakawa. Our discretization approach involves a balance ratio of the grid nodes so that the natural modes present in the numerical solution can be eliminated. In others terms the included nodal parameter plays a limiter role.

This paper is organized as follow. In Sect. 2, we discretize the 2-D nonlinear SW model and we showcase the involvement of the nodal balance parameter. In Sect. 3, we analyze the stability with respect to the including parameters for a linearized version. Sect. 4 presents some numerical experiments to highlight the stability properties of the scheme.

2. Discretization Principle

Selecting a discretization principle for the purpose of solving the 2-D SW equations by finite difference requires special care to avoid spurious oscillations. In this

section, we focus on the discretization principle of the staggered grid **C** of Arakawa : the components of the flow vector $(q_1,\ q_2)$ are computed at the interfaces of the cells according to the external normal, while the height h variable is evaluated at the center of the cells. The 2-D domain $\Omega = [0, L_1] \times [0, L_2]$ is meshed uniformly as follows : $0 = x_0 < x_1 < \cdots < x_{n_1} = L_1$, $0 = y_0 < y_1 < \cdots < y_{n_2} = L_2$. A grid cell is denoted by $C_{ij} = [x_{i-1}, x_i] \times [y_{j-1}, y_j]$ as depicted in the following figure.

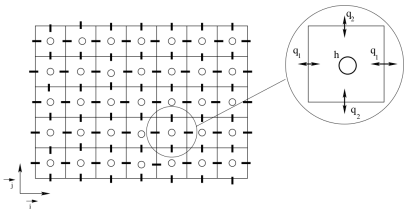


Figure 1. *Staggered grid C of Arakawa*

2.1. Space discretization

We move from the continuous system (1) to the discrete space by seeking the solution (h, q_1, q_2) at a finite number of nodes. For that, we consider a second order approximation according to the Arakawa grid **C** principle (see Fig. 1). We denote by

$$h_{i+1/2,j+1/2} = h\left(\cdot, (i+1/2)\Delta x, (j+1/2)\Delta y\right),$$
$$q_{1_{i,j+1/2}} = q_1\left(\cdot, i\Delta x, (j+1/2)\Delta y\right) \quad \text{and} \quad q_{2_{i+1/2,j}} = q_2\left(\cdot, (i+1/2)\Delta x, j\Delta y\right).$$

We approximate the mass conservation equation for $i = 0, 1, \cdots, n_1 - 1$ and $j = 0, 1, \cdots, n_2 - 1$ as

$$\partial_t h_{i+1/2,j+1/2} + \frac{q_{1_{i+1,j+1/2}} - q_{1_{i,j+1/2}}}{\Delta x} + \frac{q_{2_{i+1/2,j}} - q_{2_{i+1/2,j+1}}}{\Delta y} = 0.$$

The approximation of the momentum equations for $i = 1, \cdots, n_1 - 1$ and $j = 1, \cdots, n_2 - 1$ is given by

$$\begin{aligned}
\partial_t q_{1_{i,j+1/2}} \quad &+ \quad g\left(\frac{h_{i-1/2,j+1/2} + h_{i+1/2,j+1/2}}{2}\right)\left(\frac{h_{i+1/2,j+1/2} - h_{i-1/2,j+1/2}}{\Delta x}\right) \\
&+ \quad \left(\frac{2q_{1_{i,j+1/2}}}{h_{i-1/2,j+1/2} + h_{i+1/2,j+1/2}}\right)\left(\frac{q_{1_{i+1,j+1/2}} - q_{1_{i-1,j+1/2}}}{2\Delta x}\right) \\
&+ \quad \frac{2\left(q_{2_{i-1/2,j}} + q_{2_{i+1/2,j}} + q_{2_{i-1/2,j+1}} + q_{2_{i+1/2,j+1}}\right)}{4\left(h_{i-1/2,j+1/2} + h_{i+1/2,j+1/2}\right)}\left(\frac{q_{1_{i,j+3/2}} - q_{1_{i,j-1/2}}}{2\Delta y}\right) = 0
\end{aligned}$$

and

$$\begin{aligned}\partial_t q_{2_{i-1/2,j}} &+ g\left(\frac{h_{i-1/2,j+1/2}+h_{i-1/2,j-1/2}}{2}\right)\left(\frac{h_{i-1/2,j+1/2}-h_{i-1/2,j-1/2}}{\Delta y}\right)\\ &+ \frac{2\left(q_{1_{i,j-1/2}}+q_{1_{i,j+1/2}}+q_{1_{i+1,j-1/2}}+q_{1_{i+1,j+1/2}}\right)}{4\left(h_{i-1/2,j+1/2}+h_{i-1/2,j-1/2}\right)}\left(\frac{q_{2_{i+1/2,j}}-q_{2_{i-1/2,j}}}{2\Delta x}\right)\\ &+ \left(\frac{2q_{2_{i-1/2,j}}}{h_{i-1/2,j-1/2}+h_{i-1/2,j+1/2}}\right)\left(\frac{q_{2_{i-1/2,j+1}}-q_{2_{i-3/2,j-1}}}{2\Delta y}\right)=0.\end{aligned}$$

The discretization of the first momentum equation for $j=0$, n_2 as well as the second momentum equation for $i=0$, n_1 are easily deductible from the two above discrete equations.

2.2. Time discretization

We denote by $h^k_{i+\frac{1}{2},j+\frac{1}{2}}$, $q^k_{1_{i,j+\frac{1}{2}}}$ and $q^k_{2_{i-\frac{1}{2},j}}$ the value of the discrete solution at time t^k respectively at nodes $\big((i+\frac{1}{2})\Delta x,(j+\frac{1}{2})\Delta y\big)$, $\big(i\Delta x,(j+\frac{1}{2})\Delta y\big)$ and $\big((i-\frac{1}{2})\Delta x,j\Delta y\big)$. The approximations of the time derivative terms in a interior cell C_{ij} are

$$\begin{aligned}\frac{\partial h_{i+\frac{1}{2},j+\frac{1}{2}}}{\partial t} &= \frac{1}{\Delta t}h^{k+1}_{i+\frac{1}{2},j+\frac{1}{2}}\\ &\quad -\frac{1}{3\Delta t}\left(\alpha h^k_{i+\frac{3}{2},j+\frac{1}{2}}+\alpha h^k_{i+\frac{1}{2},j+\frac{3}{2}}+2(1-2\alpha)h^k_{i+\frac{1}{2},j+\frac{1}{2}}+\alpha h^k_{i-\frac{1}{2},j+\frac{1}{2}}+\alpha h^k_{i+\frac{1}{2},j-\frac{1}{2}}\right),\\ \frac{\partial q_{1_{i,j+\frac{1}{2}}}}{\partial t} &= \frac{1}{\Delta t}\left(q^{k+1}_{1_{i,j+\frac{1}{2}}}-\left(\alpha q^k_{1_{i-1,j+\frac{1}{2}}}+(1-2\alpha)q^k_{1_{i,j+\frac{1}{2}}}+\alpha q^k_{1_{i+1,j+\frac{1}{2}}}\right)\right),\\ \frac{\partial q_{2_{i-\frac{1}{2},j}}}{\partial t} &= \frac{1}{\Delta t}\left(q^{k+1}_{2_{i-\frac{1}{2},j}}-\left(\alpha q^k_{2_{i-\frac{1}{2},j+1}}+(1-2\alpha)q^k_{2_{i-\frac{1}{2},j}}+\alpha q^k_{2_{i-\frac{1}{2},j-1}}\right)\right).\end{aligned}$$

Introducing the implicit-explicit factor θ, it comes the following system

$$\left\{\begin{array}{l} h^{k+1}-Ah^k+(1-\theta)\Delta tA^k_2q^k_1+(1-\theta)\Delta tA^k_3q^k_2+\theta\Delta tA^{k+1}_2q^{k+1}_1\\ +\theta\Delta tA^{k+1}_3q^{k+1}_2=F^k_1,\\ \\ q^{k+1}_1-Bq^k_1+(1-\theta)\Delta tB^k_1h^k+(1-\theta)\Delta tB^k_2q^k_1+(1-\theta)\Delta tB^k_3q^k_2\\ +\theta\Delta tB^{k+1}_1h^{k+1}+\theta\Delta tB^{k+1}_2q^{k+1}_1+\theta\Delta tB^{k+1}_3q^{k+1}_2=F^k_2,\\ \\ q^{k+1}_2-Cq^k_2+(1-\theta)\Delta tC^k_1h^k+(1-\theta)\Delta tC^k_2q^k_1+(1-\theta)\Delta tC^k_3q^k_2\\ +\theta\Delta tC^{k+1}_1h^{k+1}+\theta\Delta tC^{k+1}_2q^{k+1}_1+\theta\Delta tC^{k+1}_3q^{k+1}_2=F^k_3.\end{array}\right. \tag{2}$$

The matrices A, B and C depend only on the nodal balance parameter α while A^κ_i, B^κ_i and C^k_i (with κ standing for k or $k+1$ and $i=1,2,3$) float according to the current solution $(h^k,q^k_1,q^k_2)^{tr}$ and the unknown $(h^{k+1},q^{k+1}_1,q^{k+1}_2)^{tr}$. The discrete system (2) can be recast in the following compact form

$$N^{k+1}_1X^{k+1}+N^k_2X^k=F^k, \tag{3}$$

where $X^{k+1}=(h^{k+1},q^{k+1}_1,q^{k+1}_2)^{tr}$ is the unknown, the vector F^k contains the boundary conditions and N^{k+1}_1 and N^k_2 are two matrices depending on the state

X^{k+1} and X^k respectively. According to the time discretization, it is suited to use the terminology implicit-dominance scheme for $\theta \in [0,\ 0.5]$ and explicit-dominance scheme when $\theta \in [0.5,\ 1]$. In this sequel $\theta = 0$ (resp. $\theta = 1$) corresponds to the full implicit (resp. explicit) scheme.

3. Stability Analysis

In this section, we analyze the stability of our numerical approach. For that, we follow the Von Neumann principle (see [5]) using the discrete Fourier transform. For sake of simplicity, we deal with the case $\Delta x = \Delta y$. If f represents a hydrodynamical variable, we write

$$f = \frac{1}{2\pi} \int_{\left[-\frac{\pi}{\Delta x}, \frac{\pi}{\Delta x}\right]^2} \exp(i_c \Delta x m \cdot \zeta) \hat{f}(\zeta) d\zeta, \tag{4}$$

where $\zeta \in \left[-\frac{\pi}{\Delta x}, \frac{\pi}{\Delta x}\right]^2$, i_c is the unit complex ($i_c^2 = -1$) and $\hat{f}$ stands for the Fourier transform of f,

$$\hat{f}(\zeta) = \frac{(\Delta x)^2}{2\pi} \sum_{m \in \mathbb{Z}^2} \exp\left(-i_c m \cdot \zeta\right) f_m. \tag{5}$$

In a grid cell C_{ij}, we substitute the function f in turns by h^k for $m = (i + 1/2, j + 1/2)$, by q_1^k for $m = (i, j + 1/2)$ and by q_2^k for $m = (i + 1/2, j)$. We rewrite then the linearized discrete system in terms of Fourier transform $\hat{U}^k = \left(\hat{h}^k, \hat{q}_1^k, \hat{q}_2^k\right)^{tr}$ at time t^k and $\hat{U}^{k+1} = \left(\hat{h}^{k+1}, \hat{q}_1^{k+1}, \hat{q}_2^{k+1}\right)^{tr}$ at time t^{k+1} in the form

$$\hat{U}^{k+1} - C\hat{U}^k + i_c \frac{\Delta t}{\Delta x} \theta \hat{M} \hat{U}^k + i_c \frac{\Delta t}{\Delta x} (1 - \theta) \hat{M} \hat{U}^{k+1} = 0. \tag{6}$$

For $\Phi_1 = \Delta x \zeta_1$ and $\Phi_2 = \Delta x \zeta_2$ in the interval $\left[-\frac{\pi}{2}, \frac{\pi}{2}\right]$ the matrices C and $\hat{M}$ are given by

$$C = \begin{pmatrix} \alpha \cos \Phi_1 + \alpha \cos \Phi_2 + 2(1 - 2\alpha) & 0 & 0 \\ 0 & 2\alpha \cos \Phi_1 + 1 - 2\alpha & 0 \\ 0 & 0 & 2\alpha \cos \Phi_2 + 1 - 2\alpha \end{pmatrix}$$

and

$$\hat{M} = \begin{pmatrix} 0 & \sin \Phi_1 & \sin \Phi_2 \\ (g\bar{h} - \bar{u}^2) \sin\left(\frac{\Phi_1}{2}\right) - \bar{u}\bar{v} \sin\left(\frac{\Phi_2}{2}\right) & 2\bar{u} \sin \Phi_1 + \bar{v} \sin \Phi_2 & \bar{u} \sin \Phi_2 \\ -\bar{u}\bar{v} \sin \frac{\Phi_1}{2} + (g\bar{h} - \bar{v}^2) \sin \frac{\Phi_2}{2} & \bar{v} \sin \Phi_1 & 2\bar{v} \sin \Phi_2 + \bar{u} \sin \Phi_1 \end{pmatrix}.$$

We gather the similar quantities in (6) according to the factors $\hat{U}^{k+1}$ and $\hat{U}^k$ to get

$$G_1 \hat{U}^{k+1} \quad = \quad G_2 \hat{U}^k \ \text{ where } \ G_1 = I_3 + i_c(1 - \theta) \frac{\Delta t}{\Delta x} \hat{M} \ \text{ and } \ G_2 = C - i_c \theta \frac{\Delta t}{\Delta x} \hat{M}. \tag{7}$$

Finally we recast (7) in the following amplifier form

$$\hat{U}^{k+1} = G\hat{U}^k \quad \text{where} \quad G = G_1^{-1}G_2. \tag{8}$$

The matrix G is called **amplification matrix**. The relation (8) reveals that going forward in time (one time step) is equivalent to multiplying the Fourier transform $\hat{U}^k$ of the solution U^k by the amplification factor G. Showing that the scheme is stable is equivalent to show that the sinusoidal input waves will not be amplified. Otherwise, the product of amplifications at every time-step will increase exponentially. In that case, the matrix G describes the degree of deformation of the output $\hat{U}^{k+1}$ with respect to the input $\hat{U}^k$. In this sense, the stability condition of our scheme is given by

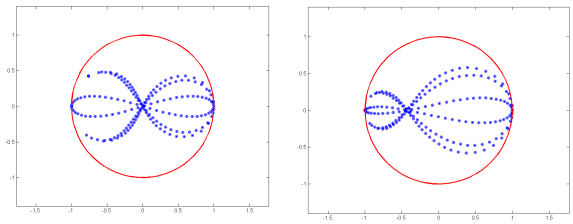
$$(\mathcal{C}_s) \quad : \quad \textit{The spectral radius of } G \textit{ is less than 1.}$$

4. Numerical Experiments

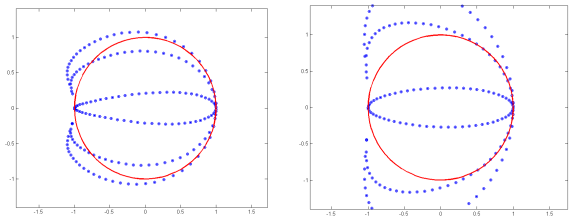
4.1. Numerical illustration of the stability condition

In this section, we discuss numerically the stability condition $(\mathcal{C}_s)$ according to the implicit-explicit parameter θ and the nodal balance parameter α. A classical way for studying the stability condition is to evaluate the Courant number for given parameters α and θ. In our case, we fix the Courant number by the choice of the time-step dt and observe the stability variation according to those parameters. To compute the eigenvalues of the amplification matrix G, we set $\bar{q}_1 = 1$, $\bar{q}_2 = 1$, $\bar{h} = 2$ on every grid cell of size $dx \times dy = 0.5 \times 0.5$ with time step $dt = 0.15$.

Lax-Friedrichs scheme. For $\alpha = 0.5$, our scheme coincides with the Lax-Friedrichs one. Knowing the properties of the Lax-Friedrichs scheme, we observe the influence of the implicit-explicit factor θ on the stability condition.



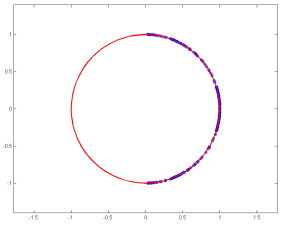
(a) $\theta = 0$ (b) $\theta = 0.3$



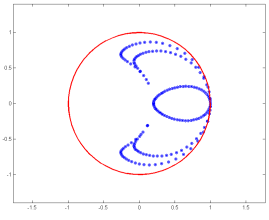
(c) $\theta = 0.7$ (d) $\theta = 0.9$

The above plots display the conditional stability of the scheme. For $\theta \in [0, 0.5]$, we have an implicit-dominance stable scheme since all the eigenvalues live inside the unit circle. For higher value of θ the scheme becomes unstable. However, the stability is re-acquirable by the proper choice of the parameter α. For instance $\theta = 0.7$ (figure (c)) becomes stable when the parameter α is changed to 0.3.

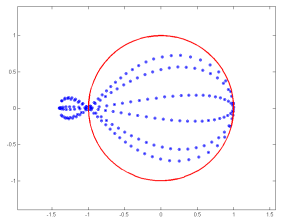
Crank-Nicholson scheme. When $\theta = 0.5$, we have the Crank-Nicholson scheme. The stability condition is observed numerically through the following plots



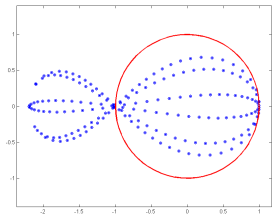
(e) $\alpha = 0$



(f) $\alpha = 0.2$



(g) $\alpha = 0.6$



(h) $\alpha = 0.8$

For $\theta = 0.5$, one meet the classical form of the Crank-Nicholson scheme and its unconditional stability which is one of its main features. Inspection of the plots shows that this stability is conserving for values of α less than 0.5.

4.2. Numerical test

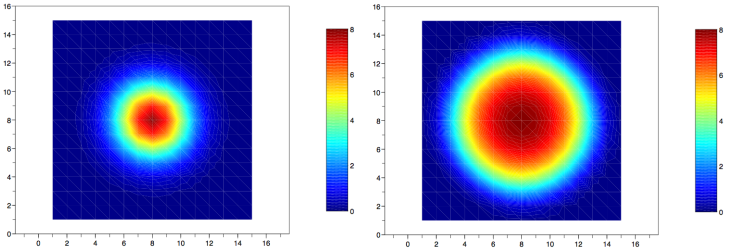
In this subsection, we perform numerical experiment for the following stepwise linearized version of (3)

$$N_1^k X^{k+1} + N_2^k X^k = F^k, \tag{9}$$

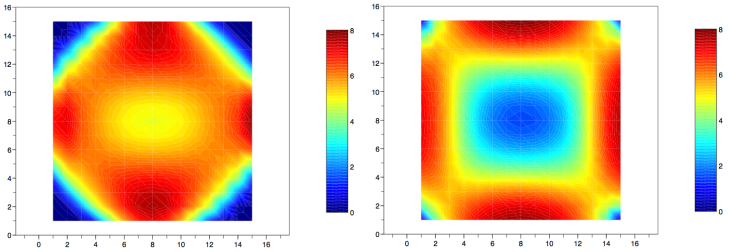
using **Scilab** (www.scilab.org). We deal with homogeneous Dirichlet boundary conditions and the time step is computed according to the stability condition for the values $\alpha = 0.5$ and $\theta = 0.8$. The initial conditions are

$$h^0(x, y) = \frac{20}{\sqrt{2\pi}} \exp\left(-0.15\left(x^2 + y^2\right)\right) \quad \text{and} \quad (q_1^0, q_2^0) = (0, 0)$$

in the square domain $[0, 15]\times[0, 15]$. We represent some states of the water elevation variation.



(i) $t = 0.002s$ (j) $t = 0.007s$



(k) $t = 0.073s$ (l) $t = 0.105s$

5. Conclusion

In this paper, we have presented a new finite difference scheme to simulate accurately the 2-D nonlinear shallow water equations. The nodal balance parameter including in the time discretization behaves as limiter since it provides a sort of diffusion to attenuate the convection dominance. This additional diffusion is explicit in the sense that large value of α amplifies the explicit feature of the scheme so that instability occurs when $\alpha > 0.5$.

6. Bibliographie

[1] J. M. Beckers, « Selection of a staggered grid for inertia-gravity waves in shallow water, », *Int. J. Numer. Meth. Fluids* vol. 38 :729–746, 2002.

[2] B. M. Dia, J. Oppelstrup, « Stability by boundary control of 2-D shallow water equations », *Int. J. Dynam. Control*, vol. 1, 41–53, 2013.

[3] D. Y. Le Roux, A. Séne, V. Rostand, E. Hanert, « On some spurious mode issues in shallow-water models using a linear algebra approach », *Ocean Modelling*, vol. 10, 83–94, 2005.

[4] R. Sadourny, « The Dynamics of finite difference models of the shallow water equations », *J. of the Atmospheric Sciences*, vol. 32, 680–689, 1974.

[5] J. C. Strickwerda, « Finite difference schemes and partial differential equations », *SIAM*, vol. 1, 2004.

[6] R. A. Walters, « Numerically induced oscillations in finite element approximations to the shallow water equations », *Int. J. Numer. Meth. Fluids*, vol. 3, 591–604, 1983.

Activity Recognition Based on Temporal HMM for Visual Medical Monitoring using a Multi-Camera System

Arnaud Ahouandjinou[1,2], Cina Motamed[1], Eugène. C. Ezin[2]

[1]Laboratoire d'Informatique Signal Image de la Côte d'opale (LISIC)
Université du Littoral de la Côte d'Opale (ULCO)
Bat 2, 50 Rue F. Buisson , 62228 Calais Cedex, France
ahouandjinou@lisic.univ-littoral.fr, motamed@lisic.univ-littoral.fr
[2]Institut de Mathématiques et de Sciences Physiques (IMSP)
Unité de Recherche en Informatique et Sciences Appliquées(URISA)
Université d'Abomey-Calavi(UAC)
BP 613 Porto-Novo, Bénin
eugene.ezin@imsp-uac.org

RÉSUMÉ. Nous proposons dans cet article une solution pour améliorer le système actuel de surveillance médicale en Unité de Soins Intensifs (USIs) cardiologique grâce à un système de reconnaissance automatique d'activités humaines. Une approche de vidéo surveillance multi-caméras est proposée à cet effet et permet l'acquisition des données pour l'analyse et l'interprétation automatique de la scène. Cette dernière est basée sur le Modèle de Markov Caché (MMC) avec une durée d'état explicite. Plusieurs séries d'expérimentations sont effectuées sur le nouveau système de surveillance proposé en USIs et démontre ainsi la nécessité d'une surveillance assistée par ordinateur des patients afin d'aider les médecins surveillants et les cliniciens dans le processus de prise de décision. De plus, le MMC temporel offre une solution très adaptée pour la reconnaissance automatique des événements en USIs. Enfin, les résultats obtenus avec le modèle de MMC temporel ont été comparés à ceux des MMC classiques.

MOTS-CLÉS : Système de surveillance en USIs, Reconnaissance d'activités humaines; Analyse et interprétation vidéo; MMC classique et à durée d'état explicite.

ABSTRACT. We address in this paper an improved medical monitoring system through an automatic recognition of human activity in Intensive Care Units (ICUs). A multi camera vision system approach is proposed to collect video sequence for automatic analysis and interpretation of the scene. The latter is performed using Hidden Markov Model (HMM) with explicit state duration. Significant experiments are carried out on the proposed monitoring system in a hospital's cardiology section in order to prove the need for computer-aided patient supervision to help clinicians in the decision making process. Temporal HMM handles explicitly the state duration and then provides a suitable solution for the automatic recognition of temporal events. Finally, the use of Temporal HMM (THMM) based approach improves the scenario recognition performance compared to the result of standard HMM models.

KEYWORDS: Monitoring System in ICUs, Human Activities Recognition (HAR); Video Analysis and interpretation; Classic HMM and HMMs with explicit state duration.

1. Introduction

Human Activity Recognition (HAR) in video scenes is an important topic in computer vision which has had a significant upward in term of research. In high dependency environment, like intensive care units, all clinical, economic and sociological studies tend to demonstrate the need for computerized assistants that help clinicians in the decision making process. A patient's monitoring in Intensive Care Units (ICUs) in medical services such as cardiology, anesthesia is a key challenge for the efficiency of health care for the sick. In these ICUs, the medical staff number to monitor patients is very limited and the patients may even be in separate wards. It is well known that standard monitoring systems based on alarm thresholds for each individual parameter are very primitive since they introduce noise pollution instead of real informative events [13, 16]. Improving the performance of the monitoring system in intensive care units is a major issue about the recent research topic on medical devices. Therefore, an automatic and intelligent real-time monitoring system is necessary to increase quality of medical-service in intensive care units. We feel that video monitoring based on multi-camera perception enables to supplement the existing monitoring system in ICU because it is quite obvious that hearing and vision are complementary. This video layer can provide visual-information in real-time for pro-active actions in medical emergency, and design an image database that we term Medical Black Box (MBB) for future diagnosis and analysis. The proposed video surveillance system must be able to analyze and interpret the medical video scenes for recognizing significant events of a patient's hospital stay and to help physicians in the monitoring tasks. This automatic recognition of clinical scenes or retrieval of specific behavior of patients as we have developed is fundamental for computer-aided in the patient supervision. In this work, we also tackle the recognition problem of the physician's activities and the behavior or risk situations for the patients in the multi-camera perception approach. The recognition method is based on Hidden Markov Models with explicit state duration. The latter enables us to quantify the duration spent by an HMM in a state through the probability computation. The remaining part of this paper is organized as follows. In section 1, we describe the proposed architecture of the ICUs monitoring system and to make paths towards the establishment of Medical Black Box. Section 2 focuses on the proposed approach for human activities recognition in ICUs. Section 3 is devoted to experiments and the discussion about results.

2. Proposed ICU Monitoring System for Building Medical Black Box

2.1. Proposed ICU Monitoring System

The intensive care units are a specialized section of a hospital containing medical equipment, physicians and the nursing staff, monitoring and life support devices necessary to provide continuous care to the patients that are severely ill and medically unstable [14]. We can find in a typical ICU environment a ventilator which assists the patient’s ventilation, pumps to supply of various drugs, and various devices to the heart or respiratory functions [3, 11]. The set of these devices is handled by a multidisciplinary team that may consist, intensivists (clinicians who are specialized in

critical illness care), clinical pharmacists, nutritionists and others. These facilities are connected to the data collector which displays the collected data [14]. The vital sign information acquired from bedside monitoring ICU system is analyzed by supervising physicians for decision making. ICUs alarms were designed to pay attention to a patient, to alert a change in the patient's physiology or to alert the staff to a device problem [4]. Moreover, alarms do not always match the criticality of the patient's condition, hindering the nurses' ability to react rapidly with the appropriate clinical intervention [16]. The current monitoring system in ICU is very alarmist and worse, suffers from an acute lack of visual data such as images of the basic actions, the behavior and the clinical status in real-time of patients as well as those of the physicians during the hospital stay of the patients. For this, we propose to improve the current monitoring system in ICU by supplementing it with an automatic and intelligent video-surveillance system in a multi-camera framework. To achieve this, the proposed system of monitoring in ICU is an audio-visual system. To this end, The ICU is monitored using a multi-camera vision system based-approach : in wards, the cameras are attached to the ceiling and the others faced at the bedside of the patient bed. In our application context, the topology of the proposed video surveillance system is composed of six cameras (two cameras mounted to the ceiling with one facing each bed) with a self-calibration approach in order to perform several pre-treatments of image acquired before by the automatic recognition framework [2]. This multi-camera vision system provides overlapping views that will be used by information fusion to improve the quality of recognition. The main functionality of the proposed ICU video-surveillance system is the automatic recognition of human activities in medical environment. Before the recognition stage, the scenario is automatically first learned by the system. Afterwards, we have the step of scenario recognition which enables to make the summary of the clinical scenes of the physician and important or critical events of the patient during his hospital stay through the video selection. The latter computer vision task helps us to design an especial database in ICU, that we term Medical Black Box (MBB) in order to store interesting images of clinical scenes and important behavior of the patient. Figure 1 is an illustration of the proposed architecture for the visual-monitoring system in ICUs.

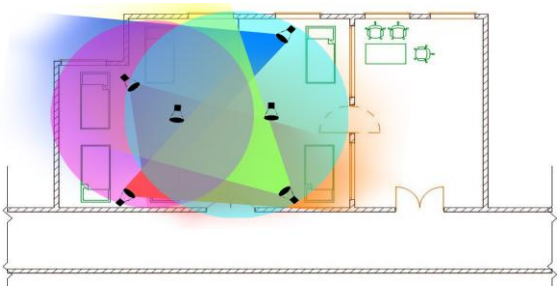


Figure 1: Proposed architecture of the visual-monitoring system multi-camera based approach in ICUs.

2.2.Towards the Establishment of Medical Black Box

Due to the advancement of instrumentation technology and more specifically, in medical fields, such as intensive care units, developing a medical black box, like aircraft black box, is a genuine challenge and an original recent idea. Working on this topic is motivated by the need to create a support system for medical decision. From the

automatic proposed monitoring system, enormous collections of medical videos are available with several applications in various aspects like medical imaging, medical diagnoses, the training the medical professionals, a decision support for forensic physicians, the uses of evidence by health insurers, medical research and education. The intelligent video monitoring system helps to manage, to analyze, to index and retrieve the information from the IP video stream. The aim of this system is to extract good visual content representative key-frames. In order to achieve this, we used an efficient method for human activity recognition in medical videos which leads to the extraction of better key-frames as representative (interest scenario) for important events summary. The MBB is a database containing interesting images obtained by video selection which represents the summary of critical or important events from hospital stay. The concept of the medical black box is an original new idea that presents double interest : firstly, it is a decision support for medical monitoring in intensive care units and secondly, it allows, after analysis and diagnosis of MBB's content, to contribute to the development a new intervention protocol which improves the performance of medical care. The indexing method of the big data and retrieval information contained in the medical black box is a new research issue that we will tackle this in our future work. The Medical Black Box is a very promising solution to improve medical service performance in ICU.

3. Proposed Approach for Human Activities Recognition in ICUs

The proposed multi-camera scenario recognition approach is based on a Temporal HMM (THMM) inspired from many related work proposed in [1, 6, 7 ,8, 9]. It is performed on two main levels of processing : the low-level processing and the high-level processing. An illustration for the proposed architecture for human action recognition is given in Figure 2 :

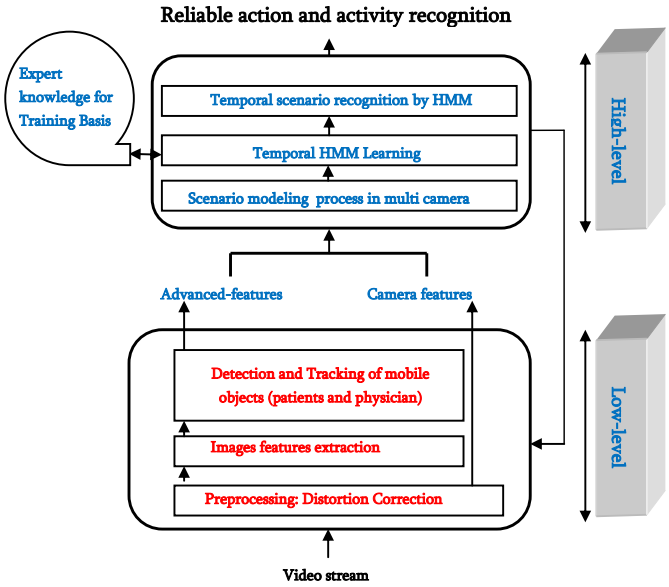


Figure 2: Proposed architecture for human action recognition in medical videos.

3.1. Low-level tasks

One of the basic tasks of the low-level processing is the features extraction. We used many feature descriptors in the video for defining some areas of interest and for detecting mobile objects in the scene. Each detected object is classified based on morphological features by combining object color and texture. We have defined a codebook where each character corresponds to different predefined regions of interest in the video. The input states of HMM [18] are interest area classes labeled symbolically by the codebook letters (A, B, C, D, E, F, G, H, I) and the output states are basic events establishing high level scenarios. The motion detection of mobile objects is based on a simple and efficient algorithm. It uses the reference image approach proposed in [5]. Then, moving objects are classified using the labels defined for the recognition phase. The objects tracking module is based on a robust real-time object tracker using improved mean shift by integrating texture and color features. The position of a subject's feet is approximated by taking the centre of the bottom of the tracker supplied bounding box. The position was used to estimate the proximity of the person to defined areas of interest. Figure 3 shows the modeling result of the mask of interest regions and the various trajectories.

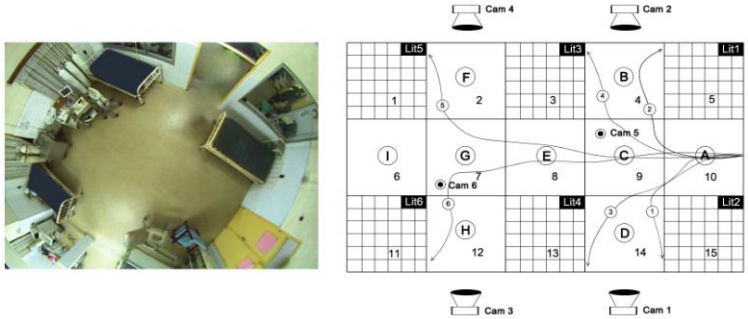


Figure 3: Proposed of the mapping of the trajectories architecture using areas of interest for low-level processing.

3.2. High-level tasks

In the related work on activity recognition, generally approaches are based on two steps, firstly, feature extraction and representation, then learning the sequential and temporal characteristics in activity sequences. While the HMM [10] is a mere and efficient model for learning sequential data, its performance tends to degrade when the range of activities becomes more complex, or the activities exhibit long-term temporal dependency that is difficult to deal with under the Markov assumption. To get around these limitations, two classes of extension to the HMM have been proposed [6, 7]: Hierarchical HMM (HHMM) which includes the Abstract HMM, the Hierarchical HMM, and the Layered HMM and Semi-Hidden Markov Model (SHMM), including explicit duration HMMs and segmental HMMs. In the classical HMM, state duration is implied as a function of a self transition probability of the state. The likelihood of the remaining in a unique state is exponential. More extensively, the duration of human activity is an important consideration if we are to accurately model a person's behavioral patterns. We show that duration modelling enables us to differentiate between activity sequences in which the order of the observations is identical and which

the duration of the activities is varied. We believe that its application to the domain of human activity recognition remains very novel and original [8].

Duration model. An explicit state duration in a HMM was introduced in 1985 as part of an application of speech recognition by [15, 12, 10].. This time variable is measured by means of a probability noted $p_i(d)$ such that $1 \le d \le D$ where D constrains the maximum duration that can be estimated by one analytical discrete distribution (i.e., Poisson) and two other continuous (i.e., Normal and Gamma) for modeling state duration. These probabilities are defined by equation (1) for Poisson distribution and equation (2) for Gamma distribution. For more details, the reader may refer to [1] for computation parameters :

$$P_j(d) = e^{-l_j} \times \frac{(l_j)^d}{d!} \tag{1}$$

$$P_j(d) = \frac{1}{\sigma_j (2\pi)^{1/2}} \times e^{\frac{-(d-m_j)^2}{2*\sigma_j^2}} \tag{2}$$

Model parameter re-estimation. i) given the sequences of observations O obtained over the time $t \in [1,\ 0]$ $O = \{O_1, O_2, ..., O_{t-1}, O_T\}$ produced, ii) given the path variable such as $\alpha_t(i)$ and $\beta_t(i)$ estimated in equations 3 and 5 the model re-estimation formulas are presented in equations 4 and 6. The model is based on a temporal HMM $\lambda = (A, B, \prod, P_j(d))$ with an explicit state duration probability distribution is defined by the following parameters: A, B, π, $P_j(d)$ that are respectively state transition probability matrix, output probability matrix, initial state probability vector, and a state duration probability vector [8, 9].

$$\alpha_t(j) = P(O_1, O_2, O_3, ..., O_t, S_J \textit{ ends at } t/\lambda) \tag{3}$$

$$\alpha^*_t(j) = P(O_1, O_2, O_3, ..., O_t, S_J \text{ begins at } t+1/\lambda) \tag{4}$$

$$\beta_t(j) = P(O_{t+1}, ...O_T / S_i \text{ ends at } t, \lambda) \tag{5}$$

$$\beta^*_t(j) = P(O_{t+1}, ...O_T / S_i \text{ begins at } t+1, \lambda) \tag{6}$$

The model likelihood P(O/λ) of an HMM λ with explicit state duration, for a discrete observation sequence O, can be computed by a generalized forward-backward algorithm as follows:

$$P(O/\lambda) = \sum_{i=1}^{N} \sum_{j=1, i \neq j}^{N} \sum_{d=1}^{t} \alpha_{t-d}(i) a_{ij} P_j(d) \prod_{s=t-d+1}^{t} b_j(o_s) \beta_t(j) \tag{7}$$

4. Experiments and Results

Significant tests are carried out on dataset that are gathered from the proposed experimental monitoring system in intensive care units. Our Algorithms have been implemented using Matlab, C/C++ and OpenCV library). The database is characterized by its heterogeneity with a high variation of illumination (day and night) and several people such as physicians and patients (male, female with different actions, skin colors) other moving people as the visitors among others, may appear at defined and known instants. Furthermore, the database has been collected from the experimental video-surveillance system that we installed in the cardiology department at the hospital (CNHU : Centre National Hospitalier Hubert Manga) in Benin.

4.1. Description of the Video Dataset

We have collected roughly 50 videos sequences for three activities with 1500 frames/sequences. A such observation sequence is recorded every one and a half second from the 25fps video. The duration of the video sequences is 300 seconds with an average length of circa 90 seconds. In these videos sequences, we distinguish two main classes of activities including : Activities of Doctor (AD) and Activities of Patient (AP). which are composed of two main types of scenarios each. See appendices for details.

4.2. Training scenario by Temporal HMM

In this section, we present experimental results in relation to learning of the three scenarios and identified by the class to which they belong. Not only does this work focus on automatic scenarios recognition issues, however it also tackles a challenging problem which is the learning and distinguishes the scenario of the same category mainly based on differences in the durations of their sub-activities. We experimented by using the SHMM variants in learning and recognizing three scenarios for two main classes and compared them with the standard HMM. In these SHMM variants, different kinds of distribution were used for modeling state durations, including the Poisson distributions and the Gaussian distribution (normal and inverse case). The Poisson distribution as an example for discrete distribution was chosen because of its simplicity and its good results in modeling state durations for the SHMM in speech recognition, e.g., [12] and did not need a lot of data for the learning before becoming stable .The Gaussian distribution was selected as an example of continuous distributions for duration modeling because it was restricted to the positive domain and the inverse Gaussian was used to model patients' staying time in hospital with successful results [17]. In this work, a deep analysis of the impact of the temporal parameter introduction has not been made and we intend to do it in our future work.

4.3. First Scenario Recognition : "Activities of a Doctor"

We defined two categories scenario of the class AD "Activities of a Doctor" have been tested during the experimentation phase : The category scenario *"The doctor provides a patient care"* is divided into six sub-scenarios which are summarized in the scenario "*doctor provides with medical care at different beds*". For instance, we have "The doctor makes a patient care at bed 1, or 2,....,6". The scenario *"the doctor makes a general round visit in the ward"* is recognized through an HMM with nine states.

These results show that HMMs with explicit state duration are more efficient for modeling scenario recognition in a medical environment compared to classical HMMs. The performance gain is about 85.00% for the different beds (e.g. " the attendance of doctor at bed 1") with Poisson distribution (the best recognition rate for the scenario attendance of the physician in front of the bed1 is 80.80%). The preeminence of Gamma distribution for state duration can be attributed to its statistical proprieties and to the appropriateness of the data used for estimating its parameters. The performance with Gamma distribution gain is about 90.50% for the different beds (the best recognition rate at bed one is 94.99%). Find attached the reporting of the results of the recognition of the rate reached following an HMM model and the distribution of the explicit state duration in the table in appendix.

4.4. Second Scenario Recognition : "Activities of a patient"

We tested two categories of scenarios of the class AP "Activities of the Patient" during the phase of experimentation stage. The scenario *"the patient convulses",* is based on the *restlessness detection* of the patient which is modeled and recognized through an HMM with four states. In the case of the scenarios related to the activities of the patient we have the scenario *"The patient feels pain*" which is not only based on the motion of the limbs (hands and feet) of the patient, but also on the motion of his head and even more effectively by combining his facial expressions (emotions recognition). Two HMM were used to recognize these scenarios, one with four states for limbs motion recognition (ie scenario *"the patient convulses*") and the other with two states to recognize head motion (Head Left : H_L and Head Right: H_R). Combining the results of basic actions recognition with each of two HMM, we have detected if the patient feels the pain scenario.

5. Conclusion and Future Works

In this paper, we propose a novel monitoring system for the recognition of the human action in medical videos of the intensive care units applied to the video selection in order to design MBB (Medical Black Box). Our approach is based on temporal reasoning by using an extended HSMM. To this end, the temporal Baum-Welch and the temporal forward-backward algorithm of the Semi-Hidden Markov Models are used respectively for learning the important scenarios and recognize them. Several tests were carried out by altering on medical videos gathered by the visual monitoring system at the ICU at cardiology section. They showed promising results. In our future work, a thorough analysis for the learning phase and the impact of duration constraints introduced on the state of the HMM during the training step. We will develop a futuristic monitoring system in ICU using multi sensors in order to achieve information fusion and multisensors video data processing (network of cameras) and contact sensor (physiological sensor, medical monitoring equipment medical). Finally, cooperation and collaboration between different types of sensors will also be explored.

6. References

[1] A. Benouareth, A. Ennaji, and M. Sellami , "HMMs with Explicit State Duration Applied to Handwritten Arabic Word Recognition", *ICPR,* 2006.

[2] Ahouandjinou A. S. R. M., E. C. Ezin, C. Motamed, and P. Gouton, "An approach to correcting image distortion by self calibration stereoscopic scene from multiple views", *SITIS,* 2012.

[3] A-S Silvent., M. Dojat and C. Garbay, "Multi-level temporal abstraction for medical scenario construction", *Special Issue of thrd Internationnal Journl of Signal Processing and Adaptatove Control*, 2004.

[4] C. Meredith and J. Edworthy, "Are there too many alarms in the intensive care unit? An overview of the problems", *Journal of Advanced Nursing, vol. 21, pp. 15-20,* 1995.

[5] C. Motamed, "Motion detection and tracking using belief indicators for an automatic visual-surveillance system", *Image Vision Comput. 24(11): 1192-1201*, 2006.

[6] Duong, Thi, Phung, Dinh, Bui, Hung and Venkatesh, Svetha, "Efficient duration and hierarchical modeling for human activity recognition", *Artificial intelligence, vol. 173, no. 7-8, pp. 830-856, Elsevier BV, Amsterdam, Netherlands*, 2009.

[7] Duong, Thi V., Bui, Hung H., Phung, Dinh Q. and Venkatesh, Svetha, "Activity recognition and abnormality detection with the switching hidden semi-Markov model", *Proceedings of the IEEE Computer Society Conference CVPR*, 2005.

[8] Luhr, Sebastian, Venkatesh, Sventha, West, Geoff and Bui, Hung H.,"Duration abnormality detection in sequences of human activity", *Curtin University of Technology, Perth*, 2004.

[9] Luhr Sebastian,Venkatesh, Svetha West, Geoff A. W. and Bui Hung H., "Explicit state duration HMM for abnormality detection in sequences of human activity", *PRICAI* 2004.

[10] L. R. Rabiner, "A Tutorial on HMMs and Select Applications in Speech Recognition" *IEEE, Vol 77, N° 2, pp: 257-286*, 1989.

[11] M. Dojat and L. Brochard., "Knowledge-based Systems for Automatic Ventilatory Management," *Saunders: Philadelphia, 379–396*, 2001.

[12] M.J. Russel, and R.K Moore, "Explict Modeling of State Occupancy in Hidden Markov Models for Speech Recognition" , *ICASSP*, 1985.

[13] M. Stacey, and C. McGregor, "Temporal abstraction in intelligent clinical data analysis: A survey", *Artificial Intelligence in Medicine 39, 1—24, Elsevier*, 2007.

[14] R. Fonseca1, and P. P. Rodrigues, "the importance of system integration in intensive care units: A review", *International Conference on Health Informatics, " HEALTHINF*, 2011.

[15] S. E. Levinson, "Continuously Variable Duration Hidden Markov Models for Automatic Speech Recognition. Computer", *Speech & Language, Vol 1, N° 1, pp: 29-45*, 1986.

[16] S. Nicholas, A. R. Giannareas, V. Kern, A.V. Trevino, F-M. Margaret and A. L. King, "Insup Lee: Smart alarms: multivariate medical alarm integration for post CABG surgery patients", *IHI: 533-542*, 2012.

[17] V. Seshadri, The Inverse Gaussian Distribution: A Case Study in Exponential Family, Oxford Science Publications, 1993.

[18] Y. Bengio and P. Frascni, "Input/Output HMMs for sequence processing" , *IEEE Transactions on Neural Networks*, 1995.

7. Appendices

7.1. Some Additional Description of Video Dataset

The activities of a patient are derived from these elementary actions, their behavior and their clinical status. As for as the activities of a doctor, they are formed from these elementary actions and these clinical scenes. For each class, two scenarios are recognized in two scenario categories which are: For AD class "Activities of Doctors" have been tested during the experimental phase, and then we have:*, "The doctor provides a patient with medical care"* , *"The doctor carries out a general inspection of ward"* and for the AP class "Activities of the Patient ": *"The patient convulses"*, *"The patient feels pain "*. Figure 4 shows an example of frames for medical videos.

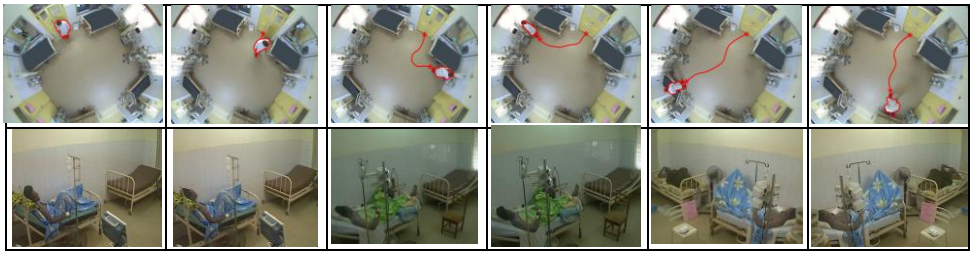


Figure 4: An example for ICU's monitoring video data base

7.2. A succinct analysis of the HMM training results

The analysis of the learning curve of the interest scenario training by the temporal HMM shows the learning performance and the efficiency of the HMM. Its helped us to see that around eighteen and twenty, the learning curve peaked and that remained constant until the end of learning process. We noted that the Gaussian law requires a large amount of data to estimate its parameters, which is not the case of the Poisson distribution. In this work, a deep analysis of the impact of the temporal parameter introduction has not been made. we intend to do it in our future work. Meanwhile, figure 5 show the results of learning scenarios by the temporal HMM.

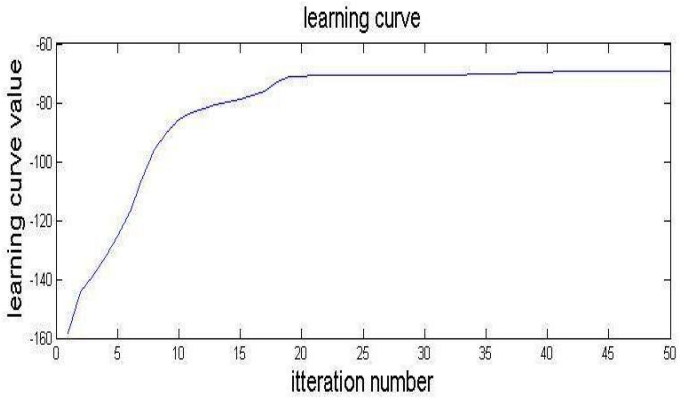


Figure 5: An example Temporal HMM learning curve.

7.3. Description of the scenario modeling using SHMM

7.3.1. Modeling the doctor activities

Concerning the category scenario of the class AD "Activities of Doctors" we have, for instance, the scenario " *The doctor makes a patient care at bed 1*" recognition is performed by the HSMM with three states. Indeed, the time spent by the physician to provide a health care for a patient is first defined and known under normal conditions. This time varies depending on the type of care and therefore differs finally from the time spent by the physician during his visit to the patient in the normal case. See figure 6 for an illustration for HMM topology for recognizing the scenario *"The doctor makes a patient care at bed 1* ".

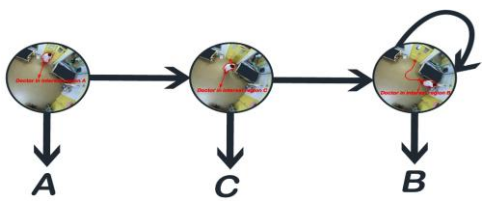


Figure 6: An illustration for HMM topology to recognize the scenario "*"The doctor makes a patient care at the bed 1* "

As in the previous case of scenario recognition, the input states of the HMM are made through the results of detecting and tracking moving objects and those in output symbols representing the codebook to recognize interesting scenarios. A ward inspection by the doctor can begin with any bed. Figure 7 shows an illustration of HMM topology to recognize the scenario *"The doctor carries out a general inspection of visit in the ward"*.

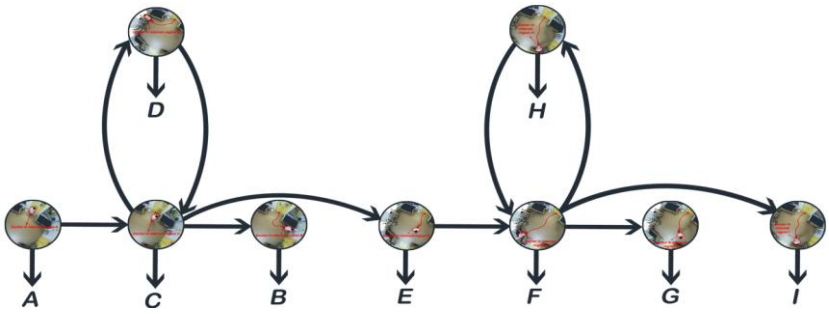
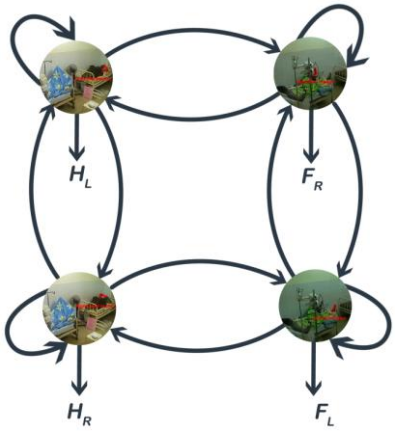


Figure 7: an illustration for HMM topology to recognize the scenario *" The doctor carries out a general inspection of visit in the ward ".*

7.3.2. Modeling the patient activities

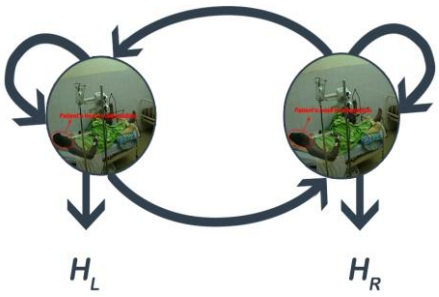
With the *scenario "The patient convulses"*, the convulsion is characterized by several physiological signs in the patient (medical expert information). Therefore, the efficient recognition of this scenario requires a more complex modeling and also sophisticated image acquisition sensors. However, we simplified the modeling and carried out a high-level video scene analysis and interpretation for the recognition of behavior of the patient. We chose to model this scenario based on the limbs sequence motion (hands and feet) of the patient but also his whole body while highlighting the rhythm , cadence and speed of motion of the latter. An HMM with four states was used to recognize this scenario. Each state of HMM enables the modeling and the detecting of these two types of actions (elementary events) motion (slight and/or jerky motion) of the foot (left and/or right), motion (slight and/or jerky motion) hands (left and/or right). Depending sometimes on the state and the speed of the limbs motion by the patient 's body, the scenario *"the patient restlessness"* is characterized and detected. Concerning, the motion of the hands left and right respectively is symbolized by "H_L" called "Left Hand Motion" and "H_R" called "Right Hand motion". With regard to the motion of the left foot and right foot respectively , it is symbolized "F_L " called "Left Foot motion" and "F_R" called "Right Foot motion". Figure 8(a) shows an illustration of HMM topology for recognizing the scenario *"the patient convulses"*. The scenario *"the patient feels pain"* is not only based the motion of the limbs (hands and feet) of the patient, but also based on the motion of his head and even more effectively by combining facial expressions (emotions recognition). The latter is also quite difficult to model using a sensor and needs the use of sophisticated sensors for the patient's face acquisition. We simplified by just combining the limbs motion to those of the heads to in order to detect if the patient feeling of pain. Two HMM were used to recognize this scenario, one with four states for limbs motion recognition (ie the scenario patient convulses) and the other with two states to recognize head motion (head left : H_L and head right: H_L). Combining the results of basics actions recognition with each of the two HMMs, we detect if the patient feels the pain. According to our experiments results which are reported in Table

I, we have noticed a marked improvement in the scenario recognition rate, on average by 30%, compared to the classic HMM. Figure 8(a&b) shows an illustration for HMM topology to recognize the scenario *"the patient feels pain "*.



(a)

Figure 8 (a): an illustration for HMM topology to recognize the scenario "*the patient feels pain*".



(b)

Figure 8(b): an illustration for HMM topology to recognize the scenario "*the patient convulses*".

Scenario types	Classic HMM	Temporal HMM Using Poisson Distribution	Temporal HMM Using Gaussian Distribution)
The doctor makes a patient care	65,00	85,00	90,50
The doctor makes a round visit in the ward	60,60	80,00	90,00
The patient convulses	50,50	75,80	85,00
The patient feels pain	55,00	80,60	85,00

Table I. Some results of scenario recognition rate with temporal HMM (%).

8. Acknowledgments

We thank the cardiology section team at CNHU (Centre National Hospitalier Universitaire) who provided the ICUs video dataset from the visual-surveillance system in hospital. We thank also Professor Hippolyte AGBOTON in charge of cardiology section research team.

Les Processus Ponctuels Marqués pour L'extraction des Prototypes des Classes des Distributions Multidimensionnelles

HENNI Khadidja* — ZAOUI Lynda* — ELIDRISSI Abdellatif** — ALATA Olivier*** — MOUSSA Ahmed ****

* Département d'informatique
Université des Sciences et Technologie 'Mohamed Boudiaf' USTO-MB, Oran-Algérie
Email: khadidja.henni, lynda.zaoui@univ-usto.dz
** Laboratoire LTI, ENSAT, Université Abdelmalek Essaadi, BP 1818, Tanger-Maroc
Email : latf.elid@gmail.com
*** Laboratoire Hubert Curien, UMR 5516, Université Jean Monnet, Saint-Etienne-France
Email : olivier.alata@univ-stetienne.fr
**** Laboratoire LabTIC, ENSAT, Université Abdelmalek Essaadi, BP 1818, Tanger-Maroc
Email : moussa@ensat.ac.ma

RÉSUMÉ. Nous présentons dans ce travail un nouvel algorithme de détection de prototypes de classes, basé sur les processus ponctuels marqués. Il s'agit d'une adaptation de : l'algorithme de Métropolis-Hasting-Green RJMCMC qui génère des mouvements manipulant les objets du processus (naissance, mort,..); la théorie de Gibbs qui présente la fonction de potentiel du processus sous une forme énergétique et le recuit simulé qui vise à optimiser l'énergie de la configuration. Nous avons appliqué cet algorithme sur des données ponctuelles multidimensionnelles où les classes sont non linéairement séparables et nous avons prouvé l'efficacité de cet algorithme par une comparaison avec des méthodes existantes.

ABSTRACT. We present in this work a new algorithm for prototype classes detection based on marked point processes. It is an adaptation of : the Metropolis-Hasting-Green algorithm RJMCMC that generats several mouvements to manipulate the objects processes (birth, death, ..); the Gibbs theory that presents the potential function of the process by an energy value and the simulated annealing, which aims to optimize the energy of the configuration. We have applied this algorithm on multi-dimensional point data on the separable data, and overlapped data, where we have proved the effictiveness of this new method compared to others classical methods.

MOTS-CLÉS : Classification automatique, Processus ponctuels marqué, Détection des modes, Algorithme de Metropolis Hasting-Green RJMCMC.

KEYWORDS : Automatic classification, Marked point processes, Mode detection, Metropolis Hasting-Green algorithm RJMCMC.

1. Introduction

La classification automatique non supervisée des données multidimensionnelles consiste à attribuer une classe à chaque objet sans aucune information à priori. Il existe une très large famille de méthodes dédiées à la classification automatique, telles que les méthodes de partitionnement (k-means) [1] où le regroupement des observations en classes se fait sur des considérations géométriques, nécessitant ainsi de définir une mesure de la proximité entre observations et de choisir soigneusement les variables de calcul des distances [2]. Les méthodes probabilistes sont aussi des méthodes de classification automatique où le sens d'homogénéité des classes est différent ; elles s'appuient sur l'analyse de la densité de probabilité de la population [2]. Nous citons l'algorithme de mélanges de distributions qui traduit l'homogénéité par le fait que les observations doivent être issues d'une même distribution. Bien qu'il soit performant, son principal problème est sa forte dépendance aux valeurs initiales [2], surtout du choix du modèle paramétrique utilisé. Les champs de Markov sont aussi des méthodes probabilistes, employées dans la détection des modes de classes à partir des données multidimensionnelles [3]. Leurs limites principales sont : d'une part le nombre de variables aléatoires qui doit être fixé et qui est une connaissance a priori forte que nous n'avons pas dans la plupart des cas ; et d'autre part, les contraintes qui matérialisent les interactions locales qui sont difficiles à prendre en compte. Pour résoudre ce type de problèmes notamment dans un contexte probabiliste, nous proposons dans ce papier l'adaptation des processus d'objets pour la classification automatique des données multidimensionnelles. L'idée clé est de considérer les distributions des données comme une réalisation d'un processus ponctuel marqué, où les marques sont des objets géométriques (hyper-sphères), nous espérons que les objets de base se localisent dans les régions de forte concentration des données et l'intersection de ces derniers produit les objets complexes qui sont les modes de classes que nous recherchons. Ensuite, nous affectons les observations non prototypes aux classes correspondantes par l'algorithme kppv [4].

2. Modélisation du processus ponctuels marqués

Les processus ponctuels décrivent des distributions de points dans l'espace, ils sont construits sur des contraintes définies préalablement et dont le plus simple est le processus de Poisson qui traduit la notion d'uniformité dans l'espace en suivant une loi de Poisson [5]. Si le processus impose des contraintes d'interaction entre les points de voisinage, il est dit Markovien [6]. Les processus ponctuels marqués sont des processus d'objets ayant une position et une marque géométrique [6]. Ils sont définis par leur densité par rapport à une mesure de Poisson de référence, la densité du processus peut s'exprimer sous forme énergétique $\frac{1}{z}exp[-U(x)]$, où $U(x)$ représente l'énergie du processus de Gibbs [5] et Z une constante de normalisation.

La répartition aléatoire des observations dans l'espace engendre la constitution des régions à concentration élevée ; ces régions sont les modes de classes recherchées. Les modes de classes sont des nuages de points de différentes formes, caractérisés par une densité élevée (Figure 1) et sont composés des observations prototypes. L'objectif de ce travail est l'extraction des prototypes des classes à partir des distributions multidimensionnelles. Vu que nous sommes dans un cadre non supervisé et que nous traitons des

distributions sans connaissance a priori, nous avons opté pour l'utilisation des processus d'objets qui prennent tout leur sens dans notre problématique : les objets sont censés se placer dans les régions à forte concentration de données en concordant des contraintes d'interaction, nous espérons que l'intersection des objets épouse les modes des classes recherchés. De ce fait, nous sommes face à deux champs :

– Le champ des observations Y : il correspond à l'ensemble multidimensionnel des données observées, $Y_j = [y_{1,j}, ..., y_{q,j}, ..., y_{Q,j}]$ où j est la dimension, $j = 1, .., n, ...N$ et Q est le nombre d'observations.

– Le champ des configurations X : une configuration x correspond à l'ensemble des objets composant le processus qui sont des hyper-sphères représentées par des centres $y_{q,n}$ et un rayon r qui définit le voisinage de l'objet. Nous recherchons la configuration $x \in X$ optimale et nous notons l'hypersphère $hs(y_{q,n}; r) \in x / y_{q,n} \in Y; r \in [r_{min}, r_{max}]$.

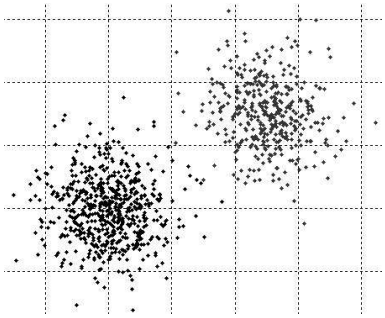


Figure 1. *Données brutes*

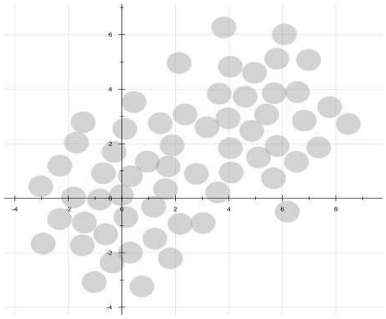


Figure 2. *Configuration initiale*

2.1. Adaptation des processus ponctuels d'objets pour le problème de détection des modes de classes

La création d'un processus d'objets est liée à la définition de sa densité qui est exprimée par une fonction d'énergie. L'énergie du processus est la somme de l'énergie d'attache aux données U_{data} et de l'énergie d'interaction U_{inter}.

$$U(x|\theta) = U_{data}(x, \theta) + U_{inter}(x, \theta) \quad [1]$$

où $U(x|\theta)$ est l'énergie de la configuration x en fonction du vecteur de paramètres θ.

1) Énergie d'attache aux données : L'énergie d'attache aux données est modélisée par le modèle détecteur [7] comme suit :

$$U_{data}(x, \theta) = -\sum_{hs \in x} V(hs) \quad [2]$$

où $V(hs)$ est la fonction de potentiel associée à l'hypersphère $hs(y_{q,n}; r)$, le potentiel d'une hypersphère tient compte des critères locaux. $V(hs)$ la fonction de potentiel de l'objet hs aura une valeur qui favorise l'acceptation des objets bien positionnés. Un objet est dit bien positionné s'il couvre au moins n_{min} observations et sa densité est supérieur à d_{min}. Si l'objet est mal positionné, $V(hs)$ aura une valeur qui réduit les chances d'acceptation de l'objet. où n_{min} et d_{min} sont des paramètres du vecteur θ.

2) Énergie d'interaction : nous proposons de modéliser l'énergie d'interaction par :

$$U_{inter}(x|\theta) = \sigma(hs) + |c(x)| \log \gamma - nbr(x) \log \beta \quad [3]$$

$\sigma(hs)$ est le terme de répulsion entre deux objet, il empêche le recouvrement en pénalisant les cas de recouvrement et les cas qui ressemblent au recouvrement, $|c(x)|$ est le nombre de composantes connexes, ce terme favorise la création des composantes connexes dans une région de forte concentration des données en fonction de la variance du champ observable et $nbr(x)$ est le nombre d'objets dans la configuration x. $\gamma et \beta$ sont des paramètres régulateurs qui vont équilibrer la création des objets par rapport à la création des composantes connexes.

2.2. Algorithme de détection de modes de classes

L'algorithme consiste à employer un processus d'objets et de les manipuler de sorte qu'ils se localisent dans les régions que nous souhaitons extraire. Il se déroule en deux étapes :

–> **Initialisation :** La première étape de l'algorithme consiste à générer un ensemble initial d'objets qui doit couvrir toutes les observations disponibles (Figure 2). L'algorithme crée des objets de rayon = r_{max} et tire leurs centres du champ d'observations. Tant qu'il y a des observations qui ne sont pas couvertes par un objet, l'algorithme continue la génération d'objets. Et donc le nombre des observations est supérieur ou égal aux nombres des objets.

–> **Simulation :** La deuxième étape est la simulation du processus d'objets, nous avons adapté la méthode de Metropolis-Hastings-Green [8]. Cette méthode considère un noyau de proposition de plusieurs mouvements et calcule un rapport dit, rapport de Hastings qui aide l'algorithme à accepter ou à refuser le mouvement, elle considère les mouvements naissance et mort. Nous avons ajouté deux mouvements, le déplacement et le changement de marque. Cette méthode s'adapte parfaitement avec notre problématique, car elle ne se limite pas qu'à la naissance et la mort, mais elle permet d'ajouter d'autres mouvements, c'est aussi un processus de naissance avec rejets, ce qui permet de cesser la croissance des objets, favorisant ainsi une stabilisation de l'algorithme.

Le tableau suivant résume les quatre noyaux de proposition et le rapport d'acceptation de chacun :

Mouvement	Probabilité	Rapport de Hastings
Naissance	$p_1 \times p_b$	$\frac{p_d}{p_b} \frac{f(x)}{f(x)} \frac{v(x)}{nbr(x)+1}$
Mort	$p_1 \times p_d$	$\frac{p_b}{p_d} \frac{f(x)}{f(x)} \frac{nbr(x)}{v(x)}$
déplacement/changement de marque	p_2	$\frac{f(x)}{f(x)}$

Tableau 1. Les noyaux de proposition et rapports de Hastings correspondants

Où p_b est la probabilité de naissance, $p_d = 1 - p_b$ est la probabilité de mort, $f(x)$ est la fonction de potentiel de la configuration x, $nbr(x)$ est le nombre d'objets et $v(x)$ est la mesure de l'espace des objets.

La simulation se déroule en répétant les étapes suivantes, tant que le nombre d'objets et l'énergie du processus ne se sont pas stabilisés :

L'algorithme commence par faire un tirage aléatoire pour décider le mouvement (naissance, mort, déplacement et changement de marque).

4

- Naissance : La création d'un objet hs nécessite la définition : d'un centre qui sera tiré aléatoirement du champ des observations ; d'un rayon qui sera aussi choisi aléatoirement dans l'intervalle $[r_{min}, r_{max}]$. La nouvelle configuration sera $\tilde{x} = x \cup hs$

- Mort : La mort nécessite un tirage aléatoire d'un objet hs de la configuration x. La nouvelle configuration sera $\tilde{x} = x \backslash hs$

- Déplacement : Le déplacement nécessite un tirage aléatoire d'un objet hs de la configuration x, un choix aléatoire d'un centre du champ des observations et le rayon reste inchangé.

- Changement de marque : Le changement d'échelle de l'objet hs qui est tiré aléatoirement de la configuration x, nécessite un tirage aléatoire de la nouvelle valeur du rayon dans l'intervalle $[r_{min}, r_{max}]$.

Après la simulation d'un mouvement, l'algorithme calcule la fonction énergétique de la nouvelle configuration $U(\tilde{x}|\theta)$ en évaluant son énergie d'attache aux données et son énergie d'interaction.

À ce moment l'algorithme décide d'accepter ou de refuser le mouvement, pour cela, il calcule le rapport de Hasting (Tableau 1) et tire une valeur aléatoire, si cette dernière est inférieure à $\alpha(\alpha = min\{1, R\})$, le mouvement est accordé et $x^i = \tilde{x}$ sinon le mouvement est refusé et nous gardons l'ancienne configuration ($x^{(i-1)}$).

L'optimisation est une étape indispensable pour la minimisation de l'énergie du processus d'objets, nous proposons d'utiliser la méthode du recuit simulé[8], qui permet d'explorer divers minima locaux et propose un schéma de descente logarithmique en attachant une température décroissante T au processus pour assurer la convergence. Par conséquent la fonction de potentiel devient $f(\tilde{x}) = f(\tilde{x})^{\frac{1}{T_i}}$. où T_i est la température du système à l'itération i.

À la fin de l'algorithme, les objets se localisent sur les régions de forte concentration de données (Figures 3 et 4), l'intersection des objets constitue les modes de classes recherchées.

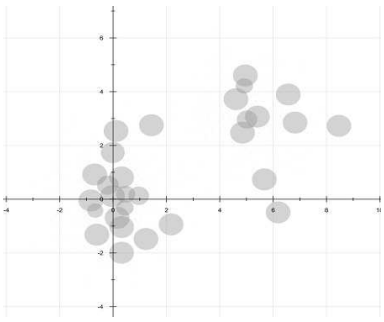


Figure 3. *Configuration à l'itération 500.*

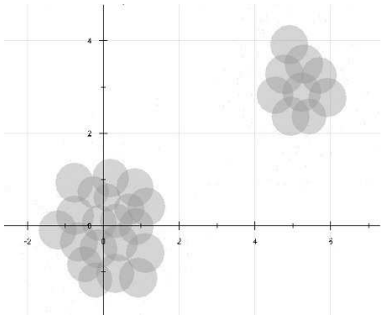


Figure 4. *Configuration à l'itération 10000 (finale).*

2.3. Ajustement des paramètres du modèle

Le paramètre le plus important et celui qui influence la réponse de l'algorithme est sans doute l'échelle des objets. Qui prend sa valeur dans l'intervalle [r_{min},r_{max}], nous

considérons r_{min} la plus petite distance entre les observations, ceci garantit qu'un objet couvre au moins deux observations. r_{max} dépend de la taille des données, du degré de dispersion des données et de la dimension de l'espace de données. Il a une grande influence sur le nombre de classes et par conséquent sur la classification des données.

Vu son importance, nous utilisons une heuristique employée dans [3] [9] qui consiste à passer par une phase d'apprentissage, afin de trouver la meilleure valeur de r_{max}, nous exécutons l'algorithme pour différentes valeurs de r_{max} et nous prenons la valeur médiane de l'intervalle qui assure une stabilité dans le nombre de modes détectés (Figure 5).

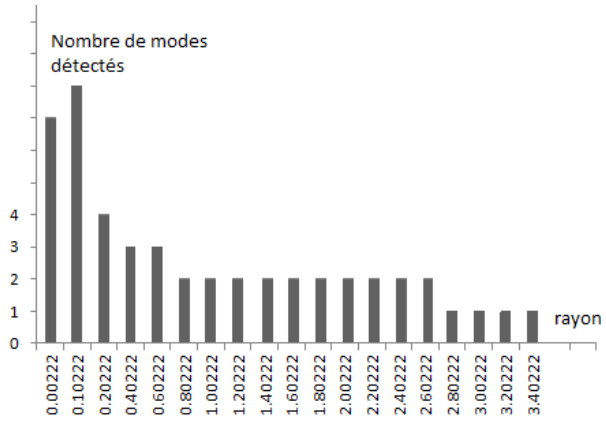


Figure 5. *Évolution du nombre de modes de classes détectés en fonction du rayon.*

3. Résultats expérimentaux

Nous avons appliqué l'algorithme proposé sur des données ponctuelles linéairement et non linéairement séparables pour détecter les différentes classes. Afin d'affecter les points non-prototypes, nous avons utilisé l'algorithme de K-ppv amélioré proposé dans [4] pour l'affectation des points aux classes détectées par les méthodes morphologiques.

Nous présentons une comparaison entre l'algorithme proposé, l'algorithme de K-means [1] et l'algorithme basé sur les champs de Markov dans [3].

Le premier ensemble de données que nous avons utilisé est composé de trois classes générées suivant une distribution Gaussienne et comportant 400 observations chacune (Figure 6), l'algorithme s'est stabilisé après l'itération 10000, la Figure 7 montre la localisation des objets dans les régions de fortes concentrations de données.

Le deuxième exemple est composé de deux classes, de 400 points chacune (Figure 8), les classes sont non linéairement séparables, la Figure 9 montre la localisation des objets dans les régions de fortes concentrations de données.

Nous avons aussi testé notre algorithme sur un exemple constitué de 2 classes sous forme d'anneaux entrelacés en 3 dimensions, utilisé dans [3]. Les résultats de classification sont représentés dans le Tableau 2, la matrice de confusion montre les observations mal classées, une comparaison entre les taux d'erreur des différents algorithmes prouve l'efficacité de notre algorithme. Nous remarquons que les algorithmes ont donné des taux

6

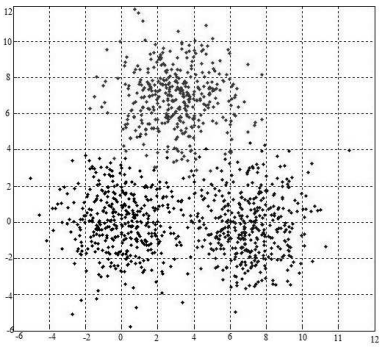


Figure 6. *Données brutes*

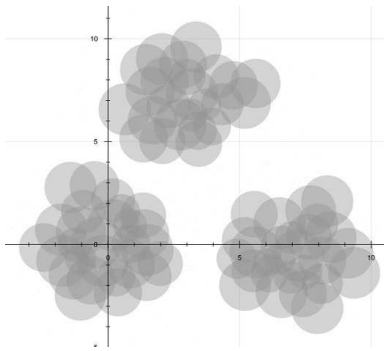


Figure 7. *Modes des classes détectés*

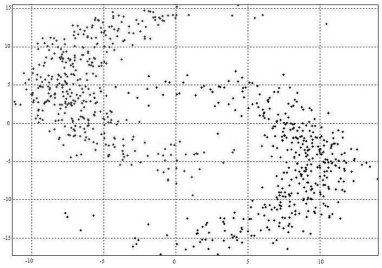


Figure 8. *Données brutes*

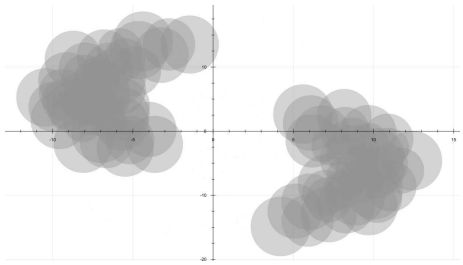


Figure 9. *Modes des classes détectés*

d'erreurs comparables sur les données linéairement séparables, mais dans le cas des données plus complexes, notre algorithme et l'algorithme de [3] ont donné des taux d'erreurs relativement faibles par rapport au kmeans.

		Exemple 1	Exemple 2	Exemple 3
Notre algorithme	Matrice de confusion	$\begin{pmatrix} 387 & 4 & 2 \\ 3 & 390 & 2 \\ 10 & 6 & 396 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 386 & 7 \\ 14 & 393 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 2000 & 1 \\ 0 & 1999 \end{pmatrix}$
	Taux d'erreur	2.25%	2.625%	0.025%
Algorithme de [3]	Matrice de confusion	$\begin{pmatrix} 388 & 4 & 6 \\ 2 & 394 & 3 \\ 10 & 2 & 391 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 388 & 14 \\ 12 & 386 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 1999 & 3 \\ 1 & 1997 \end{pmatrix}$
	Taux d'erreur	2.25%	3.25%	0.05%
K-means	Matrice de confusion	$\begin{pmatrix} 391 & 7 & 10 \\ 3 & 389 & 3 \\ 6 & 4 & 387 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 363 & 36 \\ 37 & 364 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 1284 & 642 \\ 716 & 1358 \end{pmatrix}$
	Taux d'erreur	2.75%	9.11%	33.95%

Tableau 3. Tableau comparatif entre notre algorithme, l'algorithme proposé dans [3] et K-means.

4. Conclusion

Nous avons proposé une nouvelle technique de détection de prototypes des classes à partir des distributions multidimensionnelles. Cette technique est fondée sur les processus ponctuels marqués. Nous avons modélisé la fonction énergétique du processus de sorte que le processus final soit composé d'objets bien positionnés localisés sur les régions de fortes concentrations de données. Les valeurs des paramètres de la méthode seront estimées selon des facteurs statistiques et géométriques de la distribution des données observées. Les résultats de détection de prototypes des classes ont montré l'efficacité de l'algorithme proposé, nous avons comparé notre méthode avec la méthode de K-means et une méthode développée par les auteurs, cette nouvelle méthode a donné des résultats de classification relativement meilleurs. Nous souhaitons en perspective d'appliquer cet algorithme sur des données complexes issues de la bioinformatique où la complexité, le chevauchement et la non-séparabilité des données sont bien prononcés.

5. Bibliographie

[1] H. RALAMBONDRAINY, « A conceptual version of the K-means algorithm », *Pattern Recognition*, vol. 16, page 1147-1157, 1995.

[2] C. BIERNACKI, G. CELEUX AND G. GOVAERT, « Assessing a mixture model for clustering with the integrated completed likelihood », *IEEE Trans. on PAMI*, vol. 22, 719-725, 2000.

[3] A. MOUSSA, A. SBIHI AND J.-G. POSTAIRE, « A Markov random field model for mode detection in cluster analysis », *Science Direct, Pattern Recognition Letters*, vol. 9, page197-1207,2008

[4] L.J. BUTUROVIC, « Improving k-nearest neighbor density and error estimates », *Pattern Recognition*, vol. 26, page 611-616, 1993.

[5] P. CLIFFORD, « Markov Random Fields in statistics », *Disorder in Physical Systems : A Volume in Honour of John M. Hammersley*, page 19-32, 1990.

[6] M.S. KULIKOVA, I.H. JERMYN, X. DESCOMBES, E. ZHIZHINA ET J. ZERUBIA, « A Marked Point Process Model Including Strong Prior Shape Information Applied to Multiple Object Extraction From Images », *International Journal of Computer Vision and Image Processing*, vol. 1(2) : page 1-12, 2011.

[7] R.S. STOICA, E. GAY AND A. KRETZSCHMAR, « Cluster detection in spatial data based on Monte Carlo inference », *Biometrical Journal*, vol. 49(4),page 505-519, 2007

[8] P. J. GREEN, « Reversible jump Markov chain Monte Carlo computation and Bayesian model determination », *Biometrika*, vol. 82. page 711-732, 1995.

[9] J. G. POSTAIRE AND C.P.C VASSEUR, « An Approximate Solution to Normal Mixture Identification with Application to Unsupervised Pattern Classification », *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions*, vol. PAMI-3. page 163-179 , 1981.

[10] R.O. DUDA, P.E. HART AND D.G. STORK, « Pattern Classification », *Wiley-Interscience*, Second Edition, 2001.

[11] R.S. STOICA, V.J. MARTINEZ AND E. SAAR, « Filaments in observed and mock galaxy catalogues », *Astronomy and Astrophysics*, vol. 510 (A38), page 1-12, 2010.

[12] F. LAFARGE, G. GIMELFARB ET X. DESCOMBES, « Geometric feature extraction by a multi-marked point process », *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 32(9), page 1597-1609, 2009.

H2S-SOM : Une méthode de soft-subspace clustering basée sur SOM pour la sélection de variables en classification

F. Kaly[1, 2,3], N. Niang[4], M. Ouattara[4], A. Niang[1,3], S. Thiria[3]
B. Marticorena[2], S. Janicot[3]

[1] LTI, UCAD, Dakar, Sénégal

[2] LISA, UMR CNRS 7583 ; IPSL ; UPEC ; UPD, Créteil, France

[3] LOCEAN, UMR 7159 CNRS-IRD-UPMC-MNHN; IPSL, Paris, France

[4] Statistique Appliquée, CNAM 292, rue Saint Martin, 75141 Paris Cedex 03, France

fak_01@hotmail.com

RÉSUMÉ.

Nous proposons une méthode de sélection de variables en classification basée sur les cartes topologiques auto-organisées SOM. Elle utilise la méthode de subspace clustering 2S-SOM dans un processus hiérarchique à deux niveaux. Le premier niveau fournit un système de poids évaluant les contributions relatives des variables et des blocs aux groupes d'observations et permettant de sélectionner les variables pertinentes. 2S-SOM est à nouveau utilisée sur ces dernières pour déterminer la partition finale des observations au niveau 2. La méthode est évaluée sur des données simulées et réelles. En particulier, l'application sur des données météorologiques montre que la sélection des variables au niveau 1 facilite l'interprétation des classes obtenues au niveau 2.

ABSTRACT.

We propose a method of feature selection in classification based on self-organized maps SOM. It uses the method of subspace clustering 2S-SOM in two hierarchical steps. The first level provides a system of weight, evaluating the relative contributions of the variables and the blocks to the groups of observations and making it possible to select the relevant variables. 2S-SOM is again used on the selected variables to determine the final partition of the observations to the level 2. The method is evaluated on simulated and real data. In particular, the application on meteorological data shows that the selection of variables at the level 1 facilitates the interpretation of the classes obtained at the level 2.

MOTS-CLÉS : Subspace clustering, SOM, Sélection des variables, Classification.

KEYWORDS: Subspace clustering, SOM, Feature selection, Clustering.

1. Introduction

Les méthodes de classification non-supervisées (ou clustering) permettent d'explorer des données non-labélisées dans le but de trouver des groupes d'observations homogènes et bien séparés. Les récentes avancées technologiques en termes de capacité de stockage d'informations d'une part, et la multiplication des sources d'informations d'autre part, contribuent à la mise en place de bases de données complexes et de grande dimension. Dans des domaines tels que la génétique, la finance et les études météorologiques par exemple, on rencontre des données de grande dimension. De plus ces données peuvent présenter une structure en plusieurs blocs de variables caractérisant chacune une vue particulière sur les données recueillies selon une thématique spécifique, on parle de données multi-vues ou multi-blocs. La majorité des mesures de distance perdent leur pouvoir discriminant au fur et à mesure que la dimension augmente ; les observations étant pratiquement tout équidistantes les unes par rapport aux autres (Parsons et al. 2004).

En outre, en l'absence d'une structure globale de corrélation entre les variables (ce qui est souvent le cas en grande dimension à cause de la présence possible de variables souvent distribuées uniformément), la similarité entre deux observations est souvent portée par un nombre limité de variables. Les classes sont donc à rechercher dans des sous-espaces de l'espace initial, on parle alors de méthode de *subspace clustering*. Le principe des méthodes de *subspace clustering* reposent sur la recherche de sous espaces de l'espace initial permettant une meilleure détection et interprétation des groupes d'individus (Agrawal et al. 1998).

Ces méthodes peuvent être classées en deux grandes familles. Les méthodes de hard subspace clustering qui déterminent le sous-espace exact permettant de déterminer les classes d'une partition. Elles utilisent en général les méthodes de classification basées sur un maillage de l'espace des observations en définissant pour chaque dimension un histogramme. Puis, les intervalles ayant une densité d'observations supérieure à un seuil fixé a priori définissent des classes pour chaque variable. Les auteurs font ensuite l'hypothèse que si un espace de q dimensions présente une forte densité d'observations alors tout espace composé de q-1 dimensions de cet espace est aussi dense. Ce principe conduit à des classes qui se chevauchent. Cette famille de méthodes comprend entre autres les méthodes CLIQUE, ENCLUS (Agrawal et al. 1998).

Citons aussi les méthodes de Bi-partitionnement ou de Co-clustering qui recherchent une partition des observations et une partition des variables dont les classes caractérisent les classes des observations. Cette famille de méthodes a suscité beaucoup d'intérêt dans les domaines tels que l'analyse de données textuelles et la génétique où l'objectif est de définir des classes de documents par des classes de mots ou de gènes. Elles visent à obtenir des blocs individus/variables ou lignes/colonnes les plus homogènes selon des critères métriques ou probabilistes. Il existe plusieurs algorithmes de bi-partitionnement (Charrad et Ben Ahmed 2011). On retrouve d'une part, les méthodes de bi-partitionnement simple qui appliquent un algorithme de classification simple sur les lignes et sur les colonnes séparément. Les bi-classes sont

construites à partir des classes obtenues sur les lignes et sur les colonnes. Cette famille inclut les méthodes Croeuc, Croki2, Crobin et Cromul présentées par Govaert (1983, 1984) dont la difficulté réside dans le choix du nombre de classes en ligne et en colonne. Nadif et Govaert (1993), présentent un formalisme du problème de la classification croisée sous l'approche modèle de mélange pour mieux appréhender les résultats fournis par ces algorithmes, Jollois (2003) présente ensuite une extension des algorithmes Croeuc et Crobin aux modèles de mélange permettant ainsi de surmonter les difficultés liées au choix du nombre de classes.

D'autre part, les méthodes divisives procèdent par découpage itératif afin d'aboutir à des classes. Cette famille inclut les méthodes one-way splitting et two-way splitting de Hartigan (1975). Dans le cas des cartes topologiques Allab et al. (2011) proposent Bi-SOM un algorithme de bipartitionnement basée sur les cartes auto-organisatrices (SOM), qui traite simultanément les individus et les variables dans une seule carte et qui fournit un outil de visualisation des classes dans une structure topologique. Le principal inconvénient de l'approche Bi-SOM concerne le chevauchement des classes d'individus qui engendre des difficultés supplémentaires d'interprétation des classes d'individus.

La deuxième famille concerne les méthodes de soft subspace clustering qui affectent des poids aux variables puis, les sous espaces sont déterminés par les variables ayant les plus forts poids. Huang et al. (2005) dans W-K-Means puis Jing et al. (2007) dans Entropy weighting K-Means (EWKM) proposent de définir un système de pondération par modification de la fonction de coût associée à l'algorithme des K-Moyennes en y introduisant des poids. Dans la méthode EWKM, les auteurs minimisent simultanément, l'inertie intra-classe et maximise un terme d'entropie négatif dans le processus d'apprentissage. EWKM calcule pour chaque variable des poids inversement proportionnels à leur variance dans chaque classe. Le sous-espace de variables pertinentes pour chaque classe est défini en se basant sur ces poids, facilitant ainsi l'interprétation des classes.

Dans le cas particulier des données initialement structurées en blocs de variables où chaque bloc à sa spécificité, la perturbation apportée par les variables de bruit d'un bloc peut être atténuée par l'information globale apportée par le bloc d'où la necessité de définir des poids sur les blocs initiaux. Cependant, peu de méthodes de subspace clustering prennent en compte la structure initialement multi-blocs des données en classification sans perdre la notion de spécificité des blocs.

Des approches récentes basées sur l'introduction dans la méthode des K-moyennes d'une pondération des variables ou des blocs permettent de prendre en compte en plus de la grande dimension, la structure multi-blocs (Chen et al. 2012). Plus récemment, ces approches ont été étendues, à travers une nouvelle méthode 2S-SOM (Ouattara, 2014), aux cartes auto-organisées ou self organizing maps (SOM) (Kohonen, 1998) permettant ainsi d'exploiter les propriétés de visualisation de SOM. Elle repose sur l'introduction d'un système de pondération sur les variables et sur les blocs par modification de la fonction de coût de SOM constituant ainsi une méthode de soft subspace clustering.

Nous proposons une approche hiérarchique de sélection de variables en classification fondée sur une double utilisation de 2S-SOM. Dans une première application, 2S-SOM fournit un système de poids à partir duquel on recherche des variables ou des blocs pertinents par comparaison des poids à un seuil fixé. Ensuite, une deuxième utilisation de 2S-SOM sur les variables sélectionnées fournit la partition recherchée.
La méthode proposée est présentée en section 2 après les notations et la description de 2S-SOM. La section 3 présente son illustration sur des données réelles. La section 4 est consacrée à la conclusion.

2. Soft-Subspace clustering basé sur SOM: 2S-SOM

Nous disposons de N observations z_i décrites par p variables divisées en B blocs. On recherche une partition des observations en K classes.
Les notations suivantes seront utilisées :

- Z la matrice de N observations $z_i \in \mathbb{R}^p$ avec $i = 1, \dots, N$
- $V = \{z^1, \dots, z^j, \dots, z^p\}$ l'ensemble des variables divisé en B blocs de p_b variables chacun tels que $p_1 + \cdots + p_b + \cdots + p_B = p$
- α est une matrice $K \times B$ où K désigne le nombre de classes dans Z, α_{cb} est le poids du bloc b dans la classe c de Z.
- $\beta = [\beta_1, \dots, \beta_B]$ est une matrice $K \times p$ où β_b est une matrice de dimension $K \times p_b$ définissant les poids $\beta_{cbj} (j = 1, \dots, p_b)$ sur les variables du bloc b pour chaque classe c de Z.

2.1. 2S-SOM

Les cartes topologiques auto-organisées sont utilisées pour quantifier et visualiser des données numériques de grande dimension dans un espace de faible dimension, généralement 1 ou 2 dimensions, appelé carte topologique. De manière générale, la méthode suppose l'existence d'une carte discrète C ayant K cellules c structurées par des graphes non-orientés permettant de définir a priori une distance entre les cellules. Dans la suite, nous utiliserons indifféremment les termes cellule ou classe. Chaque cellule de la carte est représentée par un vecteur référent ou prototype w_c synthétisant l'information de la cellule. L'algorithme SOM initial des cartes topologiques consiste à minimiser de manière itérative en deux phases la fonction de coût (équation 1)(Kohonen, 1998):

$$J_{som}^{T}(Z, W) = \sum_{i=1}^{N} \sum_{c \in C} K^T(\sigma(\chi(z_i), c)) \sum_{j=1}^{p} \left(z_i^j - w_c^j\right)^2 \qquad (1)$$

Dans cette expression, $\chi(z_i) = \text{argmin}_{c \in C}(\sum_{r \in C} K^T(\chi(z_i), c) \sum_{j=1}^{p} (z_i^j - w_c^j)^2)$ représente une fonction d'affectation des observations z_i à la cellule c dont le vecteur référent est le plus proche, W est l'ensemble des vecteurs référents w_c des cellules c. La quantité K^T, σ et le paramètre T associé définissent respectivement une fonction décroissante évaluant le voisinage entre deux cellules c et r de la carte, la distance entre deux neurones sur la carte et la taille du voisinage d'une cellule.

Dans le cas des données en bloc, l'approche de type subspace clustering 2S-SOM repose sur une modification de la fonction de coût de SOM en introduisant un double système de poids $\alpha_{cb}(b = 1, \cdots, B)$ et $\beta_{cbj}(j = 1, \cdots, p_b)$ définis respectivement sur les blocs et sur les variables pour chaque cellule $c \in C$. La classification et les poids relatifs à la pertinence des blocs et des variables sont donc obtenus par minimisation de la fonction objectif J_{2S-SOM}^T définie par la relation suivante (équation 2) :

$$J_{2S-SOM}^T(\chi, W, \alpha, \beta) = \sum_{c \in C} \left(\sum_{b=1}^{B} \left(\sum_{i=1}^{N} \alpha_{cb} K^T(\sigma(\chi(z_i), c))\, d_{\beta_{cb}}(i) + J_{cb} \right) + I_c \right) \quad (2)$$

Avec $d_{\beta_{cb}}(i) = \sum_{j=1}^{p_b} \beta_{cbj} (z_i^j - w_c^j)^2$ avec les contraintes :

$$\begin{cases} \sum_{j=1}^{p_b} \beta_{cbj} = 1,\ \beta_{cbj} \in [0,1], \forall\, c \in C, \forall\, b \\ \sum_{b=1}^{B} \alpha_{cb} = 1\,,\ \alpha_{cb} \in [0,1], \forall\, c \in C \end{cases}$$

$I_c = \lambda \sum_{b=1}^{B} \alpha_{cb} \log(\alpha_{cb})$ et $J_{cb} = \eta \sum_{j=1}^{p_b} \beta_{cbj} \log(\beta_{cbj})$ représentent des termes entropies négatives pondérées et associées aux vecteurs poids relatifs aux blocs et aux variables pour une cellule c. La minimisation de la fonction de coût J_{2S-SOM}^T s'effectue de façon alternée en quatre étapes dont les deux premières phases d'affectation des observations aux classes et d'actualisation des vecteurs référents sont identiques à celles de la méthode SOM. Les valeurs des poids sont supposées connues et fixées à leur valeur courante. On a alors :

- Étape 1 : les référents W sont connus et fixés, les observations sont affectées aux cellules en respectant l'équation :
  $\chi(z_i) = \text{argmin}_{c \in C}\left(\sum_{r \in C}\left(\sum_{b=1}^{B} \alpha_{cb} K^T(\sigma(r, c))\, d_{\beta_{cb}}(i)\right)\right)$
- Etape 2 : Actualisation des centres de classe à l'aide de l'équation (3) :

$$w_c^T = \frac{\sum_{i=1}^{N} K^T(\sigma(\chi(z_i), c)) z_i}{\sum_{i=1}^{N} K^T(\sigma(\chi(z_i), c))} \quad (3)$$

A l'aide du lagrangien de la fonction J_{2S-SOM}^T relativement aux quantités α et β on détermine les poids α et β associés respectivement aux blocs et aux variables. Ainsi, on obtient :

- Étape 3 : les paramètres χ, W et β sont connus et fixés à leur valeur courante. On a :

$$\alpha_{cb} = \frac{e^{-\frac{\psi_{cb}}{\lambda}}}{\sum_{b=1}^{B} e^{-\frac{\psi_{cb}}{\lambda}}} \quad (4)$$

avec

$$\psi_{cb} = \sum_{z_i \in \mathrm{c}, \mathrm{c} \neq \mathrm{r}} K^T(r,c)\mathrm{d}_{\beta_{cb}}(\mathrm{i}) + K^T(c,c)\sum_{z_i \in \mathrm{c}} \mathrm{d}_{\beta_{cb}}(\mathrm{i}) \quad (5)$$

- Étape 4: les paramètres χ, W et α sont connus et fixés à leur valeur courante.

On a : $$\beta_{cbj} = \frac{e^{-\frac{\phi_{cbj}}{\eta}}}{\sum_{j=1}^{p_b} e^{-\frac{\phi_{cbj}}{\eta}}} \quad (6)$$

avec

$$\phi_{cbj} = \sum_{z_i \in \mathrm{c}, \mathrm{c} \neq \mathrm{r}} \alpha_{cb} K^T(\mathrm{r},\mathrm{c})\left(\mathrm{z}_{\mathrm{ib}}^{\mathrm{j}} - \mathrm{w}_{\mathrm{ib}}^{\mathrm{j}}\right)^2 + K^T(c,c)\sum_{z_i \in \mathrm{c}} \alpha_{cb}\left(\mathrm{z}_{\mathrm{ib}}^{\mathrm{j}} - \mathrm{w}_{\mathrm{ib}}^{\mathrm{j}}\right)^2 \quad (7)$$

Le poids d'une variable ou d'un bloc sera donc d'autant plus important qu'elle minimise simultanément l'inertie des observations appartenant à la classe c et la somme des carrées des distances entre les observations appartenant aux cellules r du voisinage T de la cellule c et son référent w_c. Les coefficients de pondération α_{cb} et β_{cbj} définis par 2S-SOM indiquent respectivement l'importance relative des blocs et des variables dans les classes. Ainsi, plus le poids d'un bloc b ou d'une variable j est important, plus le bloc ou la variable contribue à la définition de la classe au sens où elle permet de réduire la variabilité des observations dans la cellule et dans son voisinage proche. Finalement, à la convergence, 2S-SOM fournit d'une part une carte topologique permettant de visualiser les données et d'autre part des systèmes de poids pour les classes de la classification.

L'initialisation de la taille de la carte est basée sur les heuristiques faisant intervenir le nombre d'observations dans la détermination du nombre de cellules de la carte telles que présentées par exemple dans Vesanto (1999). Ceci peut conduire à des cartes de grandes dimensions (pour *N* grand). Dans ce cas, en vue de faciliter l'interprétation des classes, il est possible d'appliquer un algorithme de classification ascendante hiérarchique (CAH) sous contrainte de voisinage sur la matrice composée des vecteurs référents pour réduire ce grand nombre de cellules en un nombre restreint K' de classes (Gordon, 1996 ; Yacoub, 2001) contenant $n_{k'}$ cellules de la carte. La contrainte de voisinage dans la CAH permet alors de conserver la topologie des observations fournie par la carte 2S-SOM.

2.3. Evaluation des variables pertinentes pour chaque classe de la CAH

Chaque classe k' de la CAH est associée, pour chaque variable et chaque bloc, à $n_{k'}$ poids inversement proportionnels à l'inertie des observations dans les cellules de la carte. Nous proposons d'estimer le poids de la classe par la moyenne de ces poids :

$\gamma_{k'bj} = \sum_{c=1}^{n_{k'}} \beta_{c_{k'}bj}$ et $\delta_{k'b} = \sum_{c=1}^{n_{k'}} \alpha_{c_{k'}b}$ où $c_{k'}$ désigne les cellules appartenant à la classe k' de la CAH. Sous hypothèse d'une bonne conservation de la topologie des observations sur la carte C, dans les classes de la CAH sont regroupés les neurones présentant les mêmes caractéristiques par rapport aux variables. Autrement dit, la distance entre deux individus appartenant à deux cellules différentes d'une même classe de la CAH est souvent plus faible que leur distance à une observation d'une autre classe. Les poids étant inversement proportionnels à l'inertie des observations dans les cellules de la carte, dans une classe de la CAH, les poids d'une variable auront tendance à être proches présentant alors une faible variabilité. D'autres estimations plus robustes peuvent être envisagées.

On considère une variable pertinente pour la classification si son poids $\gamma_{k'bj}$ dans la classe est supérieur à $\frac{1}{p_b}$ contribution moyenne des variables de son bloc. De manière identique, les blocs pertinents pour une classe sont ceux ayant des poids $\delta_{k'b}$ en moyenne supérieurs à $\frac{1}{B}$.

Ainsi, il est possible de sélectionner l'ensemble des variables pertinentes pour les blocs à travers une première application de la méthode 2S-SOM. L'approche hiérarchique que nous proposons ici, consiste ensuite, à appliquer de nouveau 2S-SOM sur les variables sélectionnées pour obtenir la partition recherchée. La méthode permet une simplification de l'interprétation des classes obtenues grâce à la réduction du nombre de variables associée à une bonne conservation de la qualité de la partition comme cela est illustré ci-dessous sur des données labellisées.

Le jeu de données Image Segmentation (IS) issu du site de UCI (Université de Californie à Irvine) et les données simulées D ont servi à évaluer les performances de la méthode en terme d'indice de Rappel, de F-mesure et de Pureté relativement aux étiquettes des données (Cf Annexe 1).

Tableau 1 : Comparaisons des performances de la méthode 2S-SOM avant (2S-SOM1) et après (2S-SOM2) la sélection des variables.

		Rappel	F-mesure	Pureté
D	2S-SOM1	0.48	0.62	0.51
	2S-SOM2	**0.61**	**0.70**	**0.71**
IS	2S-SOM1	0.60	0.65	0.71
	2S-SOM2	**0.75**	**0.79**	**0.82**

On observe que la partition obtenue au niveau 2 (2S-SOM2) est plus ressemblante aux étiquettes des données. Ce qui montre effectivement qu'en moyenne des poids forts sont attribués aux variables les plus importantes dans les classes de la CAH.

3. Application

3.1 Données

Les données utilisées, sont les champs météorologiques ré-analysées ERAInterim du centre européen de prévision météorologique (ECMWF). Les produits sont fournis toutes les 3 heures selon des grilles superposées en altitude correspondant aux 9 niveaux de pressions (1000 hpa, 925 hpa, 850 hpa, 700 hpa, 500 hpa, 400 hpa, 300 hpa, 250 hpa, 200hpa) et dont chaque maille carrée de 0.5° de coté décrit l'état de l'atmosphère. Ces données sont constituées de variables, telles que la température (T), l'humidité spécifique (Q), le géopotentiel (Z), le vent zonal(U) et le vent méridien (V), la hauteur de la couche limite (BLH), la vitesse verticale du vent (W) qui vont nous servir à la classification des données. En nous inspirant des travaux de (Yahi, H. et al 2013), pour chacune des variables, on a extrait 17 pixels centrés sur la station de Mbour sur chacun des 9 niveaux de pression. L'étude porte sur les données de la saison sèche (d'Octobre à Mai) de chaque année, de 2006 à 2010. Ainsi, on a formé une base de données de 9727 observations sur 935 variables.

Pour faire cette étude, nous avons utilisé la base de données en tenant compte de deux blocs, un bloc composé 612 variables et un autre composé de 323 variables. Une carte topologique a été réalisée avec 2S-SOM introduisant pour chaque bloc et pour chaque variable un système de poids adaptatifs. A partir des poids adaptatifs on pourra identifier les variables et les blocs les plus importants dans la classification.

3. 2 Résultats

Au niveau 1 de l'algorithme, plusieurs applications de 2S-SOM ont été réalisées en faisant varier les paramètres d'initialisation, notamment les paramètres λ et η, les dimensions et paramètres du voisinage de cellule de carte étant définis par le principe d'initialisation proposée par Vesanto (1999). La meilleure carte en termes de quantification vectorielle est retenue. La projection d'une variable de la base de données sur la carte obtenue montre une bonne organisation de la carte. Les autres variables n'ont pas été représentées à cause du nombre important de variables d'apprentissage, mais un travail préalable a été effectué pour s'assurer de leur bonne organisation avant de procéder à l'exploitation de cette carte topologique. Les 2 blocs de la base contribuent à égal niveau dans les cellules de la carte du niveau 1. On observe cependant, que le bloc 1 à des contributions relativement supérieures pour la majorité des cellules de la carte du niveau 2 (Cf. Figure 2 en Annexe 2). La suppression des variables de bruit révèle mieux la véritable structure des données.

Concernant les variables, nous évaluons leur pertinence dans les 6 classes obtenues par la CAH avec le critère de Ward. La représentation des classes obtenues est présentée sur la figure 3 (Cf Annexe 2). Les variables pertinentes, celles dont le poids moyen $\gamma_{k'bj}$ sur

les cellules d'une classe est supérieure à $\frac{1}{p_b}$ sont sélectionnées pour les classes. 38% (351 variables) des variables ne sont pertinentes pour aucune classe. Les 62% (584 variables) des variables restantes ont servi à déterminer la partition finale au niveau 2.
La concordance des deux classifications obtenues sur les mêmes observations au niveau 1 et 2 a été évaluée avec l'Indice de Rand qui est une mesure de similarité entre deux partitions d'un même ensemble. Son principe est, pour chaque paire d'objets, de voir si elle a été classée de la même façon dans les deux partitions. L'indice de Rand obtenu entre les deux classifications est de 0.85. Ce qui montre qu'il existe une très bonne similarité entre les deux partitions et que le fait de supprimer les variables les moins importantes n'a pas un grand effet sur la classification.
La base de données de 584 variables pertinentes contient 371 variables du bloc 1 et 213 variables du bloc 2. Pour le bloc 1, on a 126 variables pour T, 123 variables pour U, 16 variables pour V et 116 variables pour Z. Pour le bloc 2, 153 variables pour Q, 49 variables pour W et 11 variables pour BLH. Pour chaque paramètre, la majorité des variables sélectionnées est caractéristique d'une ou plusieurs profils donnés. Par exemple la majorité des 16 variables du paramètre V sélectionnées est mesurée au niveau de pression 300 hpa. L'utilisation de 2S-SOM au niveau 2 a permis d'avoir des classes avec une saisonnalité particulière chacune (Cf. Figure 5 en Annexe 2) ce qui permet de dire qu'à la sortie, la sélection de variables permet d'avoir des résultats cohérents interprétable du point de vue géophysique.

4. Conclusion

Dans cette communication nous avons proposé une approche de sélection des variables en classification. Les meilleurs résultats de classification obtenus sur les variables pertinentes sélectionnées au niveau 1 vis-à-vis des données étiquetées montrent l'intérêt de ce processus de filtrage. De plus, l'application de la méthode sur les données météorologiques montre que nous avons proposé une méthode originale de sélection de variable permettant de fournir en sortie un résultat compréhensible et visuel des clusters identifiés.
Notre méthode nécessite de prendre pour seuil de chaque bloc le poids moyen des variables du bloc. Ainsi une amélioration possible consisterait à déterminer de façon statistique le seuil de sélection des variables.

Bibliographie

Allab, K., Benabdeslem, K., et Aussem, A. (2011). Une approche de co-classification automatique à base des cartes topologiques. *Revue des Nouvelles Technologies de l'information (RNTI)*, 1-24.

Agrawal, R., J. Gehrke, D. Gunopulos, et P. Raghavan (1998). Automatic subspace clustering of high dimensional data for data mining applications. pp. 94–105.

Charrad M et Ben Ahmed M : Simultaneous clustering : A survey. In Kuznetsov S, Mandal D, Kundu M et Pal S, éditeurs : Pattern Recognition and Machine Intelligence, volume 6744, pages 370_375. Springer Berlin Heidelberg, 2011

Chen, X., Y. Ye, et al. (2012). A feature group weighting method for subspace clustering of high-dimensional data. Pattern Recogn 45(1), 434–446.

Gordon, A. et M. Vichi (1998). Partitions of partitions. Journal of Classification 15 (2), 265–285.

Govaert G : Classification croisée. Thèse d'état, Université Paris, 6, 1983.

Govaert G : Classification simultanée de tableaux binaires. In E. Diday, M. Jambu, Jollois F.-X : Contribution de la classification automatique à la fouille de données. These de Doctorat, Université de Metz, 12, 2003.

L. Lebart, J. Pages, and R. Tomassone, editors, Data analysis and informatics III,North Holland, 67(337)(1):233-236

Nadif M et Govaert G (1984) : Binary clustering with missing data. Applied stochastic models and data analysis, 9(1):59-71.

Huang J. Z, Ng M. K, Rong H et Li Z : Automated variable weighting in k-means type clustering. IEEE Transaction on pattern analysis and machine intelligence, 27(5):657 668, 2005.

Jing, L., M. Ng, et J. Huang (2007). An entropy weighting k-means algorithm for subspace clustering of high-dimensional sparse data. Knowledge and Data Engineering, IEEE Transactions on 19 (8), 1026 –1041.

Kohonen, T. (1998). The self-organizing map. Neurocomputing 21(1-3).

Ouattara, M., N. Niang, F. Badran, et C. Mandin., (2014). 2S-SOM : une méthode de soft-subspace clustering pour données multi-blocs basée sur les cartes topologiques auto-organisées. Revue des Nouvelles Technologies de l'information (RNTI).

Parsons, L., E. Haque, et H. Liu (2004). Subspace clustering for high dimensional data: a review. SIGKDD Explor. Newsl. 6, 90–105.

Vesanto, J., Himberg, J., Alhoniemi, E., & Parhankangas, J. (1999, November). Self-organizing map in Matlab: the SOM Toolbox. In *Proceedings of the Matlab DSP conference* (Vol. 99, pp. 16-17).

Yacoub, M., Niang, N., Badran, F., & Thiria, S. (2001). A new hierarchical clustering method using topological map. *ASMDA (Applied Stochastic Models and Data Analysis)*

Yahi, H., B. Marticorena, S. Thiria, B. Chatenet, C. Schmechtig, J. L. Rajot, M. Crepon 2013. Statistical relationship between PM10 surface concentration and Aerosol Optical Depth over the Sahel as a function of weather types with the help of neural networks methods. Journal of Geophysical Research (Impact Factor: 3.17). 12/2013; 118(23): 13, 265.

Annexe 1

Les indices de comparaison de deux partitions C et C'

Nous désignons par :

- N_{11}, le nombre de fois où deux observations sont dans une même classe dans C et dans une classe C' (accords positifs)
- N_{10}, le nombre de fois où deux observations sont dans la même classe de C et dans des classes différentes dans C'.
- N_{01}, le nombre de fois où deux observations sont dans la même classe de C et des classes différentes C'
- N_{00}, le nombre de fois où deux observations sont dans des classes différentes de C et de C' (accords négatifs)

L'indice de précision indique la probabilité que deux objets soient regroupés dans la partition C s'ils le sont dans la partition C' :

$$\boldsymbol{Précision}(\mathrm{C},\mathrm{C}') = \frac{\boldsymbol{N_{11}}}{\boldsymbol{N_{11}+N_{01}}} \qquad (\mathbf{8})$$

Le coefficient de rappel évalue la probabilité que deux objets soient regroupés dans la partition C s'ils le sont dans la partition C' :

$$\boldsymbol{Rappel}(\mathrm{C},\mathrm{C}') = \frac{\boldsymbol{N_{11}}}{\boldsymbol{N_{11}+N_{10}}} \qquad (\mathbf{9})$$

La F-mesure est la moyenne harmonique de l'indice de précision et du coefficient de rappel :

$$\boldsymbol{F-mesure}(\mathrm{C},\mathrm{C}') = \frac{\text{précision}(\mathrm{C},\mathrm{C}') \times \text{rapp}(\mathrm{C},\mathrm{C}')}{\text{précision}(\mathrm{C},\mathrm{C}') + \text{rapp}(\mathrm{C},\mathrm{C}')} \qquad (\mathbf{10})$$

La pureté d'une partition s'évalue en quantifiant la cohérence d'une partition par rapport une autre. La manière la plus simple d'évaluer la pureté est de rechercher le label majoritaire de chaque classe et de sommer le nombre d'observations ayant le label majoritaire par classe. La pureté se définit alors simplement par l'expression suivante :

$$\boldsymbol{Pureté}\left(\mathrm{C},\mathrm{C}^{'}\right) = \frac{\mathbf{1}}{\boldsymbol{N}}\sum_{\boldsymbol{k=1}}^{\boldsymbol{K}} \boldsymbol{argmax}_{\mathrm{Ci}}(\boldsymbol{n_{kl}}) \qquad (\mathbf{11})$$

$\boldsymbol{n_{kl}}$ est le nombre d'observation dans la classe $\boldsymbol{k}$ de $\boldsymbol{C}$ et dans la classe $\boldsymbol{l}$ de $\boldsymbol{C'}$.

L'indice de Rand indique la proportion de paires d'observations pour lesquelles deux partitions sont en accord.

$$\boldsymbol{Rand}(\mathrm{C},\mathrm{C}') = \frac{\boldsymbol{N_{11}+N_{00}}}{\boldsymbol{N_{11}+N_{10}+N_{01}+N_{00}}} \qquad (\mathbf{12})$$

Annexe 2

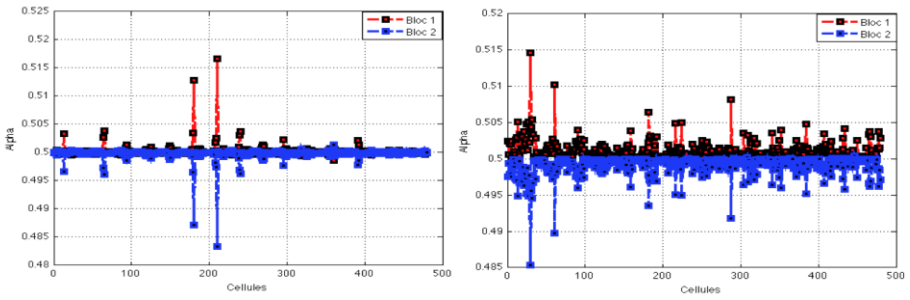
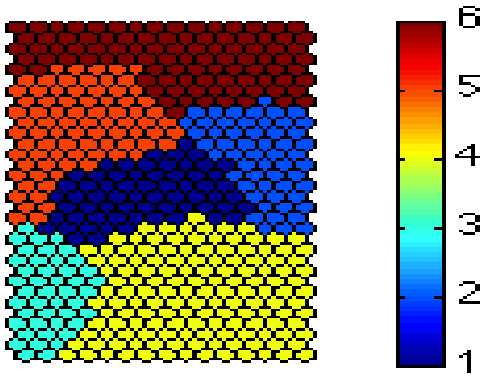


Figure 2 : Les poids des blocs au niveau 1 (à gauche) et au niveau 2 (à droite) pour les cellules de la carte



Figures 3 : Les classes obtenues après une CAH sur le résultat de 2S-SOM(les chiffres sur la barre représentent les numéros de classes)

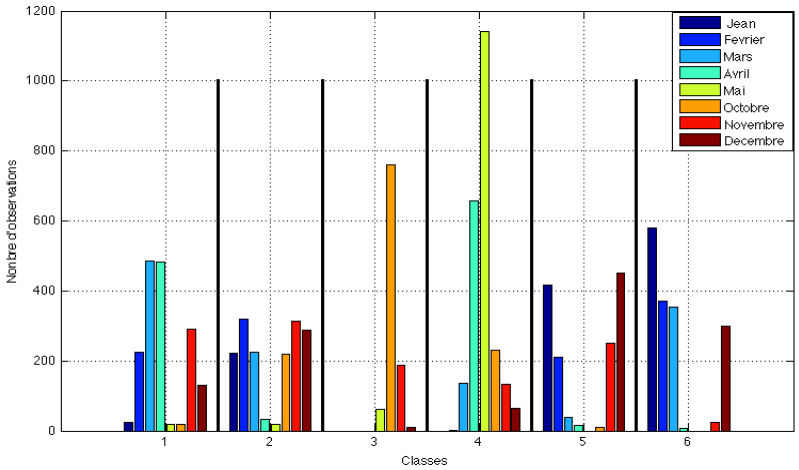


Figure 5 : Saisonnalité des classes obtenues au niveau 2 de la méthode

Accounting for correlated observation errors in image data assimilation

Vincent Chabot[*,1,2] — Arthur Vidard[*,1] — Maëlle Nodet[*,2] — Nicolas Papadakis[**]

[*] (1)INRIA and (2)Grenoble Universités,
Laboratoire Jean Kuntzmann 51 rue des Mathématiques, 38041 Grenoble cedex 09
vincent.chabot@imag.fr,arthur.vidard@imag.fr,maelle.nodet@inria.fr

[**] CNRS
Institut de Mathématiques de Bordeaux
351 Cours de la Libération, 33405 TALENCE Cedex, France
nicolas.papadakis@math.u-bordeaux1.fr

ABSTRACT. Satellites images can provide a lot of information on the earth system evolution. Although those sequences are frequently used, the importance of spatial error correlation are rarely taken into account in practice. This results in discarding a huge part of the information content of satellite image sequences. In this paper, we investigate a method based on wavelet or curvelet transforms to represent (at an affordable cost) some of the observation error correlation in a data assimilation context. We address the topic of monitoring the initial state of a system through the variational assimilation of images corrupted by a spatially correlated noise. The feasibility and the reliability of the approach is demonstrated in an academic context.

RÉSUMÉ. Les images satellites sont une source importante d'information sur l'évolution du système terre. Bien que ces séquences d'images soient de plus en plus utilisées, l'importance des corrélations spatiales entre les erreurs présentes en leur sein est rarement prise en compte en pratique. Cela conduit à une sous utilisation de l'information contenue dans ces données. Dans cet article, une nouvelle manière (peu coûteuse) d'intégrer cette information dans le cadre de l'assimilation de données est proposée. Le problème de l'utilisation d'images corrompues par un bruit fortement corrélé en espace afin de contrôler l'état initial du système est abordé. La faisabilité et la pertinence de l'approche proposée est démontrée dans le cadre d'une configuration académique.

KEYWORDS : Data assimilation, covariance modelling, wavelet, curvelet

MOTS-CLÉS : Assimilation de données, modélisation de covariance, ondelettes, courbelettes

1. Introduction

One of the problems in numerical weather prediction is the determination of the initial state of the system. Indeed, the true state of the atmosphere and ocean, at a given moment and in all points of space, are not accessible. In order to retrieve an optimal initial condition one uses the so called data assimilation methods that combine information from observations, model equations and their respective error statistics.

Since the late 70s, various satellites were put into orbit in order to increase our knowledge of the atmosphere and ocean. Geostationary satellites produce, among other things, sequences of images showing the dynamical evolution of certain types of weather and ocean objects such as clouds, fronts, vortices, ...

Currently, in numerical models of weather prediction, the information contained in this type of sequences is considered through AMV (Atmospheric Motion Vector). They are pseudo-observation of wind velocities derived from satellite image sequences using cross-correlation techniques. However, the error due to the pre-processing of images usually can not be quantified accurately and the information in the estimated velocity fields is therefore difficult to use in practice.

More recently several researches led to propose ways of assimilating images avoiding the use of pseudo-observation. Among them one can cite [3] where they incorporate optical flow constraint directly in the optimality system and [4] where a sequence of model equivalent to the image is created and compared to the observed image. However the description of observation error statistics in this framework has been overlooked so far. In the present paper, an extension of this method is presented in section 3 using several ways to quantify the difference between model and observation. Then the robustness to correlated observation error is then studied in an academic context in section 4.

2. General formulation of variational data assimilation

Let $\mathcal{M}$ be a dynamical model describing the evolution of the state variable X:

$$\left\| \begin{array}{l} \partial_t \mathrm{X}(\mathrm{X}_0, \boldsymbol{x}, t) + \mathcal{M}(\mathrm{X}(\mathrm{X}_0, \boldsymbol{x}, t)) = 0 \\ \mathrm{X}(\mathrm{X}_0, \boldsymbol{x}, t_0) = \mathrm{X}_0 \end{array} \right. \tag{1}$$

Let $Y(t)$ be (partial) observations of this state variable. the aim of data assimilation is to estimate an optimal initial condition X_0^a (often called analysed state) so that it is not far from the first guess X_0^b (in general coming from a previous forecast), and that the model trajectory $\mathrm{X}(\mathrm{X}_0^a, \boldsymbol{x}, t)$ is close to the observations $Y(t)$. This is done by defining X_0^a as the minimum of the cost function:

$$\begin{aligned} J(\mathrm{X}_0) &= J_b(\mathrm{X}_0) + J_o(\mathrm{X}_0) \\ &= \frac{1}{2}\|\mathrm{X}_0 - \mathrm{X}_0^b\|_{\mathcal{V}}^2 + \frac{1}{2}\int_{t_0}^{t_f} ||Y(t) - \mathcal{H}(\mathrm{X}(\mathrm{X}_0, x, t))||_{\mathcal{O}}^2 \, dt, \end{aligned} \tag{2}$$

where $\mathcal{V}$ is the model state space, $\mathcal{O}$ the observation space and $\mathcal{H} : \mathcal{V} \mapsto \mathcal{O}$ the observation operator. Usually, in variational data assimilation, the minimisation is done using a gradient descent type algorithm and the gradient is computed using adjoint methods as advocated by [2].

Typically in data assimilation one uses the Mahalanobis distance $\|.\|_{\mathcal{V}}^2 = \|.\|_B^2$ and $\|\|_{\mathcal{O}}^2 = \|.\|_R^2$ with

$$\left\|\mathbf{X}\right\|_R^2 = \mathbf{X}^T R^{-1} \mathbf{X} \tag{3}$$

where R and B are the observation and background error covariance matrices respectively.

The choice of B and R is crucial in data assimilation. In this paper B is constructed using the general diffusion approach advocated by [6]. R will depend on the way the observation and the model are compared and this is the actual focus of the paper.

Note 1. *For real application, the size of the R matrix makes its storage and its inversion very difficult. Consequently, in this study we will only focus on diagonal approximations (whatever the considered distance). This important to design tractable methods*

3. Image observation operator and associated metrics

As in [4] we assume that we can create q^{synth} a model equivalent to q^{obs} the observed image (an example of such possibility is given in section 4.2).

To perform data assimilation one requires the definition of a distance between observed images and model output. In this paper we investigated several possibilities:

– a pixel to pixel comparison (L^2 norm):

$$\begin{aligned} J_o(\mathrm{X}_0) &= \frac{1}{2}\int_{t_0}^{t_f} ||Y(t) - \mathcal{H}(\mathrm{X}(\mathrm{X}_0, \boldsymbol{x}, t))||_{\mathcal{O}}^2 \\ &= \sum_{t_0}^{t_f} \|q^{obs}(t) - q^{synth}(t)\|_{R_{Pix}}^2 \end{aligned} \tag{4}$$

– Comparison of the image gradients (H^1 seminorm):

$$J_o(\mathrm{X}_0) = \sum_{t_0}^{t_f} \left\|\nabla q^{obs}(t) - \nabla q^{synth}(t)\right\|_{R_{Grad}}^2 \tag{5}$$

with ∇ the spatial gradient operator computed using a second order centred finite difference scheme. This approach is motivated by the fact that the information about the dynamics of the system within the tracers sequence lies mainly in its discontinuities.

– Comparison using multi-scale decompositions.

$$J_o(\mathrm{X}_0) = \sum_{t_0}^{t_f} \|W(q^{synth}(t)) - W(q^{obs}(t))\|^2_{R_W} \tag{6}$$

where W is the chosen multi-scale decomposition operator. In this paper two such decompositions are studied namely a wavelet and a curvelet decomposition. The chosen wavelet decomposition is the classical 8 vanishing moments Daubechies and curvelets are described in [1].

In the following we will refer to equations (4,5,6) as R_{pix}, R_{grad}, R_W and R_C respectively (the last two representing wavelet and curvelet decomposition).

4. Twin experiments results

4.1. Experimental context

In order to assess the robustness of the proposed distances, we performed so-called twin experiments where synthetic observations are created using a model output. Subsequently we apply a correlated noise to these synthetic observation and use them in an assimilation experiment. Doing so we have a perfect knowledge of the 'truth' and of the observation error statistics.

In these experiments the dynamics of the system are described by the shallow water equations:

$$\left\{ \begin{array}{lcl} \partial_t u - (f+\zeta)v + \partial_x B &=& -ru + \kappa\Delta u \\ \partial_t v + (f+\zeta)u + \partial_y B &=& -rv + \kappa\Delta v \\ \partial_t h + \partial_x(hu) + \partial_y(hv) &=& 0. \end{array} \right. \tag{7}$$

where $\zeta = \partial_x v - \partial_y u$ is the relative vorticity, $B = g^* h + \frac{u^2+v^2}{2}$ is the Bernouilli potential, for which g^* is the reduced gravity, f is the Coriolis parameter, κ the diffusion coefficient and r the bottom friction coefficient.

The 'true' initial condition (u_0^t, v_0^t, h_0^t) showed in figure 1 simulates the evolution of an isolated vortex in a laboratory experiment using the CORIOLIS [1] turntable.

1. http://coriolis.legi.grenoble-inp.fr

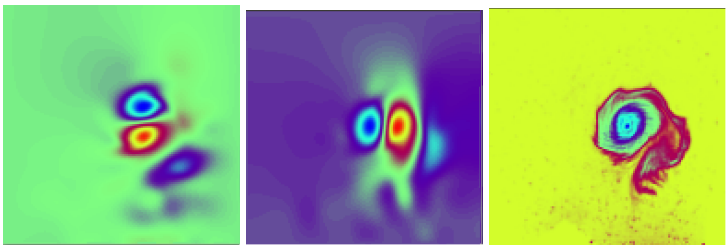


Figure 1. *Left and centre show the zonal (u_0^t) and meridional (v_0^t) components of the 'true' initial velocity field. Right is the first image of passive tracer concentration (q_0^t).*

4.2. Synthetic observations generation

In order to create this synthetic image sequence one assume that the observes quantities correspond to passive tracers that are advected by the dynamic of the system following:

$$\partial_t q + u\partial_x q + v\partial_y q - \nu_T \Delta q = 0 \tag{8}$$

where u and v are the zonal and meridional component of the velocities computed from $\mathcal{M}$, and ν_T is a diffusion coefficient. Equation (8), assuming $q^{synth}(t_0)$ is available, allows to produce an image sequence $q^{synth}(t_i)$ which can in turn be compared to observed images $q^{obs}(t_i)$. Both equations (7) and (8) are tuned to mimic real-life behavior.

However, as mentioned above, in a twin expriment framework the observations also are synthetic. They are generated by transporting the 'true' initial passive tracer concentration q_0^t via equation (8) and using the velocity fields coming from a model simulation starting from the 'true' initial condition. In our academic case, both equations are at the same resolution, but for more realistic applications, one would have to solve (8) at the image resolution (hence interpolating u and v).

Once this sequence of 'true' concentration fields is obtains one add a correlated-in-space Gaussian noise, simulating the effect of observation error. In this paper we used three different level of noise. An example of the effect of these noises is shown in figure 2.

In our data assimilation experiments, only indirect observations (passive tracer concentrations q^t) are used while the model initial condition (u_0, v_0, h_0) is controlled.

4.3. Experimental results

In order to evaluate the effect of the choice of J_o on the quality of the results, the twin experiments described in section 4.1 are performed using observations presented in section 4.2. The starting point (hereafter the background) of the minimisation problem (2) is the system at rest, i.e. $(u_0^b, v_0^b, h_0^b) = (0, 0, h_{mean})$.

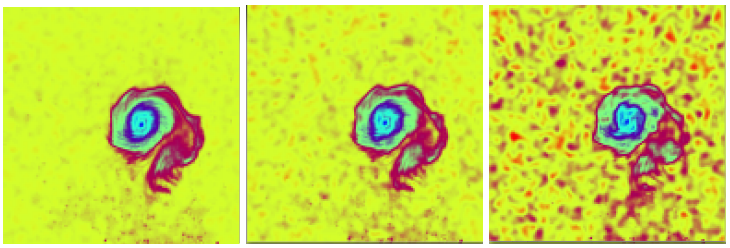


Figure 2. *Examples of noisy observations for each studied noise levels. The corresponding Signal to Noise Ratio (SNR) are from left to right 26.8 dB, 20.8 dB and 14.8 dB respectively.*

For every J_o mentioned in section 3, one needs to described the observation error covariance matrix, bearing in mind that, we will only used diagonal approximations.

R **in pixels' space:** Even though the noise is correlated in space, its repartition within the image sequence is homogeneous in space and time. Consequently each pixel's variance is identical. Therefore if we use in (4) the diagonal of the complete covariance matrix R_{Pix}^{true}, we get

$$R_{Pix} = \text{Diag}(R_{Pix}^{true}) = \sigma^2 \text{I}_n. \tag{9}$$

R **in gradients' space:** In addition to being homogeneous, the used noise presents isotropic correlations. Consequently the diagonal of the complete covariance matrix used in (5) is:

$$R_{Grad} = \text{Diag}(R_{Grad}^{true}) = \tilde{\sigma}^2 \text{I}_{2n}. \tag{10}$$

Note 2. *Let $I_x(i,j)$ the x-direction component of the gradient, its variance is:*

$$\begin{aligned}\tilde{\sigma}^2 = V(I_x(i,j)) =& V\left(\frac{I(i+1,j) - I(i-1,j)}{2}\right) \\ =& \frac{V(I(i+1,j)) + V(I(i-1,j))}{4} - \frac{Cov(I(i+1,j), I(i-1,j))}{2} \\ =& \frac{\sigma^2}{2}(1 - Cor\,(I(i+1,j), I(i-1,j)))\end{aligned}$$

where $Cor(I,J)$ is the correlation coefficient between I and J. This variance depends strongly on the correlations within the observed signal itself. The larger this correlation the smaller $I_x(i,j)$ variance. Therefore a correlated noise would have less impact in the gradient space.

R **in a multi-scale basis:** Knowing the covariance matrix in the pixels' space it is possible to construct its equivalent in the multi-scale basis. It can be done analytically for the wavelets (see for instance [5]) or can be computed empirically for the curvelets.

	Pixel	Grad	Wavelets	Curvelets
14.8 dB	59.8%	33.3%	9.1%	9.7%
20.8 dB	25.6%	17.3%	7.5%	9.2%
26.8 dB	15.1%	11.8%	7.0%	9.7%
Perfect data	7.6%			

Table 1. *Mean over 10 experiments of the residual error on the zonal component of the analysed velocity u_0^a respect to that of the background u_0^b (in percent). Presented for the three levels of noise and for the proposed distances.*

As mentioned before, in (6) we use:

$$R_W = \text{Diag}\left(W R_{Pix}^{true} W^T\right) \tag{11}$$

Note 3. *There is equivalence with formulation* (4) *when*

$$R_W = W R_{Pix} W^T. \tag{12}$$

However, in this case we restrict the matrices to diagonal approximations and:

$$\begin{aligned} R_W &= \textit{Diag}\left(W R_{Pix}^{true} W^T\right) \\ &\neq W \textit{Diag}\left(R_{Pix}^{true}\right) W^T. \end{aligned} \tag{13}$$

Therefore, here (4) *and* (6) *are not identical and we will show that it allows for better representation of error statistics.*

For a spatially correlated noise, the variance of the corresponding multi-scale decomposition coefficients is strongly scale dependent. Consequently the diagonal matrix R_W defined above is not proportional to the identity. This has important implications as illustrated in figure 3, which shows the covariances in pixels' space when using the diagonal approximations in pixel, wavelet and curvelet space compared to the complete covariances.

4.4. Numerical results

Table 1 presents the residual error on the zonal component of the analysed velocity u_0^a (the result of the minimisation) respect to that of the background. Similar results can be seen for the meridional component (not shown). Note that this quantities are not directly observed.

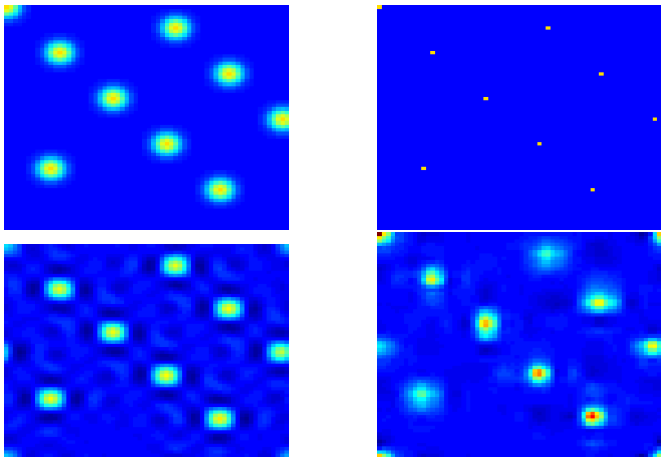


Figure 3. *This figure represents the spatial covariances between 9 individual pixels and their close neighbours in pixels' space. Top left: complete covariances. Top right: using the diagonal approximation* (9) *in the pixels' space. Bottom left: using the diagonal* R_W *in a curvet space. Bottom right: using the diagonal* R_W *in a wavelet space.*

The results obtained for the R_{pix}-norm are shown in the first column. Note that the residual error greatly depends on noise level, which means that the distance between pixels using a diagonal R is not really robust to correlated noise (as expected).

The second column of Table 1 shows the results obtained when using R_{grad}-seminorm. A greater reduction of the error in this case is observed compared to the previous case. These results can be explained if one considers that, "locally", additive correlated-in-space noise introduces a "bias" in the pixels' space. The gradients, by construction are not affected by biases, therefore they are less sensitive to the correlated part of the noise (see note 2).

The performances achieved using a non-proportional to the identity R_W and R_C are shown in the third and fourth columns of table 1. The residual error in both is much lower than in previous two cases. Here the robustness to the level of noise is impressive: the errors in the use of the most noisy sequences are less important than those committed with less noise sequences for other distances. These better results are due to the use of a non-proportional to the identity matrix. Indeed by using different variances for each of the coefficients in the x-let space we are able to represent part of the correlations present in the original signal error.

Fig. 4 shows the analysed fields using the R_{pix}-norm (left) R_{grad}-seminorm (middle) and R_W (right). The velocity field is generally well reconstructed in the vortex area whatever the case (the optimal state being shown in Fig 1 left panel). The main errors for R_{pix} and R_{grad} are in the smooth areas of observation, where the absence of discontinuities

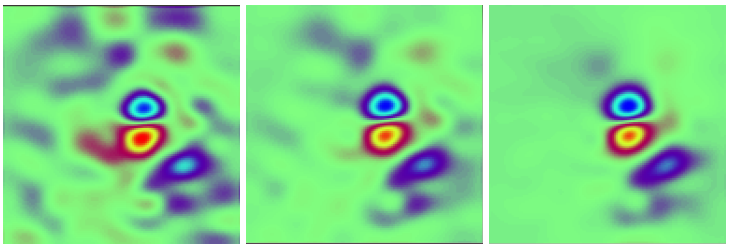


Figure 4. *u component of the analysed velocity field for an observation sequence with strong correlated noise (SNR 14.8 dB). From left to right: using pixels-based distance, using gradient-based semi-distance, using wavelet-based distance.*

in the original image sequence means a lack of information on the underlying movement. The repercussion of the observation error is greater for R_{pix} compared to R_{grad}.

Using multi scale decomposition, it is possible to incorporate some of the noise correlations in the diagonal of the covariance matrix of observation error, this allows to drastically reduce the impact of the noise in smooth areas of the image .

5. Conclusion

In this paper we studied the effect of correlated observation noise on image data assimilation. This was done using four different formulations of the optimisation problem (pixel, gradient, wavelet, curvelet) and applying the usual diagonal approximation of the observation error covariance matrix. We showed that this approximation has a significantly different impact in the different proposed approaches. Indeed, by reconstructing part of the spatial correlation through the multi scale transform, wavelet and curvelet based approaches are almost insensitive to correlated observation noise.

This work was partially funded by the french national research agency through it COSINUS program (Geo-FLUIDS project nº ANR-09-COSI-005).

6. References

Emmanuel Candès, Laurent Demanet, David Donoho, and Lexing Ying. Fast Discrete Curvelet Transforms. *Multiscale Model. Simul.*, 5(3):861, 2006.

Francois-Xavier Le Dimet and Olivier Talagrand. Variational algorithms for analysis and assimilation of meteorological observations: theoretical aspects. *Tellus A*, 38A(2):97–110, 1986.

Nicolas Papadakis and Étienne Memin. Variational Assimilation of Fluid Motion from Image Sequence. *SIAM J. on Imaging Sciences*, 1(4):343–363, 2008.

Olivier Titaud, Arthur Vidard, I Souopgui, and F.-X. Le Dimet. Assimilation of image sequences in numerical models. *Tellus A*, 62(1):30–47, January 2010.

M. Vannucci and F. Corradi. Covariance structure of wavelet coefficients: theory and models in a bayesian perspective. *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology)*, 61(4):971–986, 1999.

Anthony T Weaver and Philippe Courtier. Correlation modelling on the sphere using a generalized diffusion equation. *Q.J.R. Meteorol. Soc.*, 127(575):1815–1846, July 2001.

Joint detection and identification of emergency vehicle alarm sound

Mamadou Mboup[†,*] — Monia Turki[**] — Fatimetou Mint[†]

[†] CReSTIC - Université de Reims Champagne Ardenne – BP 1039 Moulin de la Housse, 51687 Reims cedex 2 - France
[*] Non-A, Inria Lille-Nord Europe
Mamadou.Mboup@univ-reims.fr

[**] U2S - École Nationle d'Ingénieurs de Tunis – Tunis Bevédère - Tunisie
m.turki@enit.rnu.tn

ABSTRACT. Two algorithms for joint detection-identification of emergency vehicle sound alarm signals are presented. The algorithms exploits the time-frequency characteristics of the signals and both are based on the computation of the Short-time Fourier Transform. Two different approaches are then considered template matching and parameter estimation.

RÉSUMÉ. Deux algorithmes de détection-identification conjointe de signaux d'alarme sonore sont présentés. Les deux algorithmes exploitent les caractéristiques temps-fréquence des signaux et ils reposent tous les deux sur le calcul de la transformeé de Fourier à court-terme. Par la suite, on distingue une approche de type template matching et une approche de type estimation paramétrique.

KEYWORDS : Detection, Estimation, Identification, Audio alarm signals, Short-term Fourier Transform

MOTS-CLÉS : Détection, Estimation, Identification, Signaux d'alarme audio, Transformée de Fourier à court-terme

1. Introduction

1.1. Problem description

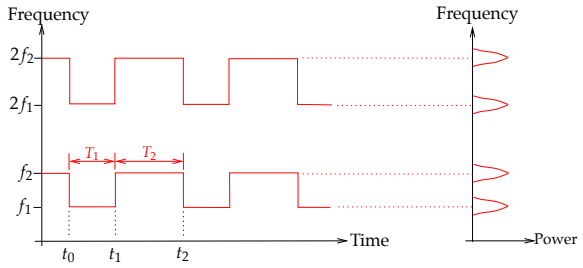
This study participates to the enhancement of safe outdoor mobility for people with presbycusis and in particular for elderly people. More precisely, the objective is to help people for a better positioning and moving in the sounding city in a driving context. In such situation, a correct perception of the audio ambiance surrounding the car is necessary for a safe driving: it allows the driver to react in due time to a given event and even more, to anticipate on different possible scenarios. Emergency sound alarms are of particular interest in such audio ambiance. When an alarm sounds in the street, there is always a period of time before we realize it, and especially, before we know where the signal comes from. This period of time lengthens with age. Now, a fast detection and spatial location [4] of the alarm source is critical not only for a safe and smooth mobility, but also for an appropriate response with respect to the emergency.

In its most basic form, the detection step produces a binary result: alarm/No alarm. Note however that such binary information is incomplete. Indeed, all alarm sirens do not have equal priority: two-tone alarms, like ambulance, car fire and police sirens, have absolute priority while three-tone alarms (e.g. organ transplant emergency siren) do not. Therefore, the detection step needs to be completed by identifying the type of alarm. Traditionnally, the two tasks are considered successively. The detection problem is solved first, using *e. g.* measures of the sound energy variations [6]. Then the detected alarm is identified using some classification technique such as K-means, Neural networks or Support Vector Machine [9]. Note however that these two complementary tasks should ideally be jointly achieved. In this direction, the problem is most commonly approached in terms of pattern recognition, taking advantage of the well developed machienery of automatic speech recognition [2], [5], [8] (see also [3] and references therein). Many other recognition methods are also developed such as those borrowed from the genetic motif analysis [1] or the well elaborated auditory scene analysis.

The purpose of the paper is to present a simple solution to the joint alarm detection and identification problem. The proposed method does not rely on the extraction of global and sophisticated features as the Mel frequency cepstral coefficients or the use of elaborated tools as Non-negative matrix factorization. The method is rather straightforward and it consists in retrieving the time-frequency paramters of the alarm from a simple Short-term Fourier Transform of the recorded signal. These parameters define the alarm characteristics, which are described in the next subsection. The characteristics are very typical and they constitute adequate signatures of the alarms. Two algorithms are then presented in sections 2 and 3 respectively. The first algorithm uses the alarm signature as a template while the second is based on parameter estimation.

1.2. Alarm signal characteristics

The alarm signals of interest are essentially constituted of a successive transmission of two amplitude-modulated fundamental tones. This structure is repeated at the different harmonics of the fundamental tones. Figure 1 gives a sketch of typical representation of such a signal in the time-frequency plane (spectrogram representation).



a) Two-tone alarm: typical Time-Frequency representation b) Projection on the frequency axis

Figure 1. *Time-frequency characteristics of a two-tone alarm siren*

The fundamental frequencies of the tones and their transmission frequency depend on the alarm type.

To account for both the time and the frequency features of the alarm signals, we consider here the Short-time Fourier Transform. This reveals the structure of the alarms as schematized in figure 1. Two joint detection and identification algorithms are proposed. Both are based on the computation of the Short-time Fourier transform of the recorded signal. The choice of the window type is not critical here, and so, we use the Hanning window.

2. Template matching

As already mentioned, each emergency alarm signal is characterized in the time-frequency plane by a typical form as represented in figure 1.

The distribution of the maxima of the spectrogram, as previously illustrated, represents an adequate signature of the alarm. A simple joint alarm detection and identification method then follows by searching the alarm signature in the spectrogram of the recorded signal. The corresponding algorithm is:

Algorithm 1 - Searching alarm signature

Inputs: $x(t)$: signal recorded at one microphone and alarm parameters: f_1, f_2, T_1, T_2.

Ouput: Detection/Non detection of the alarm signal

Step 1: Compute $X(f,t)$: the Short time Fourier transform of the signal $x(t)$.
Window: length = 50ms, type = 'Hanning', N = number of frequency bins

Step 2: Compute the distribution of the local maxima in the frequency band of interest: $[f_1 - \Delta f, f_2 + \Delta f]$, where $\Delta f = 5Hz$ is a tolerance parameter. To make this part more robust, instead of the local maxima, we compute for each t, the mean values of the spectrogram around each of the frequencies of interest:

$$X_i(t) = \frac{1}{\Delta f} \sum_{f=f_i-\Delta f}^{f_i+\Delta f} |X(f,t)|; \quad i = 1, 2. \tag{1}$$

Step 3: Compute the characteristic function defined by

$$\chi_{[f_1,f_2]}(t) = \begin{cases} f_1 & X_1(t) > X_2(t) \\ f_2 & \text{else} \end{cases} \tag{2}$$

Step 4: Decision - Template matching

The signature of the alarm corresponding to the parameters f_1 and f_2 is compared with the above characteristic function. This alarm is detected and then automatically identified when there is a matching in between the template (as illustrated in figure 1.a and the characteristic function. A matching is meant when the time lags separating a sequence of rising-falling-rising edges corresponds respectively to T_1 and T_2 up to some user selected tolerance error μ.

The following figure represents the sonogram (sound spectrogram) of a complex audio scene, recorded in some street in Paris. The record includes several segments of the SAMU emergency signal and also fire brigades emergency alarm. Other various noises are also present, e.g. the traffic noise.

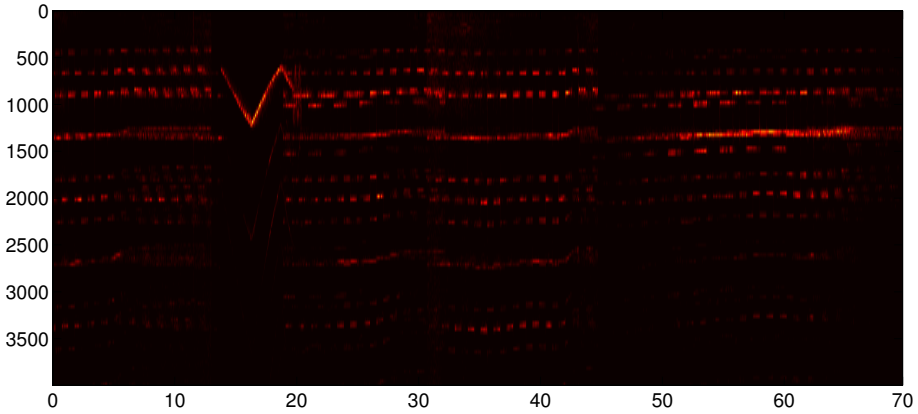


Figure 2. *Sonogram of an audio scene recorded in some street in Paris.*

The characteristic functions corresponding to four different alarm signals are computed from the above audio scene and plotted in figures 3. Note however that the characteristic functions considered here are slightly different from the definition above: we replace here the values f_1 and f_2 by 0 and 1 respectively. This is without any loss of generality.

First, we note that an alarm signal is present during the beginning of the scene. This alarm is identified as the SAMU ambulance emergency warning (see the top plot of figure 3) and this is the only alarm that has been detected during the time segment $[0,\ 8s]$. The same alarm signal is detected again in several other places in the scene. The corresponding time slots are indicated in figure 4. The top plot of this figure reproduces the top plot of figure 3, along with the time slots with positive detection. The second plot of the figure displays the time lags as described in step 4 above. They correspond to the widths of the "1" and the "0" of the associated characteristic function. Recall that a detection is meant when the time lag, say τ, satisfy $|\tau - (T_1 + T_2)/2| \leqslant \mu(T_1 + T_2)/2$. Here we have set $\mu = 0.05$. Note that a second alarm is also detected during the time segment $[53.5s, 58s]$, as shown in the second plot of figure 3.

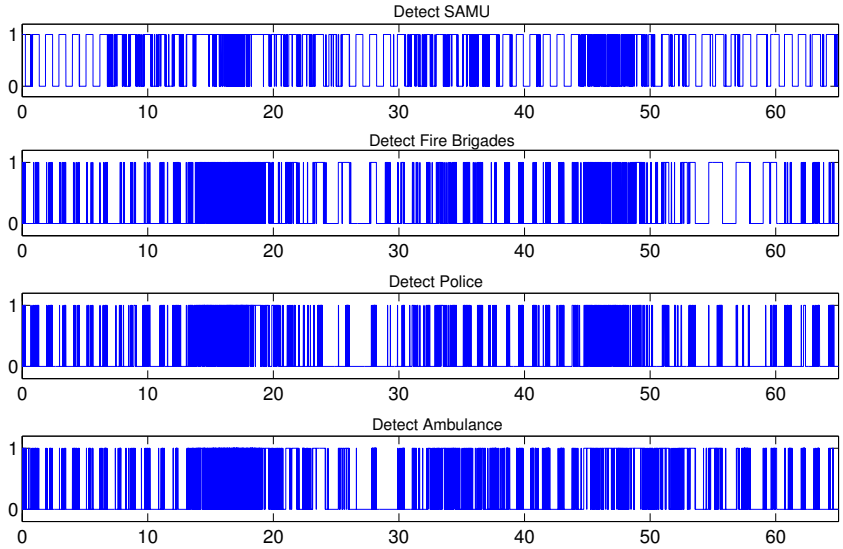


Figure 3. *Characteristic functions of 4 different alarm signals.*

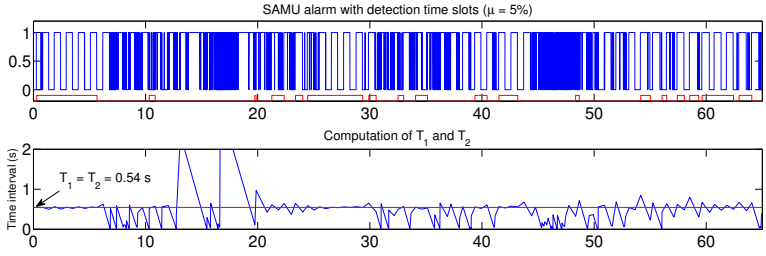


Figure 4. *Detection criterion: Template matching*

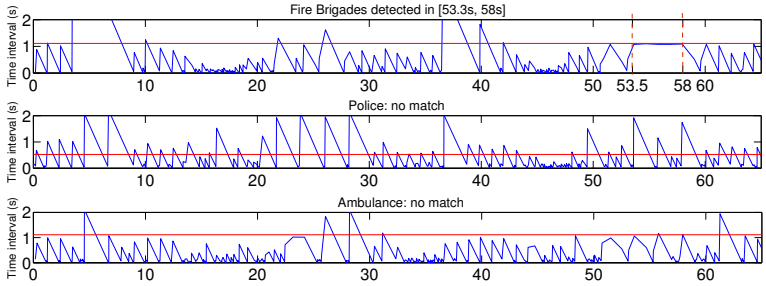


Figure 5. *Detection criterion: Template matching*

This second alarm, which is identified as the fire vehicle emergency siren, is actually present in the scene although it is almost hidden by the SAMU emergency alarm. This

conclusion is confirmed in the top plot of figure 5 which shows a good matching in the quoted time interval. The remaining plots of the figure show that the Police and Ambulance alarms are not present in the scene. This experiment on real world measurement shows the sensibility and the robustness of the detection/identification. It also shows that the proposed algorithm 1 is able to detect and identify separately simultaneous alarms.

3. Parameter estimation

The second algorithm is based on a direct estimation of the four parameters f_1, f_2, T_1, and T_2 of the alarm signals. The algorithm is devised from the following observations:

1) The frequency switches of an alarm signal carry part of the signal energy and, this is reflected by the vertical lines on the corresponding sonogram (see the zoom of the sonogram in figure 6). Now, the values of T_1 and T_2 can be deduced from the positions of these vertical lines.

2) Assume that an emergency alarm, with frequency parameters f_1 and f_2, occurs during some time period $[a, b]$. Consider the projection on the frequency axis, of the related part of the sonogram (restricted to $[a, b]$). As this projection obviously reveals the local frequency distribution of the energy, it has the typical form depicted in figure 1. The local maxima of the pulses correspond to the values of the parameters kf_1 and kf_2, $k = 1, 2, \ldots$.

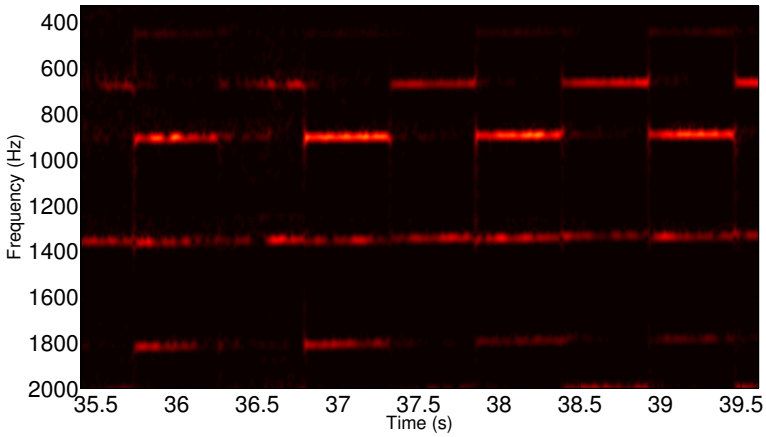


Figure 6. *Zoom in the sonogram of figure 2*

These observations lead to the following algorithm:

Algorithm 2 - Parameter estimation

Inputs:

– $x(t)$: signal recorded at one microphone

– ε: Tolerance parameter

– Δ: Width of the time interval $[a, b]$

– Alarm signal parameters: f_1, f_2, T_1 and T_2 for all alarms of interest.

Ouput: Detection/Non detection of the alarm signal

Step 1: Compute the Short time Fourier transform of the signal $x(t)$.
Window: length = 50ms, type = 'Hanning', N = number of frequency bins
Result: $X(f, t)$

Step 2: Compute a projection of the Sonogram on the time axis by:

$$p(t) = \sum_f |X(f, t)| \tag{3}$$

Step 3: Detect the positive pulses of $p(t)$, and compute their locations. Let $\{t_k\}_{k\geqslant 0}$ be the sequence of the locations. Then, alarm detection will be meant if this sequence is of the form:

$$\begin{cases} t_{2k} & = t_0 + k(\widehat{T}_1 + \widehat{T}_2) \\ t_{2k+1} & = t_0 + (k+1)\widehat{T}_1 + k\widehat{T}_2 \end{cases} \qquad k = 0, 1, 2, \ldots \tag{4}$$

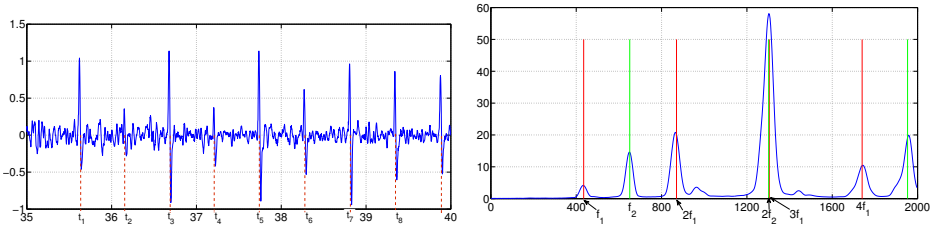
for some $\widehat{T}_1$ and $\widehat{T}_2$, which incidentally, provide us with some estimates of the corresponding alarm parameters T_1 and T_2. Of course, the equalities above have to be considered up to some uncertainty ε in order to obtain a robust detection.

Step 4: Identification
The objective of this step is twofold: 1) confirm the detection step and 2) identify the detected alarm by estimating the corresponding two tones. To proceed, we compute the following projection on the frequency axis:

$$\Phi(f, t) = \sum_{\tau=t-\Delta}^{t} |X(f, \tau)|. \tag{5}$$

If, for a given time index t, $\Phi(f, t)$ is a sequence of pulses as in figure 1, then the detection is confirmed and we conclude that an alarm occurs during the time interval $[t - \Delta, t]$.
The so detected alarm is finally identified from $\widehat{T}_1$ and $\widehat{T}_2$ above and from the two tones $\widehat{f}_1$ and $\widehat{f}_2$ estimated from the location of the local maxima of $\Phi(f, t)$.

The algorithm is now applied to the preceding audio scene, recorded in Paris. Figure 7(a) below displays the pulse $p(t)$ computed in Step 2 within the same time interval as that of the zoom in figure 6. (Actually, the figure plots a crude numerical differentiation of $p(t)$, using the difference operator. A more elaborated numerical differentiation method as *e.g.* [7], would be more adequat to enhance the pulses while reducing the noise.) The locations t_k satisfy $|t_{k+1} - t_k| = 0.54 \pm \varepsilon$ where $0 < \varepsilon < 0.015$. This corresponds to the characterization (4) in Step 2 above, with $\widehat{T}_1 = \widehat{T}_2 = 0.54s$. Since these values are compatible with the parameters of some alarm signal, we conclude that an alarm occurs during the current period of time. In figure 7(b), the projection $\Phi(f, t)$, defined in (5) in Step 4 above, is plotted, for $t = 35s$ and $\Delta = 2s$. The maxima of the pulses correspond respectively to: $\widehat{f}_1 = 435.1$; $\widehat{f}_2 = 652.2$; $\widehat{2f}_1 = 878.6$; $\widehat{2f}_2 = 1320.3$
Comparing with the parameters of the alarm signals, we identify the SAMU emergency



(a) Approximate derivative of $p(t)$ in (3). (b) Projection on the frequency axis: $\Phi(f,t)$

Figure 7. *Alarm signal parameters estimation*

alarm for which $f_1 = 435$ and $f_2 = 651$.
As opposed to Algorithm 1, Algorithm 2 does not need to run several parallel detectors, one for each type of alarm for the detection and identification. The estimation of the parameters directly allows for the joint detection and identification of the alarm present in the scene. However, only one alarm can be handled at a time. When more than one alarm occur the less dominant one may behave as a perturbation, and this can affect the estimation accuracy. Now, it is often the case that both police and ambulance alarm signals are associated in a same audio scene. In such case, Algorithm 1 is preferable. Comparison with other methods in the litterature will be done in an extended version of the paper.

Acknowledgements

This work is suppoted by the Ambient Assisted Living Project AAL 2011-4-056, I'CityForall-*Age Sentitive ICT Systems for Intelligence City For All*.

4. References

[1] J. J. BURRED. Genetic motif discovery applied to audio analysis,. In *Proc. ICASSP'12*, 2012.

[2] M. L. CHIN AND J. J. BURRED. Audio event detection based on layered symbolic sequence representations. In *Proc. ICASSP'12*, 2012.

[3] A. DUFAUX. *Detection and Recognition of impulsive sound signals*. PhD thesis, Université de Neuchâtel, Suisse, 2001.

[4] D. HOIEM, Y. KE, AND R. SUKTHANKAR. SOLAR: Sound Object Localization and Retrieval in Complex Audio Environments. In *ICASSP*, 2005.

[5] A. KUMAR, P. DIGHE, R. SINGH, S. CHAUDHURI, AND B. RAJ. Audio event detection from acoustic unit occurence patterns. In *Proc. ICASSP'12*, 2012.

[6] R. A. LUTFI AND I. HEO. Automated detection of alarm sounds. *JASA Express Letters*, 132(2):125–128, 2012.

[7] M. MBOUP, C. JOIN, AND M. FLIESS. Numerical differentiation with annihilators in noisy environment. *Numerical Algorithms*, 50:439–467, 2009.

[8] C. PENET, C.-H. DEMARTY, G. GRAVIER, AND P. GROS. Audio Event Detection in Movies using Multiple Audio Words and Contextual Bayesian Networks. In *CBMI - 11th Int. Workshop on Content Based Multimedia Indexing*, Veszprém, Hongrie, June 2013.

[9] VLADIMIR VAPNIK. *The Nature of Statistical Learning Theory*. Information Science and Statistics. Springer, 2nd edition, 2000.

Convertibility between input and output types to help compose services in bioinformatics

Mouhamadou Ba* — Sébastien Ferré** — Mireille Ducassé*

* IRISA/INSA Rennes
20 Avenue des Buttes de Coesmes, 35708 Rennes cedex
FRANCE

** IRISA/Université de Rennes 1
263 Avenue Général Leclerc, 35042 Rennes cedex
FRANCE

mouhamadou.ba@irisa.fr

ABSTRACT. The heterogeneity of data and data formats in bioinformatics often entails a mismatch between inputs and outputs of different services, making it difficult to compose services. This article proposes to reduce those mismatches by the automatic detection of the convertibility from output data to input data. This detection relies on a language of types, close to XML Schema, allowing to abstract data while precisely accounting for its composite structure. Our experiment on bioinformatic services and datatypes, performed with an implementation of our approach, shows that the detected convertibilities are numerous and relevant from a biological point of view.

RSUM. L'hétérogénéité des données et des formats de données en bio-informatique entraine souvent une incompatibilité des entrées et sorties des services, rendant difficile leur composition. Ce travail propose de réduire ces incompatibilités par la détection automatique de convertibilité d'une donnée de sortie vers une donnée d'entrée. Cette détection repose sur un langage de type, proche de XML Schéma, permettant d'abstraire les données tout en exploitant finement leur structure composite. Notre expérience sur des services et des types bio-informatiques, avec une implémentation de notre approche, montre que les convertibilités détectées sont nombreuses et pertinentes d'un point de vue biologique.

KEYWORDS : workflow, services, composition, language of types, convertibility, bioinformatics

MOTS-CLS : workflow, services, composition, langage de type, convertibilité , bio-informatique

1. Introduction

The heterogeneity of data and formats in bioinformatics often leads to incompatibility of service inputs and outputs, making it difficult to compose services [9]. Formats to represent input and output data can be textual or based on XML technologies. Textual formats, often specific to a few services, are adapted to the data they represent, and have the advantage to be human readable [3]. However, they do not facilitate automatic processing. Their heterogeneity requires specific parsing and conversions to transfer data between services. Several platforms (e.g. Emboss [10], Galaxy [2]) for data analysis use textual formats and special services for conversion between formats have to be manually defined. They quickly become difficult to maintain when the number of services and formats grow. Indeed, the potential number of conversions is quadratic with the number of formats. Formats based on XML technologies describe data types independently of tools, it improves interoperability [11]. BioXSD [6], for example, provides a standard representation of some basic bioinformatics data. It also allows meta-information to be added from ontologies, it increases the accuracy of representations. XML-based formats alone are not sufficient to solve the problem of matching. On the one hand, most formats are textual, thus it is important to match services using XML and textual formats. On the other hand, even if all formats are XML standardized, it remains that a service can consume some parts of the ouputs of another service. Some approaches [1, 7] propose to use ontologies such as EDAM [5]. They facilitate matching by defining descriptions and hierarchies on formats and types of data. A first limit of these solutions is that convertibility of data should be manually explained in ontologies. A second limit is that composite type is not sufficiently taken into account. Dibernado et al. [1] establish convertibility between a given composite data and one of its components. However, they do not use the full data structure.

Our contribution is to provide a method to automatically match inputs and outputs of services taking into account the composite structure of data. We define convertibility rules by exploiting (de)composition as well as specialization and generalization of types. Those rules are based on abstraction of data types. That information is explicit in XML formats and implicit in textual formats. We manually specify the abstraction in a language similar to XML Schema. We report an experiment on bioinformatics services and types with an implementation of our approach. The results, analyzed with a team of the GenOuest [1] bioinformatics platform, show that the detected convertibilities are numerous and relevant from a biological point of view.

In the following, Section 2 introduces the abstract representation of types. Section 3 defines the convertibility rules. Section 4 shows how to instantiate our method to bioinformatics. Section 5 presents the experiment in bioinformatics. Sections 6 and 7 compare our approach with related work and discuss perspectives.

2. Representation of types

In this section we present the language used to describe the types of data. It is defined from an open set of primitives and a group of type constructors. From a semantic point of view, a type denotes a set of XML trees. Our language of types follows the main XML Schema constructs, but to simplify the presentation we use regular expressions inspired

1. http://www.genouest.org/

by the work of Hosoya et al. [4]. In the following, types are denoted by uppercase letters (e.g., T, T_1) and function $XML(T)$ defines the semantics of the type T by a set of XML documents.

– **Primitive types**: $T = p$, where p is a primitive type. Primitive types are the basic ingredients to build other types. Their structure is atomic, they are not decomposable. XML instances of a primitive type are CDATA (text). For example, *int* is a primitive type representing integers.

– **Constructor *tag***: $T = l[T_1]$ where l is a label. This expression denotes XML documents whose root tag is l and whose content is of type T_1 : $XML(l[T_1]) = \{$<*l*> x </*l*>$|\ x \in XML(T_1)\}$. Labels provide semantics on data and can be bound to concepts of ontologies. In XML Schema, a label can be expressed by a tag or the attribute *name* of the tag *element*.

– **Constructor *tuple***: $T = T_1T_2$. This type expression denotes the XML documents that are a concatenation of instances of T_1 and instances of T_2 : $XML(T_1T_2) = \{x_1x_2 \mid x_1 \in XML(T_1), x_2 \in XML(T_2)\}$. That constructor is used to define composite types and sequences. In XML Schema, the tuple constructor corresponds to tags *xs:complexType* and *xs:sequence*.

– **Empty type**: $T = \varepsilon$. The empty document: $XML(\varepsilon) = \{\varepsilon\}$.

– **Constructor *union***: $T = T_1|T_2$. This type expression denotes the unions of instances of T_1 and instances of T_2 : $XML(T_1|T_2) = XML(T_1) \cup XML(T_2)$. Constructor *union* can be used, for example, to consider several different types and make some treatments without distinction. In XML Schema, that constructor corresponds to tag *xs:choice*.

– **Constructor *list***: $T = T_1+$. This type expression denotes the non-empty sequences of instances of the same type (homogeneous lists) T_1 :
$XML(T_1+) = \{x_1 \dots x_n \mid x_1, \dots, x_n \in T_1\}$. In XML Schema, this constructor corresponds to the *minOccurs* and *maxOccurs* attributes associated with the *sequence* tag.

– **Constructor *optional***: $T = T_1?$. This type expression is equivalent to $T_1|\varepsilon$.

3. Convertibility rules

Figure 1. *Convertibility rules*

$$p_1 \to p_2 \qquad if\ (p_1 \to_p p_2) \tag{1}$$

$$A \to \varepsilon \tag{2}$$

$$l_1[A] \to l_2[B] \qquad if\ (l_1 \to_l l_2)\ and\ (A \to B) \tag{3}$$

$$l[A] \to B \qquad if\ (A \to B) \tag{4}$$

$$A \to (B_1B_2) \quad if\ (A \to B_1)\ and\ (A \to B_2) \tag{5}$$

$$(A_1A_2) \to B \qquad if\ (A_1 \to B)\ or\ (A_2 \to B) \tag{6}$$

$$A \to (B_1|B_2) \quad if\ (A \to B_1)\ or\ (A \to B_2) \tag{7}$$

$$(A_1|A_2) \to B \qquad if\ (A_1 \to B)\ and\ (A_2 \to B) \tag{8}$$

We say that T_1 is convertible to T_2, if there exists a function $T_1 \rightarrow T_2$ to transform T_1 into T_2, following the convertibility rules of Figure 1. There is one rule for each constructor introduced in the previous section. To decide on convertibility between two types, we assume known convertibility relations on labels $l_1 \rightarrow_l l_2$, and on primitive types, $p_1 \rightarrow_p p_2$. They depend on the application domain and correspond to well-defined conversion functions (e.g., floating to integers). We systematically compare pairwise the constructors to treat all cases. The rules on constructors *list* and *optional* are deduced from the others, they are therefore not detailed here. Rule (1) allows convertibility between primitive types to be checked. Rule (2) states that any type is convertible to the empty type. Two tags are convertible when their labels and tagged types are both convertible (Rule (3)). If that rule is not satisfied, we ignore the label on the left. This is equivalent to deleting the root tag in the document being converted (Rule (4)). The first four rules manage the cases of constructor tag and empty. The following four rules manage the convertibility of any type with tuple (e.g., Rule (5)) and union (e.g., Rule (7)). Note the inversion of logic connectors when constructors tuple/union are left or right.

The rules correspond to elementary functions of conversion that can be arbitrarily chained. A sequence of such conversions from A to B suffices to establish convertibility of A to B. For example, to check convertibility ABC $\rightarrow C$ where A, B and C are any type expressions, it is necessary to apply twice Rule (6) to forget A and B. To check convertibility $ABC \rightarrow CA$, we must first apply Rule (5) to decompose the right hand side, then we have to check $ABC \rightarrow C$ and $ABC \rightarrow A$, which are of the same kind as the previous checking. Begining with Rule (6) here would lead to a failure.

We implemented an algorithm that decides the convertibility between any two type expressions. This algorithm is directly derived from the above rules and combines *pattern matching* on expressions to identify constructors and recursive calls on type subexpressions. The examination of rules shows that recursive calls always involve smaller couples of expressions, which ensures termination of the algorithm in all cases.

4. Instantiation to bioinformatics

Depending on requirements and on the nature of the data in bioinformatics platforms, many formats are available. To represent biological sequences, various textual (e.g. FastQ, BED) and XML (e.g. BioXSD) formats are provided. Textual formats are the most commonly used. In addition to data formats, ontologies, such as EDAM have been proposed to organize and classify resources including data types and formats. Our work starts from these resources to define input and output types. In order to abstract from concrete data formats, we define data types that focus on the information contents and composite structure of those formats. Figure 2 shows simple examples of types defined

Figure 2. *Examples of bioinformatics types*

```
> SimpleSequence = simpleSequence[string]
> NucleotideSequence = ns[SimpleSequence]
> AminoAcidSequence = as[SimpleSequence]
> Biosequence =  NucleotideSequence | AminoAcidSequence
> ComplexBiosequence = complexBiosequence[sequence[Biosequence] species[string]
       source[string] name[string] version[string] note[string]?]
> ComplexProteinSequence = complexProteinSequence[sequence[AminoAcidSequence]
       species[string] source[string] name[string] version[string] note[string]?]
> ListOfComplexBiosequences = ComplexBiosequence+
```

manually from existing bioinformatic formats. We define a raw sequence (e.g., *SimpleSequence*) from constructor *tag* on primitive type *string*. Tags also enable to differentiate the types of sequences (e.g., *NucleotideSequence*, *AminoAcidSequence*). We use constructor *union* to form the *Biosequence* type that represents biological sequences consisting of nucleotide sequences and amino acid sequences, respectively defined by *NucleotideSequence* and *AminoAcidSequence* types. We define complex types (e.g., *ComplexBiosequence*, *ComplexProteinSequence*) composing several types with constructor *tuple*. In those conditions, some components (e.g., *note[string]*) may be optional. We then define a list of a given type, for example *ListOfComplexBiosequence* using constructor *list*. Similarly, we define types *AnnotatedSequence*, *SequenceAlignment*, *listOfBiosequence* and *DatabaseReference* (Not detailed in Figure 2).

We can define simple types, for example a sequence as represented in the *raw sequence format* or a reference corresponding to *Uniform Sequence Address*. We can define composite types representing information of formats such as *EMBL sequence format* where a sequence is associated with its meta-data, features and annotations. In the definition of composite types, we can define optional components. We also allow to define a list of information of a same type, which allows to take into account formats such as *Fasta formats* representing one or more sequences in a single file. We represent information of XML formats such as *BioXSD format* at a higher level of abstraction. We do not represent some details, for example, the restriction on types.

Table 1. *Examples of services*

Service	Source	Inputs	Outputs	task
Blast	BioXSD	biosequence database URI	biosequence	search
Blastp	EMBL-EBI	Fasta sequence (typed) database URI	BlastResult	search
ClustalWFastaCollection	BioMoby	Fasta files	MSF	alignment
ClustalW	BioXSD	biosequence (>=2)	alignment	alignment
maskfeat	EMBOSS	EMBL sequence	Fasta sequence	handling

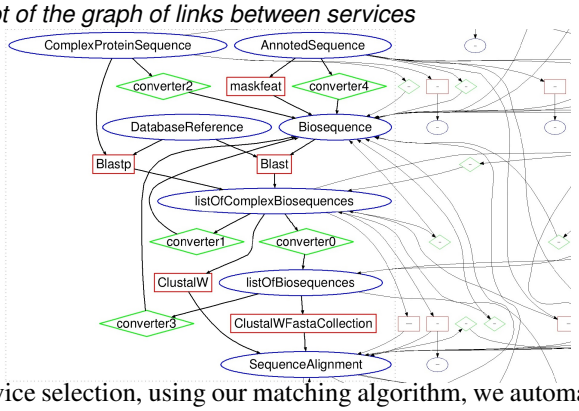
Table 2. *Examples of formats and types*

Type	Type in our representation	Represents
Fasta sequence	ComplexProteinSequence | ComplexBiosequence	one or several (typed) sequences
BlastResult, Fasta files	listOfComplexBiosequences | listOfBiosequences	a list of sequences
EMBL sequence	AnnotatedSequence	an annotated sequence
BioXSD biosequence	Biosequence | ComplexBiosequence	one sequence
BioXSD Alignment, MSF	SequenceAlignment	an alignement of sequences
Database URI	DatabaseReference	a reference to database

5. Experience

We used our algorithm to build a graph of connections between services in bioinformatics. We selected 30 services from platforms EMBOSS [10], EBI (European Bioinformatics Institute) [8], BioMoby [13] and services adopting the BioXSD format. Selected services come from genomics. Table 1 shows examples of such services. The selection of services covers most signatures of services. Other variations and similar categories are provided in platforms but their input and output types do not change in general, they would add little to our experience. For each service, we manually abstracted inputs and outputs with our types (see example in Table 2).

Figure 3. *Excerpt of the graph of links between services*



From our service selection, using our matching algorithm, we automatically generated a graph that represents connections established between the services. Figure 3 shows an excerpt from the obtained graph. The complete graph and full services are available online [2]. The graph contains services, input/output types and converters of types. Services are represented by rectangles, input/output types by ellipses and converters by diamonds. Services are associated with their inputs and outputs respectively by incoming and outgoing arrows. Similarly, each converter is associated with a departure type and arrival type, it materializes convertibility from one type to another by an automatically detected conversion. Our algorithm finds direct links between services producing/consuming a given type. In our graph, these links are created when the services use the same representation (the same type) to define the same data. This is the case, for example, of the link between the services *Blast* and *ClustalW*. Indirect links are also detected. They correspond to cases where it is necessary to adapt the output of a service to use it as input in another service. In our graph, indirect links are materialized by the *converters*. With *converter4*, a simple sequence is derived from an annotated sequence. A composite types is decomposed and some components are selected to feed services. With *converter0*, a list of simple sequences is derived from a list of complex sequences. *Converter2* shows the generalization/specialization of types. Our algorithm detects that a sequence of proteins is also a biological sequence. It also individually considers the elements of a list. With *converter3* each element of a list of sequences can be selected. In many cases a combination of conversions is necessary to go from one type to another. For example, with *converter2*, decomposition and generalization are combined to go from a complex protein sequence to a single biological sequence. *Converter1* is another example of combination that considers each element of a list of a composite type.

We presented the graph of the experiment to developers and users of the GenOuest bioinformatics platform. They found relevant information in the graph that corresponds to knowledge they tend to produce by hand. An automatically built graph is a great advantage for them.

6. Related work

Much work use semantic description of resources and propose methods, more or less automatic, to manage inputs and outputs when composing services. Our approach is

2. http://www.irisa.fr/LIS/Members/moba/graph/view

similar to Dibernado et al. [1] to manage input and output types of services. They take into account the composite type based on the relations of generalization and composition of ontologies. However, that approach does not use the full composite structure of types, it only uses the *hasA* relation to (de)compose types. It does not explicitly take into account constructors tag, union and optional. It allows to extract elements of the left hand type but does not decompose the right hand type during matching. However, being based on ontological resources, it can benefit from new relations. One of our perspectives is to use ontologies to complete the description of the types beyond our structural description.

Lebreton et al. [7] propose to check the semantic compatibility of service parameters, using the semantic description of resources to match parameters. They thus confirmed the benefits of using the semantic technologies already demonstrated in earlier work [12]. Their work handles generalization and specialization matching but does not (de)compose types.

Galaxy [2] uses a library of converters to manage links between services. Matching of service parameters is based on data formats. Services, in their implementation, take into account several formats. When a format is not provided, a format converter defined by hand is used. In that approach, there is a strong dependency between services and formats, which makes the development of tools heavier. In addition, as discussed above, textual formats do not promote automation.

Separating data types and formats is the subject of much work: e.g., Kalas et al. [6]. To facilitate interoperability of tools, common XML-based formats are proposed to represent bioinformatics data. At present, few implementations use these technologies. A generalization of their use would strengthen our approach, as it would facilitate the specification of abstract data types.

7. Conclusion and perspectives

In this article, we propose to match the inputs and outputs of tasks using composite types and considering the convertibility of data. Through representation of data types, we propose convertibility rules between types. We show possible links automatically detected between types and services using our abstraction and convertibility rules. These links have been validated by a team of bioinformaticians.

Matching between inputs and outputs of services is an important step for our main objective to guide biologists composing workflows. To achieve this goal, it is also necessary to represent the services by their functional and non-functional properties (e.g., bioinformatics task performed, quality of results, provenance, efficiency, popularity).

In order for our approach to become operational, for example as part of a platform such as GenOuest, it will be necessary to implement, on the one hand, converters between existing concrete formats and XML formats associated to our types, and, on the other hand, converters materializing convertibilities detected between types of inputs and outputs. Our approach offers two advantages. Since our types define a concrete XML format, we just have to handle conversion between the XML format and each existing format, and not for any pair of existing formats. Then, our approach in principle allows to semi-automatically generate a converter for each detected convertibility. The next step of our work is to implement that generation.

Acknowledgment.

We thank Olivier Collin, Olivier Dameron, Francois Moreews and Olivier Sallou for their expertise in bioinformatics services and workflows and for enriching discussions.

8. References

[1] Michael DiBernardo, Rachel Pottinger, and Mark Wilkinson. Semi-automatic web service composition for the life sciences using the biomoby semantic web framework. Journal of Biomedical Informatics, 41(5):837–847, 2008.

[2] Jeremy Goecks, Anton Nekrutenko, James Taylor, and The Galaxy Team. Galaxy: a comprehensive approach for supporting accessible, reproducible, and transparent computational research in the life sciences. Genome Biology, 11(8):R86, 2010.

[3] Sveinung Gundersen, Matús Kalas, Osman Abul, Arnoldo Frigessi, Eivind Hovig, and Geir Kjetil Sandve. Identifying elemental genomic track types and representing them uniformly. BMC Bioinformatics, 12:494, 2011.

[4] Haruo Hosoya, Jerome Vouillon, and Benjamin C. Pierce. Regular expression types for xml. In ICFP, pages 11–22, 2000.

[5] Jon C. Ison, Matús Kalas, Inge Jonassen, Dan M. Bolser, Mahmut Uludag, Hamish McWilliam, James Malone, Rodrigo Lopez, Steve Pettifer, and Peter M. Rice. Edam: an ontology of bioinformatics operations, types of data and identifiers, topics and formats. Bioinformatics, 29(10):1325–1332, 2013.

[6] Matús Kalas, Pål Puntervoll, Alexandre Joseph, Edita Bartaseviciute, Armin Töpfer, Prabakar Venkataraman, Steve Pettifer, Jan Christian Bryne, Jon C. Ison, Christophe Blanchet, Kristoffer Rapacki, and Inge Jonassen. Bioxsd: the common data-exchange format for everyday bioinformatics web services. Bioinformatics, 26(18), 2010.

[7] Nicolas Lebreton, Christophe Blanchet, Daniela Barreiro Claro, Julie Chabalier, Anita Burgun, and Olivier Dameron. Verification of parameters semantic compatibility for semi-automatic web service composition: a generic case study. In David Taniar, Eric Pardede, Hong-Quang Nguyen, J. Wenny Rahayu, and Ismail Khalil, editors, Int. Conf. on Information Integration and Web Based Applications and Services, pages 845–848. ACM, 2010.

[8] Hamish McWilliam, Franck Valentin, Mickael Goujon, Weizhong Li, Menaka Narayanasamy, Jenny Martin, Teresa Miyar, and Rodrigo Lopez. Web services at the european bioinformatics institute-2009. Nucleic Acids Research, 37(Web-Server-Issue):6–10, 2009.

[9] T. Oinn, M. Greenwood, M. Addis, J. Ferris, K. Glover, C. Goble, D. Hull, D. Marvin, P. Li, and P. Lord. Taverna: Lessons in creating a workflow environment for the life sciences. Concurrency and Computation: Practice and Experience, 18(10):1067–1100, 2006.

[10] Peter Rice, Ian Longden, and Alan Bleasby. Emboss: the european molecular biology open software suite. Trends in genetics, 16(6):276–277, 2000.

[11] Philipp N. Seibel, Jan Krüger, Sven Hartmeier, Knut Schwarzer, Kai Löwenthal, Henning Mersch, Thomas Dandekar, and Robert Giegerich. Xml schemas for common bioinformatic data types and their application in workflow systems. BMC Bioinformatics, 7:490, 2006.

[12] Evren Sirin, James Hendler, and Bijan Parsia. Semi-automatic composition of web services using semantic descriptions. In Web services: modeling, architecture and infrastructure workshop in ICEIS, volume 2003. Citeseer, 2003.

[13] Mark D. Wilkinson and Matthew Links. Biomoby: An open source biological web services proposal. Briefings in Bioinformatics, 3(4):331–341, 2002.

Segmentation of Geolocalized Trajectories using Exponential Moving Average

Soda Cisse* — Peggy Cellier** — Olivier Ridoux*

* Université de Rennes 1, IRISA
** INSA Rennes, IRISA
Campus Beaulieu, 35042 Rennes cedex, FRANCE
Soda.Mareme.Cisse@irisa.fr, Peggy.Cellier@irisa.fr, Olivier.Ridoux@irisa.fr

RÉSUMÉ. De nos jours, une quantité importante de données décrivant les trajectoires d'objets mobiles est rendue disponible par la généralisation des capteurs de géolocalisation. Des informations pertinentes, comme les trajets les plus utilisés par les enfants pour aller à l'école ou les rues les plus empruntées par les travailleurs le matin, peuvent être extraites de ces données permettant, par exemple, de repenser l'espace urbain. Une trajectoire est représentée par un ensemble de points (x, y, t) où x et y sont des coordonnées géographiques d'un objet et t une date. Ces données sont difficiles à explorer et interpréter dans leur forme initiale, c'est-à-dire sous la forme d'un ensemble de points (x, y, t), car elles sont bruitées, irrégulièrement échantillonnées et de trop bas niveau. Une première étape pour les rendre utilisables est de les ré-échantillonner, les lisser et les segmenter en segments de plus haut niveau (e.g., "*stops*" et "*moves*") afin de les rendre plus facile à interpréter. Dans cet article, nous proposons une méthode s'appuyant sur le calcul de moyennes mobiles exponentielles pour segmenter des trajectoires en segments "accélération" ou "ralentissement". Les expériences que nous avons menées montrent l'efficacité de la moyenne mobile exponentielle comme fonction de lissage. De plus, elles montrent aussi que la différence entre deux moyennes mobiles exponentielles avec des pondérations différentes permet de découvrir des segments d'accélération et de ralentissement pertinents.

ABSTRACT. Nowadays, large sets of data describing trajectories of mobile objects are made available by the generalization of geolocalisation sensors. Relevant information, for instance the most used routes by children to go to school or the most extensively used streets in the morning by workers, can be extracted from this amount of available data allowing, for example, to reconsider the urban space. A trajectory is represented by a set of points (x, y, t) where x and y are the geographic coordinates of a mobile object and t is a date. These data are difficult to explore and interpret in their raw form, i.e. in the form of points (x, y, t), because they are noisy, irregularly sampled and too low level. A first step to make them usable is to resample the data, smooth it, and then to segment it into higher level segments (e.g. "stops" and "moves") that give a better grip for interpretation than the raw coordinates. In this paper, we propose a method for the segmentation of these trajectories in accelerate/decelerate segments which is based on the computation of exponential moving averages (EMA). We have conducted experiments where the exponential moving average proves to be an efficient smoothing function, and the difference between two EMA of different weights proves to discover significant accelerating-decelerating segments.

MOTS-CLÉS : géolocalisation, traces, échantillonnage, lissage, segmentation

KEYWORDS : geolocalization, tracks, sampling, smoothing, segmentation

1. Introduction

Nowadays, large sets of data describing trajectories of mobile objects are made available by the generalization of geolocalisation sensors. Relevant information, for instance the most used routes by children to go to school or the most extensively used streets in the morning by workers, can be extracted, for example, to reconsider the urban space. Spaccapietra *et al.* [1] define a *trajectory* as the evolution of the position (perceived as a point) of an object (e.g., person, animal, vehicle) that is moving in space. These data are difficult to explore and interpret in their raw form, i.e. in the form of points (x, y, t), because they are noisy, irregularly sampled and too low level. *Noisy* means that they suffer from errors. For instance, even at a stop, the measured coordinates of an object are not constant. *Irregularly sampled* is simply the observation that time intervals between two consecutive samples may vary a lot. For instance, in our experiments, we have observed a ratio of more than two hundreds between the greatest and the smallest intervals in a truck trajectory, and judging from the extreme positions of the greatest intervals, these large gaps do not correspond to a stop of the truck. *Low level* means that (x, y, t) points tell little about what a mobile object is really doing. To know more, segments of consecutive positions must be aggregated into segments that represent phases of the life of the mobile object, for instance, "move", "stop", "load", "unload" for a truck, or "move", "at school", "at home" for a pupil. Although our long term objective is to use raw trajectories plus contextual data to mine the semantics of these trajectories, in this article we do not consider contextual data and focus on the raw trajectories.

A first step to make trajectories usable is to resample the data, smooth it, and then segment it into higher level segments (e.g. "stop" and "move") that give a better grip for interpretation than the raw coordinates. Known methods for data cleaning and smoothing use semantic trajectories [2], the maximum speed of the moving object [3], Kalman filters [4], or the Douglas-Pecker algorithm [5] to compute less bulky trajectories without distorting their quality. The most important phase after cleaning trajectories is their segmentation. The most used segmentation model is that of Spaccapietra *et al.* [1] which divides the trajectories into "moves" and "stops" segments. An important drawback of these methods of segmentation is that they need to fix an priori threshold in order to recognize "stop" segments in spite of the noise. However, the threshold depends a lot on the type of the mobile object, e.g. trucks or pedestrians, or on the scale of the application, e.g. tourism applications where a "stop" in a town may allow moving around in the town.

In this paper, we propose a method for the segmentation of these trajectories in accelerate/decelerate segments which is based on the computation of exponential moving averages (EMA). Experiments shows EMA is an efficient smoothing function, and the difference between two EMAs of different weights proves to discover significant accelerating-decelerating segments, hence "stops" and "moves".

This article is structured as follows : Section 2 describes the cleaning phase and an original way of segmenting trajectories, with experiments. In Section 3, we compare our proposal with existing works on segmentation of trajectories. Section 4 presents future works and the conclusion of this article.

2. Identifying accelerate-decelerate segments

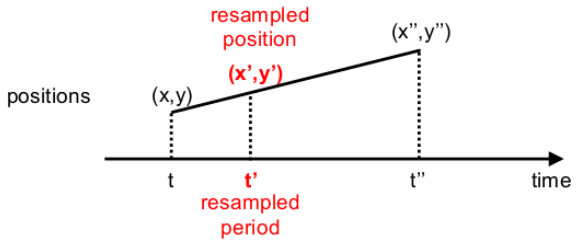
In this section we present how we address the problem of noisy and irregularly sampled data by resampling them. Then we explain how we tackle the problem of low level of

data by automatically discovering accelerating-decelerating segments in trajectories. Finally, we report the results of experiments that have been conducted on truck trajectories.

2.1. Resampling trajectories

The GPS raw trajectories of moving objects are represented by a points (x, y, t) where x and y respectively represent the latitude and the longitude of the moving object position at time t. These positions are located in the geodetic coordinate system WGS 84 where latitude and longitude are angular coordinates. The angular coordinates are apriori transformed into planar coordinates using the Lambert93 projection.

Raw mobility data is often polluted with errors caused by loss of signal and sensor imprecisions. Experiments with real data show that signal losses are frequent and cause large gaps in the signal. Several methods allow for cleaning raw mobility data and reducing dataset size and noise. However, only a few propose a way to complete a dataset when there are missing points. Our algorithm takes as input a raw trajectory and produces as output a resampled trajectory according to a fixed sampling period. The period can be chosen by the user according to the applications, e.g. depending on mobile object type (pedestrians, vehicles, animals, natural phenomena, etc), or it may be fixed according to a compression objective, e.g. have one million samples. It uses a barycenter interpolation to resample a trajectory.



Barycentric resampling is defined as follows. Let (x', y', t') be a resampled point. It falls in between two consecutive original points (x, y, t) and (x'', y'', t''). The date t' is fixed by the resampling period, and the position (x', y') is the barycenter of (x, y) and (x'', y'') according to $(t' - t)/(t'' - t)$.

Resampling interpolates missing samples under the assumption of uniform speed during the gap. This is a fair assumption for high frequency sample rates, but certainly false for large intervals of missing samples during which instantaneous speed may change a lot. So, we recommend to resample at a lower rate than the nominal sampling rate of the original trajectory. For instance, when the original nominal sampling period was T, the resampling period should not be more than $2 \times T$.

2.2. Exponential Moving Average for segmentation

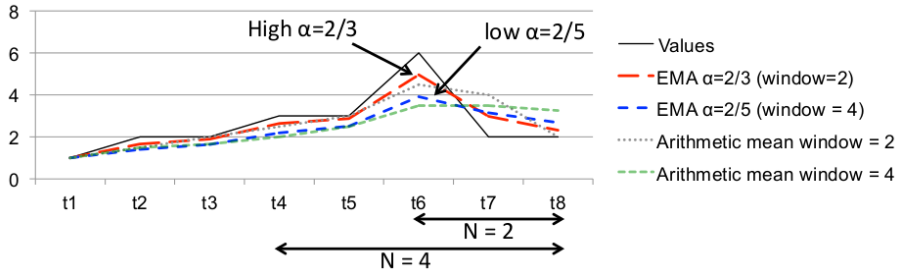
In the literature, most of segmentation methods [6], [7] and [2] use a priori thresholds for identifying segments ; our method does not. It is based on a method used in financial forecasting which consists in comparing two floating averages, one of which is computed relatively to a small time window, the short range trend, the other is computed relatively to a long time window, the long range trend. The idea is that when the long range trend does better than the short range trend we are experiencing a slow down. Vice-versa when the short range trend does better than the long range trend. Comparing the two floating averages indicates periods that the financial jargon calls "bull" and "bear" periods, where optimism and pessimism are in order. The periods start and stop where the graphs of the

two floating averages cross each others. In short, this method smoothes the data, because of the averaging effect, and computes a kind of derivative of the input signal.

Averaging a track of sample points is a way of smoothing it. Note that it requires a really periodic sampling rate to be meaningful, otherwise a naive computation would apply implicitly null weights to missing samples. However, if an equal weight is given to every past point the averaged signal will lag way behind the actual signal. So, more recent points must be given a larger weight than ancient points. If the average is computed by arithmetic mean, the standard solution is to fix a window size, say N, inside which samples have weight $\frac{1}{N}$, and outside which samples have weight 0. The greater is the N the greater is the lag, but the better is the smoothing. Another approach is to give exponentially decreasing weights to samples of the past. This is called Exponential Moving Average (EMA) and is formalized as follows :

$$EMA_t = \alpha \times sample_t + (1 - \alpha) \times EMA_{t-1}$$

where α is chosen in $]0, 1]$. The greater is the α the lesser is the weight of the past, the lesser is the lag of the averaged signal with respect to the original signal. So the α plays a rôle similar to the window size, but in reverse. An important difference is that arithmetic mean gives uniform weights to every points in the window, while EMA gives larger weights to more recent points.



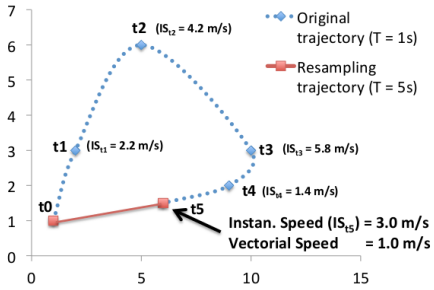
Constant α cannot be exactly correlated with a fixed window size, but a rapid computation shows that given a window size N, an α equals to $\frac{2}{(N+1)}$ ensures that 90 % of the exponential weights are given to the samples inside the window. Conversely, given an α, more than 90 % of the highest weights are given to the $N = \frac{2}{\alpha} - 1$ latest samples. So, it is frequent to characterize the α of an EMA by the size of the fixed window average it corresponds to up to 90 %. It is believed that it is easier to envisage the impact of a window size than to envisage the impact of an α value. This is what we do in the sequel when we speak of window sizes of 2, 8, etc ; the window sizes are then converted into α coefficients $\frac{2}{3}$, $\frac{2}{9}$, etc. To be clear we call them *pseudo-windows*.

EMA has good formal properties. In particular, it lags behind the original signal less than a fixed width floating window arithmetic mean does. An other advantage of EMA is that it is very easy to compute. In particular, it does not require to bufferize past samples like arithmetic mean does. Computing EMA at time t only requires to know the sample at time t and EMA at previous time.

We plan to apply the EMA in an innovative way that is related to our goal of having no a priori knowledge on thresholds and scales of the application. The main idea is to analyze the same trajectory, the same input signal, at multiple scales simultaneously. The different scales are defined as powers of the smallest scale, thus yielding scales of different size order, for instance, 10, 10^2 and 10^3, etc, or 2, 2^2, 2^3, etc. These scales will be used as the pseudo-window sizes that characterize EMA. So doing, we expect to obtain a compact but rich view of a trajectory. Rich means that though the input signal is compressed in

few segments, it is still possible to distinguish staying in a place while moving inside it, and stoping in that place for a while. In the sequel we use binary scales, i.e. 2^x.

We also plan to consider at the same time two kinds of speeds. First, the instantaneous speed along the trajectory, in other words what the speedometer of a vehicle shows. Second, the vectorial speed between any two samples (x, y, t) and (x', y', t'). Both are computed as the euclidian distance between two points divided by the time that separates them, $d((x', y'), (x, y))/(t' - t)$. However, instantaneous speed is computed using consecutive points under the assumption that the actual trajectory between the two points is a straight line, whereas vectorial speed can be computed using any two points under no assumption. Measuring vectorial speed at a high sample rate yields a fair approximation of the mobile's instantaneous speed, whereas measuring it at a low sample rate shows to what extent it remains in the same area.



To summarize, we propose to compute speed at different scales to capture different concepts of "stop" and "move", and to average it at different scales to capture different concepts of "accelerate" and "decelerate".

2.3. Experiments

In order to validate our intuition of a multi scale analysis, we have implemented the sampling algorithm and the multi scale EMA computation. We have tested the analysis on two series of real world trajectories. A first series comes from trucks equipped with GPS sensors. These are long range datasets, covering several months in France. In principles, these datasets are sampled at a 5 minute period but they suffer many data losses, with a ratio of more than a two hundred between the largest interval and the nominal sampling period. We have no explanation for this. They are also very noisy ; for instance, the measured position of a stopped truck may drift a lot around its actual position. A second series comes from pedestrian equipped with GPS sensors. Their measured activity is limited to visiting an urban park. They are much shorter, a few hours, but they also suffer from data losses and noise. The nominal sampling rate is 5 seconds, and we have observed loss intervals of several hours.

The first step for the segmentation of these trajectories is their resampling. We have chosen to resample trucks trajectories at a 10 minute rate. This was chosen as a rate that compensate for data losses, but does not create too many artificial sample points. The resulting dataset is larger than the original, but not too much.

Figure 1 displays three different scale treatments on a truck trajectory that covers one month. All experiments are presented as follows. The lower half shows the instantaneous speed of the truck (thin line, high peaks mean high speed), plus the average (EMA) speeds for two pseudo-window sizes (thick lines). The upper half shows the differences between the two EMA speeds, and a black and gray line that represents the segmentation (black for "accelerate" and gray for "decelerate"). All diagrams are time-aligned.

The first experiment is for a 10 minute sampling rate and two pseudo-window size of 2 and 8. The result is that EMA fits very well the instantaneous speed, and black and gray segments fit very well the acceleration and deceleration periods, including very small segments that look more like the results of noise than meaningful data. The se-

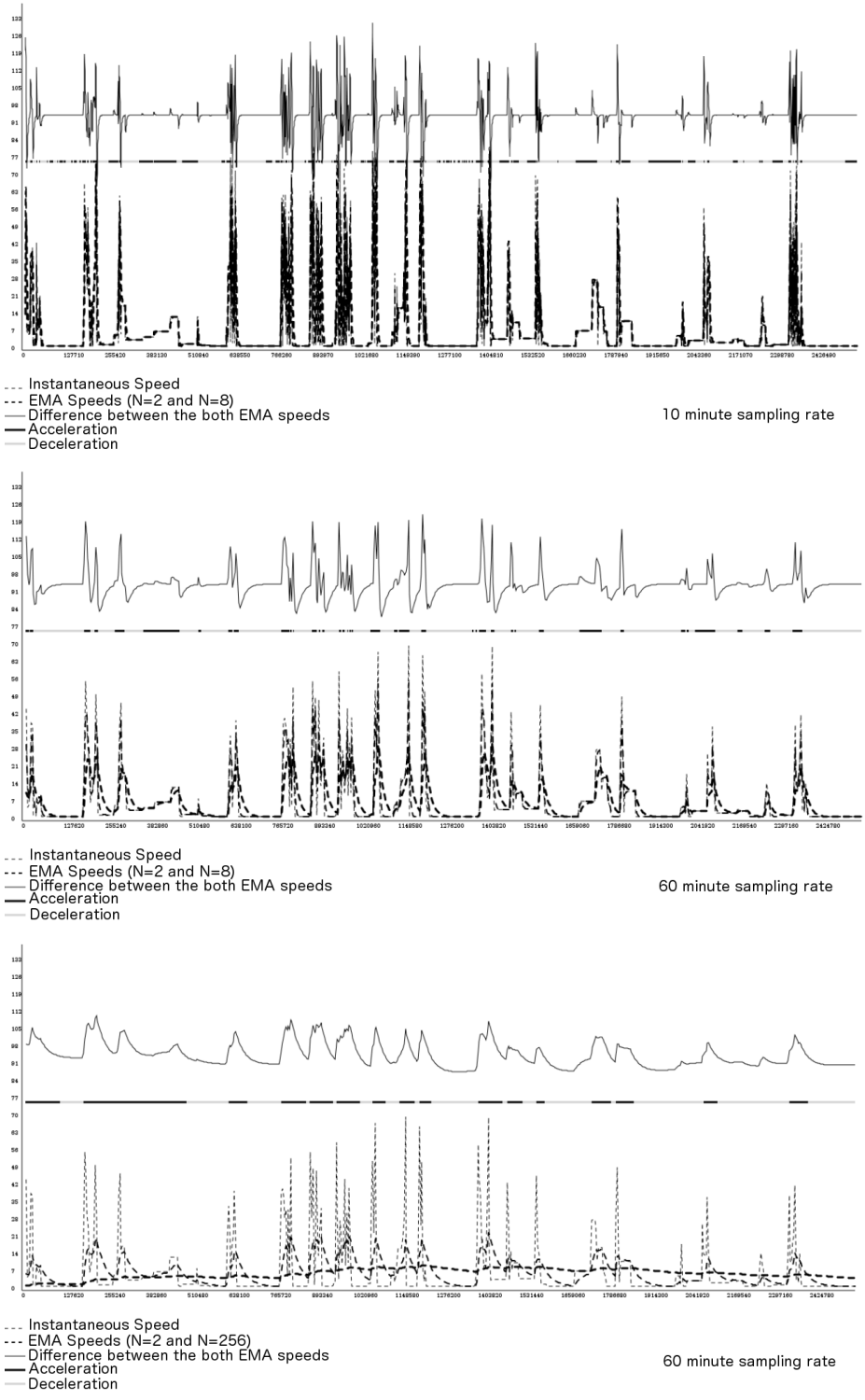


Figure 1. *Three different scale treatments of a truck trajectory*

cond experiment is for a 60 minute sampling rate and the same pseudo-window sizes. The lowest sampling rate smoothes the datasets and less noise peaks are considered as segments. In both cases, the EMA speeds (the thick lines) were very close to the instantaneous speed. The third experiment combines the low sampling rate (60 minutes) and a very large pseudo-window size (256 instead of 8). The result is to compare a hourly instantaneous speed with a speed averaged on several days. Many segments are aggregated to form large "activity" segments that correspond to days, or even groups of days (see for instance the large black segment in the first quarter of the trajectory).

A first observation is that at high sampling rates or small pseudo-window sizes the sign of the difference of the short range trend minus the long range trend correctly detects acceleration and deceleration periods. A second observation is that as pseudo-window size increases, or as sampling period increases, EMA lags behind the actual signal more and more. The consequence is that the difference between the two trends tends to no longer represent acceleration, but simply activity. So, for large pseudo-windows or large sampling periods the EMA computation automatically detected "stop" and "move" segments instead of "accelerate" and "decelerate" segments.

We have observed the impact of scaling in two dimensions : resampling rate, and EMA pseudo-window sizes. Increasing scale in either dimension tends to smooth and flatten data. Indeed, peaks tend to be overseen by large period sampling, and to be averaged by large pseudo-window sizes. The bidimensional exploration displays a kind of wavefront along which the scaling parameters differ, but the result is qualitatively equivalent.

We have conducted several experiments with different scales and mobiles with different dynamics. For instance, a second class of mobile objects is pedestrians in an urban park. Their trajectories have been sampled at a 30 second and 300 second rates, and the segmentation done with the same pseudo-window sizes as above (2-8 up to 2-256). As for trucks, it detects accelerations precisely, but since the dynamics of pedestrians is much slower than of trucks the risk of under-sampling is more visible. For instance, the pseudo-window size ratio of 2 to 256 is too large for these rather slow and even-minded mobiles. However, this should not prevent from using such large scales. What is important is that among all the scale size-orders at least one is meaningful.

3. Related works

Few work has been done on the segmentation of trajectories. Anagnostopoulos et al. [10] are among the first to work on the segmentation of GPS traces. However they cut the trajectory in MBR (Minimum Bounding Rectangles) to segment it and not work directly on the points (x, y, t). Spaccapietra et al. [1] proposed a segmentation model composed of "stop" and "move" segments where : "stop" segments represent the phases of the trajectories where the mobile object is stopped ; "move" segments are detected between two "stop" and indicate that the object is moving with a certain speed.

Several studies have been based on this model for the trajectories segmentation. Alvares et al. [6] proposed a method for segmenting a trajectory in "stops" and "moves". Their method is based on a base of geographic places and they look into the trajectory all the sub-trajectories that intersect the geographic places with a given interval for greater than a given threshold time. So, this method uses context data and a priori thesholds. The method of Yan et al. [8] includes all the points of a trajectory whose instantaneous speed is lower than a threshold speed and in which the time interval between the first and the last point of this group of points is greater than a given time threshold. All these consecutive

points will be considered as a "stop" and points between two "stops" as a "move". So, this method still uses several a priori thresholds. This means calculating a new threshold for each type of moving object, and probably for every application, which may be restrictive when several different types of mobile objects are managed at the same time. Zheng et al. [7] have developed a framework for segmentation where they identify *"walk segments"* (segments where the moving object is moving) and use them to obtain *"non-walk segments"*. This is the opposite strategy of the other previous works where "moves" are in fact "non-stops". Buchin et al. [9] present a theoretic framework to compute segments of a trajectory using criteria like speed, direction, etc.

4. Conclusion and future works

We have presented a new approach for segmenting geolocalized trajectories. It is fundamentally multi-scale, and uses very little a priori knowledge (only the sampling rate). It is based on an iterative usage of exponential moving averages at different scales. At low scale (i.e. high sampling rate or small pseudo-window size) it detects "acceleration" and "deceleration", whereas at high scale (i.e. low sampling rate or large pseudo-window size) it detects "activity" and "non-activity", more conventionally called "move" and "stop". Further work is needed to find a global representation of the multi-scale analysis (either internal, for programs, and visual, for users), and still further work is needed to combine this analysis with contextual data like maps or agendas.

5. Bibliographie

[1] S. Spaccapietra, Chr. Parent, M. L. Damiani, J. A. Fernandes de Macêdo, F. Porto and Chr. Vangenot. A conceptual view on trajectories. *Data Knowl. Eng.*, 65(1) : 126-146 (2008).

[2] Z. Yan. Semantic Trajectories : Computing and Understanding Mobility Data. *PhD's thesis Ecole Polytechnique Federale de Lausanne*, 2011.

[3] G. Marketos, E. Frentzos, I. Ntoutsi, N. Pelekis, A. Raffaetá, and Y. Theodoridis. Building Real-World Trajectory Warehouses. *In MobiDE '08 : Proc. of the 7th ACM Int. Workshop on Data Engineering for Wireless and Mobile Access*, 2008.

[4] M. Lashley. Kalman Filter Based Tracking Algorithms For Software GPS Receivers. *Master's thesis, Auburn University, the Netherlands,*, 2006.

[5] N. Meratnia and R. A. de By. Spatiotemporal Compression Techniques for Moving Point Objects. *In EDBT '04 : Proc. of the 9th Int. Conf. on Extending Database Technology,*, 2004.

[6] L. O. Alvares, V. Bogorny, B. Kuijpers, J. Macedo, B. Moelans, and A. Vaisman. A Model for Enriching Trajectories with Semantic Geographical Information. *In GIS '07 : Proc. of the 15th ACM SIGSPA- TIAL Int. Symp. on Advances in Geographic Information Systems,*, 22 2007.

[7] Y. Zheng, L. Liu, L. Wang, X. Xie Learning transportation mode from raw gps data for geographic applications on the web. *In WWW '08*, 247-256 2008.

[8] Z. Yan, D. Chakraborty, Chr. Parent, S. Spaccapietra, K. Aberer Semantic trajectories : Mobility data computation and annotation. *ACM TIST*, 4(3) : 49 (2013).

[9] M. Buchin, A. Driemel, M. J. van Kreveld, V. Sacristan An algorithmic framework for segmenting trajectories based on spatio-temporal criteria. *GIS 2010*, 201-211 (2010).

[10] A. Anagnostopoulos, M. Vlachos, M. Hadjieleftheriou, E. J. Keogh, Ph. S. Yu Global distance-based segmentation of trajectories. *KDD 2006*, 34-43 (2006).

Rubrique

Analyse des réseaux sociaux

Communautés et rôles dans les réseaux sociaux

Gamgne Domgue Félicité* — Tsopze Norbert*

* Département d'Informatique - Université de Yaoundé I
BP 812 Yaoundé - Cameroun
felicitedomgue@yahoo.fr, tsopze@uy1.uninet.cm

RÉSUMÉ. Cet article s'intéresse à la détection des communautés et des rôles dans un réseau social modélisé à l'aide d'un graphe orienté. Premièrement, il aborde la problématique de la détection des communautés dans les réseaux sociaux en adaptant l'algorithme de Girvan et Newman aux réseaux modélisés par des graphes orientés et pondérés. Il propose un algorithme séparatif qui s'inspire de celui de M.Girvan et M.Newman et détecte les composantes connexes via la centralité d'intermédiarité en utilisant une fonction de qualité, la modularité. Deuxièment, il définit les rôles des nœuds des communautés découvertes à l'issue de la première phase. Pour cela, il détecte le nœud central ou « leader »en utilisant les mesures de centralité, ainsi que des méthodes pour détecter d'autres rôles tels que l'« externer »ou externeur et le « follower »ou suiveur.

ABSTRACT. We are interested in the detection of communities and roles in complex social network oriented and weighted networks. Firstly, the detection of communities in oriented and weighted graph modeling a social network is presented, using Girvan and Newman algorithm. An adapted Girvan and Newman algorithm is proposed for this issue. Secondly, we focus roles, using the degree-betweeness to detect the central node and we propose methods for other roles like externer and follower.

MOTS-CLÉS : Réseaux sociaux, détection des communautés, détection des rôles, modularité.

KEYWORDS : Social networks, detection of communities, roles of nodes, modularity.

1. Introduction

Les réseaux sociaux sont des structures modélisant les relations sociales (par exemple l'amitié, la collaboration, la parenté, etc.) qui existent entre un ensemble d'individus appelés aussi acteurs. Ces réseaux sont généralement modélisés par un graphe dans lequel les sommets correspondent aux entités sociales (individus ou acteurs) et les liens correspondent aux relations sociales. La détection des communautés et l'identification des nœuds principaux (leaders ou ceux des individus qui menent le groupe, externers qui sont ceux qui diffusent les informations dans les communautés ainsi constituées, et followers, qui sont les adeptes des communautés) constituent le but de ce travail.

Plusieurs travaux de recherche se sont intéressés à la détection des communautés, une communauté étant un ensemble de noeuds densément connectés entre eux et faiblement connectés avec les autres noeuds du graphe. La modularité est le critère de qualité le plus employé. Une étude comparative des algorithmes de communautés a été présentée dans [2] . Selon cette étude, l'algorithme de Girvan et Newman [1] est l'un des meilleurs en termes de modularité [4] et complexité ; mais reste limité aux graphes non orientés. Nous proposons dans ce travail primo d'adapter l'algorithme de Girvan et Newman au graphes orientés ; secundo, nous proposons des heuristiques pour le choix de la partition à segmenter. Nous identifions en nous basant sur d'autres heuristiques les rôles joués par chaque nœud dans les communautés ainsi constituées. Les motivations de ce sujet sont multiples. Les graphes d'appels téléphoniques (GAT) sont un cas pratique à modéliser par un graphe orienté, puisque les appels et les SMS vont toujours d'un émetteur vers un récepteur. Dans un GAT, nous pouvons déterminer ceux des individus qui collaborent ensemble, vu la fréquence des appels passés, et nous identifions les rôles de chaque noeud dans chacune des communautés détectées. La détection de l'externer dans une communauté peut permettre de limiter la propagation d'une épidémie en l'empêchant de continuer à avoir des contacts avec l'extérieur. Une comparaison expérimentale de cette approche à l'algorithme de détection de communautés de Louvain implémenté dans l'outil Gephi [5] montre que pour les données utilisées, notre approche trouve des communautés avec une modularité plus élevée que celle obtenue de l'algorithme de Louvain [3].

La suite sera organisée de la manière suivante : dans la deuxième section, nous décrirons sommairement quelques méthodes de détection de communautés. D'autres méthodes de détection des communautés dans les graphes orientés et non orientés sont décrits dans [4]. Dans la troisième section, nous présenterons d'abord l'algorithme de Girvan et Newman, puis notre adaptation à la détection des communautés dans le cas des graphes orientés. La quatrième section sera consacrée à la détection des rôles. Nous continuerons par des expérimentations de notre proposition sur un graphe d'appels téléphoniques et sur les données d'un club de karaté. Enfin nous terminerons par une conclusion et des perspectives pour ce travail.

2. Détection de communautés

L'identification de structure de communautés (ISC), appelée aussi détection ou extraction de communautés, a pour but d'identifier toutes les communautés présentes dans un graphe donné. Une structure de communautés dans un graphe $G = (V, E)$ est un ensemble $C_1, C_2, ..., C_k$ tel que :$C_1 \cup C_2 \cup ... \cup C_k = V$ et chaque C_i vérifie la définition de communauté considérée. Cette définition passe par les approches classiques de partition-

nement de graphe pour parvenir à des méthodes de détection hiérarchiques ascendantes et descendantes.

2.1. Approches classiques

Il s'agit des méthodes dont l'objectif se rapproche de celui de la détection des communautés. Deux techniques y sont abordées : le bi-partitionnement de graphes et la segmentation des graphes. La première technique cherche à répartir en deux groupes les tâches représentées par les sommets d'un graphe, tout en minimisant les échanges, représentés par les arêtes. Dans cette technique, on peut classer les deux méthodes : la méthode de bissection spectrale et la méthode de bissection en coupe minimale [4]. En ce qui concerne la deuxième technique, il s'agit de voir le problème de détection de communautés comme un problème de classement, et d'analyse générale des données, dans lequel on cherche à regrouper les objets possédant des caractères communs, i.e. respectant les mêmes critères de similarité. La segmentation est une méthode basée sur les nœuds puisqu'elle satisfait certaines propriétés, telles que la mutualité complète (clique : graphe dans lequel tous les sommets sont interconnectés) et l'accessibilité de k membres (k-clique, k-club, k-moyennes, k-hop)[8] qui sont les plus usuelles.

En effet, Girvan et Newman [1] orientent leur idée dans le découpage d'un graphe en communautés avec pour souci la réduction des liens intercommunautaires. Bien que la détection des communautés ait le même but que ces approches dites classiques, elle a ceci de plus que le nombre de communautés et leurs tailles sont inconnus, et le plus important est que la détection des communautés permet de reconnaitre les réseaux ne possédant pas une structure modulaire. Cependant, ils ne s'intéressent pas aux graphes orientés et pondérés. Le paragrphe suivant présente les algorithmes dits hiérarchiques.

2.2. Algorithmes hiérarchiques

Ces méthodes cherchent à diviser le graphe en des structures selon leurs connexions : c'est une approche purement topologique. Encore appelées approches de clustering hiérarchique, elles construisent plutôt une hiérarchie de partitions représentée sous la forme d'un dendrogramme. Les algorithmes de classification hiérarchiques sont de deux types : les méthodes déscendantes [4] dites séparatives et les méthodes ascendantes dites agglomératives [4].

L'idée des méthodes séparatives est de considérer au départ le graphe comme une seule communauté et de diviser progressivement, jusqu'à l'obtention d'un graphe vide c'est-à-dire sans arêtes. Les méthodes existantes diffèrent par la façon de choisir les arêtes à retirer. Parmi ces méthodes, l'une des plus répandues est l'algorithme de Girvan et Newman [4] que nous allons adapter à d'autres types de graphes.

3. Algorithme de Girvan et Newman et adaptation

3.1. Algorithme de Girvan et Newman

L'algorithme de Girvan et Newman [1] constitue l'un des plus usuels algorithmes basés sur le clustering hiérarchique déscendant. Il comporte les étapes suivantes :

1) Calcul de la centralité d'intermédiarité pour chaque arête du graphe connexe de départ

2) Retirer du graphe l'arête de plus grande centralité d'intermédiarité

3) Calculer la modularité de chacune des composantes connexes C_i identifiées

4) Réitérer 2) et 3) jusqu'à l'obtention d'un graphe vide

5) Retourner la partition possédant la plus grande modularité

3.2. Adaptation de l'algorithme au graphe orienté

Pour détecter les communautés dans les graphes orientés et pondérés avec cet algorithme, nous faisons des suppositions suivantes :

1) Nous ne traitons que des graphes connexes ;

2) La segmentation du graphe de départ consiste en la suppression du lien apparaissant le plus grand nombre de fois dans l'ensemble des plus courts chemins déterminés entre tous les noeuds du graphe ;

3) Le plus court chemin est celui dont la somme des poids des arcs qui le composent est minimale.

Afin d'éviter de construire un dendrogramme comme l'algorithme de Girvan et Newman, nous allons proposer une nouvelle heuristique appelée Méthode de la sélection maximale, pour le choix de la composante connexe à segmenter : la composante maximale, celle possédant le plus grand nombre d'arcs entre les noeuds.

3.3. Amélioration : méthode de la sélection maximale

L'algorithme qui améliore celui de Girvan et Newman, à savoir la méthode de la sélection maximale que nous proposons, crée des composantes connexes tout en segmentant le cluster maximal (celui possédant le plus grand nombre d'arcs) de la partition ; ensuite on calcule progressivement la modularité de cette dernière jusqu'à obtention de l'optimum, contrairement au précédent qui choisit à la fin des traitements la partition renvoyant le gain maximal de modularité. Ces heuristiques que nous proposons dérivent du fait qu'intuitivement, la division de la plus grande partition produirait une meilleure structure de communauté. L'algorithme de sélection maximale s'applique sur des graphes orientés et pondérés, et par conséquent se sert de la fonction qualité suivante, pour qualifier chaque partition.

$Q = \sum_{ij} \left(\frac{p_{ij}}{2p} - \frac{d_i^{in} * d_j^{out}}{(2p)^2} \right) \partial\left(C_i, C_j\right)$

où d_i^{in} est le degré entrant du noeud i, p le poids total du graphe, p_{ij} le poids de l'arc (i, j) et $\partial()$ est la fonction de Kronecker qui vaut qui vaut 1 si ses paramètres sont égaux et 0 sinon.

A chaque étape, elle détermine la qualité de la partition, et lorsque cette qualité ne croit plus, elle retourne la structure qui en découle. De plus, la recherche de l'arc de centralité d'intermédiarité maximale dépend d'une métrique basée sur la distance (pondérée) des arcs entre les noeuds du graphe. Le pseudocode associé à cette méthode est proposé dans l'algorithme1.

3.4. Analyse et complexité

Il est évident de constater que cet algorithme s'arrête car au pire des cas, nous obtiendrons le dendrogramme comme dans l'algorithme de Girvan et Newman c'est-à-dire N communautés (pour un graphe de N nœuds). Cependant, cet algorithme a une complexité supérieure à celle de l'algorithme de Girvan et Newman : soit $O(mn^2ln(n))$. En effet, contrairement à Girvan et Newman, la recherche de l'arc de centralité d'intermédia-

Algorithm 1 Algorithme : Pseudocode de l'algorithme de Sélection maximale

Entrées: Graphe orienté $G = (N, E)$
Sorties: Partition G en communautés

Initialisation : $D = V_1, V_2, ..., V_N$; $G' = G$; $Qps \leftarrow 0$; // $V_i \in N$
Calculer la centralité d'intermédiarité pour chaque arête e_i de G' ;
répéter
  $Q* \leftarrow Q_s$;
  $e_m \leftarrow (i, j)$;//arc de centralité maximale
  Tant que (Il existe une chaine entre les sommets i et j) **faire**
    Retirer l'arc central maximal e_m du graphe G' ;
    $e_m \leftarrow$ Recherche de l'arc (i, j) de centralité maximale ;
  Fin tant que
  Identifier l'ensemble $C = C_1, ..., C_l$ de toutes les composantes connexes de G'
  Mettre à jour D avec les nouvelles composantes de C ;
  $Q_s \leftarrow$ Modularité de la partition ps obtenu ;
  Choisir la composante maximale ;
jusqu'à $(Q* > Q_s)$
Retourner D ;

rité maximale est basée sur la distance minimale entre deux nœuds, et cette distance est déterminée avec l'algorithme de Dijkstra qui s'exécute en $O(nln(n))$.

4. Détection des rôles dans la communauté

Le rôle joué par un nœud dans une communauté est aussi important que la détection de cette communauté. Il ne servirait pas à grand-chose d'obtenir des clusters dans les réseaux sociaux sans pouvoir les interpréter. Ainsi pour faciliter cette interprétation, nous proposons de définir les rôles des nœuds, en vous inspirant de la méthode de l'algorithme *Leader-follower*[6]. Nous distinguons trois rôles : le leader, l'externer et le follower.

Pour y parvenir, nous nous appuyons sur la mesure de centralité de degré associée à la centralité basée sur le flux réseau [7] qui s'applique aux graphes pondérés. Les formules employées pour déterminer ces rôles des nœuds de la communauté sont décrites dans cette section. Pour le calcul du leader, nous appliquons les formules ci-dessous :

$C_{in}^{deg}(v_i) = \frac{1}{N-1} \sum_j a_{ji}$ et $C_{out}^{deg}(v_i) = \frac{1}{N-1} \sum_j a_{ij}$

Où a_{ij} est le coefficient de la matrice d'adjacence modélisant le graphe et N l'ordre de cette matrice. Ainsi, le nœud leader dans une communauté est le nœud tel que :

$C^{deg}(v_i) = max\left(C_{in}^{deg}(v_k), C_{out}^{deg}(v_k)\right), v_k \in V$ où max est la fonction retournant la centralité dont la valeur est la plus grande entre celle de ses paramètres.

Quant à la formule du calcul de l'externer dans une communauté, nous proposons de calculer la proportion du degré d'externers pour un nœud i de la communauté C_k, que nous définissons comme étant le poids total d'arcs du nœud i externes à la communauté C_k, divisé par le poids total d'arcs externes à la communauté C_k. Les formules suivantes permettent de définir la connectivité entre un noeud et les extérieurs à sa communauté.

$E_{in}^{deg}(v_i, C_k) = \frac{1}{p_k - m + 1} \sum_j p_{ij}$ et $E_{out}^{deg}(v_i, C_k) = \frac{1}{p_k - m + 1} \sum_j p_{ji}$

où P_k désigne le poids total des arcs externes de la communauté C_k et P_{ij} le poids de l'arc (i, j) et m la taille du graphe. Ainsi, l'externer sera celui possédant la fraction maxi-

Propriétés	GAT	Karaté
Nombre de nœuds	111	34
Nombre total de liens	1263	77
Poids global du graphe	667898	241
Nombre moyen de liens par nœud	6017	7
Nombre de nœuds possédant des arcs sortants	111	25
Nombre de nœuds possédant des arcs entrants	23	25

Tableau 1. *Statistiques descriptives des données*

male, tel que le décrit la formule suivante : $E^{deg}(C_k) = max\left(E_{in}^{deg}(v_i, C_k), E_{out}^{deg}(v_i, C_k)\right)$, $v_i \in V$.

S'agissant des nœuds followers, ce sont ceux qui ne sont ni leaders, ni externers.

5. Expérimentations

Nous avons expérimenté notre approche avec deux heuristiques de sélection de la partition à segmenter : la sélection aléatoire comme dans le cas de Girvan et Newman et la sélection maximale comme nous l'avons définie. Nous allons d'abord présenter les données utilisées, ensuite les résultats obtenus en comparant avec ceux obtenus avec l'algorithme de Louvain implémenté dans l'outil Gephi. Enfin, nous présenterons les rôles que nous avons détectés dans les communautés obtenues sur les graphes utilisés.

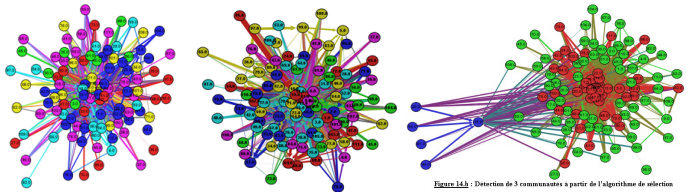
5.1. Données

Notre approche a été appliquée sur deux jeux de données : GAT et Karaté. Le jeu de données GAT se rapporte à un graphe d'appels téléphoniques de l'opérateur de téléphonie Orange Cote d'Ivoire et est structuré en deux ensembles. Le premier ensemble trace la mobilité des individus : à une certaine date t, l'on a la possibilité d'avoir la position z d'un abonné x. Et la position concerne les coordonnées en latitude et longitude du pylône auquel se connecte l'abonné. Tandis que le second ensemble présente un graphe de communication entre deux abonnés x et y. Les données sont contenues dans des fichiers d'extension .gml. A partir de ces informations, l'écriture d'un script a permis d'extraire dans un fichier texte .txt, le GAT sous le format suivant : trois colonnes, dont la première désigne la source (ou émetteur), la deuxième désigne la destination (ou récepteur) et la troisième désigne le poids (ou nombre d'appels ou SMS). Pour simplifier le graphe, nous faisons abstraction des dates et heure d'appels. Et en cas de doublons des arcs, l'on cumule les poids correspondants. Par exemple, si l'abonné 1 appelle l'abonné 2 à une date t_1 3 fois et à une autre date t_2 4 fois, nous aurons pour l'arc $(1 \longrightarrow 2)$ la valeur pondérée de 7.

Le jeu de données Karaté présenté sous forme d'un fichier .gml est un réseau d'amis d'un club de karaté dans une université des USA dans les années 1970. Ce fichier, pour être exploitable dans le code source a été transformé par un script pour prendre le format du fichier texte tel que décrit ci-dessus. Le tableau 1 résume les propriétés des différents graphes utilisés pour cette phase d'expérimentation.

5.2. Résultats

Pour aboutir aux résultats, nous avons appliqué aux deux jeux de données les algorithmes suivants : algorithme de Girvan et Newman modifié, Algorithme de Louvain et



(a) Algorithme de Girvan et Newman, 8 communautés, Q = 0,133 =0,116

(b) algorithme de Louvain, 6 communautés, Q = 0,35

(c) Algorithme de la sélection maximale, 3 communautés, Q =

Figure 1. *Détection des communautés des données GAT*

algorithme de la sélection maximale. Les figures 1 et 2 les présentent graphiquement. Chaque couleur dans un graphe représente une communauté détectée.

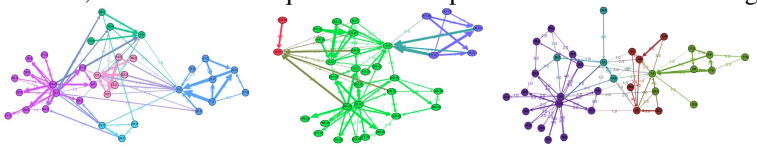
Sur les données de karaté, avec la sélection aléatoire présentée par Girvan et Newman, nous obtenons cinq communautés avec une modularité de $Q = 0,32$, la sélection maximale trois communautés avec une modularité $Q = 0,34$ et l'algorithme de Louvain quatre communautés avec une modularité $Q = 0,46$. Suivant le critère de qualité modularité, l'algorithme de Girvan et Newman est meilleur que les deux autres, mais possède l'inconvénient d'avoir plus de communautés, ce qui implique que la partition pourrait être mal structurée.

Ces trois approches se sont exécutées avec sensiblement le même temps. Cependant l'algorithme de Louvain dans l'outil Gephi fournit les résultats avec un temps légèrement plus faible que les deux autres.

S'agissant des résultats des rôles des nœuds, la figure 3 permet de visualiser la présence des nœuds *leader*, *externer* et *followers* de chaque communauté.

6. Conclusion

La détection de communautés et l'identification des rôles des noeuds dans l'analyse des réseaux sociaux (ARS) contribue à faciliter l'interprétation des phénomènes de la société. L'algorithme de la sélection maximale proposé dans cet article traite des graphes orientés et pondérés, et produit des communautés mieux structurées que celles produites par les algorithmes séparatif de Girvan et Newman et agglomératif de Louvain. Les nœuds jouent un rôle important dans l'ARS, ainsi, nous définissons trois principaux rôles dans les communautés, à savoir le leader qui est le noeud possédant la centralité de degré maxi-

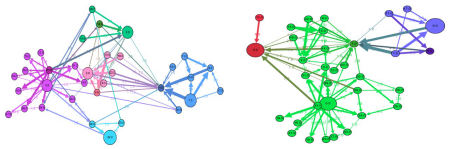


(a) Algorithme de Girvan et Newman, 5 communautés, Q = 0,32.

(b) Algorithme de la Sélection maximale, 3 communautés, Q = 0,34.

(c) algorithme de Louvain, 4 communautés, Q = 0,46

Figure 2. *Détection des communautés des données karaté*



(a) Rôles des noeuds du graphe de Girvan et Newman.

(b) Rôles des noeuds du graphe de la Sélection maximale

Figure 3. *Détection des rôles des données Karaté*

male, l'externer qui est le nœud commiquant avec le plus grand nombre de communautés, et les followers qui sont les autres nœuds de la communauté.

7. Bibliographie

[1] M. GIRVAN and NEWMAN, « Community structure in social and biological networks », *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 992, n° 12, 2002.

[2] L. DANON and, A. DIAZ-GUILERA and, J. DUCH and , A.ARENAS, « Comparing community structure identification », *Journal of Statistical Mechanics : Theory and Experiment*, n° 999, 2005.

[3] P. DE MEO , E. FERRARA , G. FIUMARA , A. PROVETTI « Generalized Louvain method for community detection in large networks » 2011.

[4] S. FORTUNATO, « Community detection in graphs. », *Physics Reports*, n° 486, 75-174, 2009.

[5] V. BLONDEL , J. Guillaume , R. Lambiotte and E. LEFEBVRE « Fastunfolding of communities in large networks », *Journal of Statistical Mechanics : Theory and Experiment*, 2008.

[6] S. DEVAVRAT and , T. Zaman « Community detection in networks : The leader follower algorithm, » Workshop on Networks Across Disciplines, NIPS 2010.

[7] S.WASSERMAN and , K.Faust« Social networks analysis : Methods and Applications. », n° 1994.

[8] R. MOKEN « Cliques, clubs, and clans »,n° 161-173, 1979.

Explication des RNA

Une approche de généralisation des règles d'un réseau de neurones artificiels

DJIKY DJAZIK Eric* — TIOGNING KUETI Lauraine** — TSOPZE Norbert*

* Département d'Informatique - Université de Yaoundé I
BP 812 Yaoundé - Cameroun
edjiky@gmail.com
tsopze@uy1.uninet.cm
** ENSP - Université de Yaoundé I
ltiogning@gmail.com

RÉSUMÉ. Les réseaux de neurones artificiels ont connu de grands succès dans les domaines de la classification supervisée, non supervisée et de prédiction. Ils sont cependant vus comme une boite noire car il est difficile de justifier ou de donner une interprétation au résultat fourni. Pour apporter une solution à ce problème et augmenter l'attractivité des réseaux de neurones artificiels, plusieurs travaux portant sur l'extraction des règles dans ces neurones ont été proposés dans la littérature. Ces règles sont présentées soient sous la forme '*Si condition alors conclusion*' soient sous la forme '*Si M parmi N conditions Alors conclusion*' (MofN). Nous proposons ici une structure intermédiaire appelée Maxsubsets (ou MinSubsets) permettant d'extraire certaines conditions de ces règles, à partir desquels nous pouvons déduire l'ensemble des règles et les convertir en règles MofN équivalentes. Une validation expérimentale de notre algorithme est proposée et discutée.

ABSTRACT. Artificial Neural Networks (ANN) have been successfully used in the field of supervised, non supervised as well as prediction classification. Meanwhile, ANN are seen as a black box for the reason that it is difficult to justify or to propose an interpretation to the obtained result. In order to solve this problem and increase the interest on the ANN, a number of research works on the rules extraction in these Neural Networks have been carried out. These rules are presented either under the form ?*if condition then conclusion*? or the form ?*if M among N conditions then conclusion*? (MofN). In the present work, we propose an intermediate structure called Maxsubsets allowing the extraction of some of the conditions of these rules; from which we can deduct the whole rules and convert them into the equivalent MofN rules. An experimental validation of our algorithm is proposed.

MOTS-CLÉS : réseau de neurones, Extraction de règles, apprentissage, approche decompositionnelle, classification supervisée, règles If...then, règles MofN.

KEYWORDS : Neural network, Rules extraction, Learning, decompositionnal approach, classification, If...then rules, MofN rules.

1. Introduction

La technique des RNA [3] a prouvé son efficacité aussi bien sur des problèmes de classification supervisée, non supervisée que sur des problèmes de prédiction ; en comparaison à d'autres modèles standards tels que les plus proches voisins ou les arbres de décision. Elle a plusieurs autres avantages tels que : la tolérance aux bruits, un meilleur apprentissage avec de faibles données, etc. Cependant, il est difficile de les utiliser dans des domaines où l'interprétation aux résultats est important. L'absence de cette interprétation rendrait le modèle préjudiciable. Pour résoudre ce problème, les chercheurs proposent d'extraire les règles decrivant le fonctionnement du réseau. Ces règles sont plus compréhensibles qu'un ensemble de poids de connexion et permet de découvrir une interrelation entre les données en entrée et les sorties du modèle [1]. Ces règles se présentent sous deux formes principales :

1) '**Si (condition) alors conclusion**' ou **si ... alors**. Toutes les différentes combinaisons des liens de connexion qui peuvent rendre le neurone actif sont produites.

2) **'Si** m **parmi** N **alors conclusion'** ou **'MofN'**. Ici m est un entier et N un ensemble de conditions (entrées) et $1 \leq m \leq |N|$. Cette forme signifie que si m conditions de l'ensemble N sont vérifiées alors la conclusion prend $VRAI$ comme valeur.

Ces algorithmes extraient l'une ou l'autre forme des règles mais pas les deux.

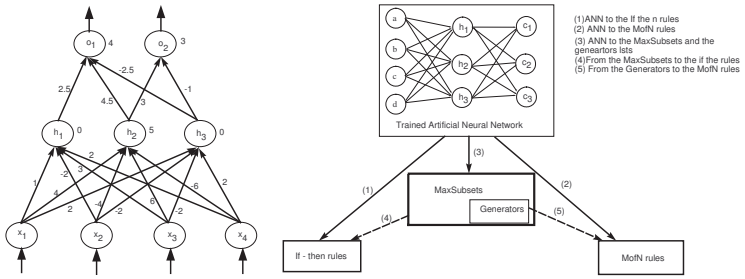
Dans ce travail qui vient étendre celui présenté dans [5], nous proposons un moyen pour établir une relation entre les neurones de la couche de sortie et ceux de la couche d'entrée d'un RNA. En utilisant les deux structures intermédiaires que nous appelons *MaxSubsets* et *MinSubsets* à partir desquelles il est facile d'obtenir les deux formes des règles. Ainsi, introduire une structure intermédiaire donne la possibilité à l'utilisateur de choisir la forme de règle qu'il veut générer au moment de la demande d'explication au RNA. *MaxSubsets* (resp. *MinSubsets*) est semblable à la notion de *coalition-opposition* définie dans [2] qui se limite à l'extraction des règles *si...alors*.

La suite sera structurée comme suit : les Réseaux de neurones et l'extraction des règles à partir d'un RNA seront introduits dans la section suivante. Dans la troisième section, nous décrivons notre méthode d'extraction de la liste des MaxSubsets et des MinSubsets. La déduction des règles à partir de cette structure est l'objet de la quatrième section nous terminerons enfin par une évaluation expérimentale.

2. Réseaux de neurones et extraction des règles

2.1. Réseaux de neurones non bouclés

Un RNA est un ensemble de neurones interonnectés qui s'échangent les informations et communiquent aussi avec l'environnement. Ils ont été appliqués à plusieurs domaines : approximation des fonctions, reconnaissance de formes, ... Un neurone est une unité de traitement qui a un état interne et qui communique avec l'extérieur. Son état est défini comme une fonction (fonction d'activation) de ses entrées. Un neurone u reçoit comme entrées les sorties de de tous les neurones v qui lui sont connectés, et chaque connexion est pondérée ; ce poids mesurant l'influence de v sur u. Pour un problème de classification supervisée, le RNA fonctionne en deux phases : pendant la phase d'apprentissage, un algorithme recherche les poids appropriés et pendant la phase de test, le réseau obtenu à l'apprentissage est testé sur les données non utilisées à la phase précédente.



(a) Exemple de réseau de neurones multicouches

(b) Processus d'extraction de règles

Figure 1. *Exemple de RNA (a) et processus d'extraction de règles (b)*

La figure 1 (a) est un exemple de RNA ayant trois couches : couche d'entrée (x_1, x_2, x_3, x_4), couche cachée (h_1, h_2, h_3) et couche de sortie (o_1, o_2).

2.2. Extraction des règles à partir des réseaux de neurones

Les règles dans un RNA sont incorporées dans sa topologie, sa fonction de transfert, ses poids de connexion et seuils. L'objectif principal de l'extraction des règles [**?**] est d'expliciter sous forme de règles toutes les différentes combinaisons de liens capables de rendre chaque neurone (de la couche cachée ou de la couche de sortie) actif.

Quelques travaux sur l'extraction des règles à partir des RNA sont résumés dans [1]. Dans ces travaux, les règles ont été extraites à partir de différentes sortes de réseaux. Ces travaux suivent exclusivement les chemins (1) ou (2) du schéma de la figure 1 (b). Le but principal est de déterminer l'ensemble des vecteurs d'entrée X tel que $\sum_i w_i x_i \geq \theta$ avec w_i le poids de connexion de l'entrée i. Dans ce travail, nous noterons U l'ensembles des entrées du neurone et par X son sous ensemble réprésenté par un vecteur binaire V ($v_i = 1$ si l'élément i appartient à X et 0 sinon). Il est montré dans [5] que la recherche de ces sous ensembles était NP-Complet en le réduisant au problème du sac à dos.

Ce travail étend celui de [5] en établissant une rélation entre les neurones de la couche de sortie et ceux de la couche d'entrée. Pour cela ; à la liste des MaxSubsets proposée dans [5], sera ajoutée celle des MinSubsets (chemin (3) de la figure 1 (b). Pour éviter les problèmes liés au partitionnement, aucun prétraitement n'est appliqué au réseau avant l'extraction de règles.

3. Extraction de la liste des MaxSubsets et des MinSubsets

3.1. Définitions

Définition 1 *Un **vecteur caractéristique** V d'un ensemble E est un vecteur binaire de taille $|E|$ tel que $v_i = 1$ (composant à la position i) si l'élement à la position i appartient à E et 0 sinon.*

L'importance du vecteur caractéristique est le gain de mémoire et la facilité d'y appliquer les heuristiques pour élaguer l'espace de recherche.

Définition 2 *Nous définissons l'activité positive (resp. négative) d'un neurone par la grandeur calculée par la formule 1 (resp. 2).*

$$A_+(V) = \sum_{i \in V_+} w_i - \sum_{i \in \bar{V_-}} w_i \quad [1]$$

$$A_-(V) = \sum_{i \in V_-} w_i - \sum_{i \in \bar{V_+}} w_i \quad [2]$$

V_+ : éléments de V non complémentés . V_- : éléments de V complémentés. $\bar{V_-}$: éléments de X complémentés et n'appartenant pas à V. $\bar{V_+}$: éléments de X non complémentés et n'appartenant pas à V.

Définition 3 *Un vecteur caractéristique V est valide si son activité positive est supérieure au seuil d'activation du neurone considéré : $A_+(V) \geq \theta$*

Nous allons présenter ici comment extraire la liste des MaxSubsets, sachant que pour obtenir les MinSubsets, il faut remplacer dans l'algorithme d'extraction des MaxSubsets, la validité d'un vecteur par $A_-(V) \leq \theta$.

Sachant les sous ensembles de U peuvent être rangés en deux groupes (Act pour ceux capables d'activer le neurone, et $Inact$ le reste) et dans trois segments suivant leur cardinalité $k : 0 \leq k \leq kmin$ tous les sous ensembles sont dans $Inact$; $kmin \leq k \leq kmax$ certains sous ensembles sont dans $Inact$ et d'autres dans Act ; $kmax \leq k \leq n$ appartiennent exclusivement à Act. La recherche des MaxSubsets implique le calcul de $kmin$ et $kmax$ pour borner la deuxième partition. Les différentes étapes de cette recherche sont les suivantes :

1) Calculer la forme positive du neurone.

2) Trier par ordre décroissant les connexions suivant leurs poids.

3) Calculer $kmin$ et $kmax$.

4) Extraire l'ensemble des MaxSubsets dans la partition délimitée par $kmin$ et $kmax$.

Rendre une connexion positive w_i de l'entrée x_i signifie transformer son poids de connexion de sorte qu'il soit positif ou nul, elle est faite de la manière suivante : *si $w_i < 0$ alors $w_i = \mid w_i \mid$ et $x_i = \neg x_i$ sinon rien ; où $\neg x_i$ est la négation de x_i.*

Le tri des connexions consiste à utiliser le résultat de l'étape précédente et ordonner les différentes connexions suivant leur poids.

Comme $kmin$ et $kmax$ représentent respectivement le nombre minimum et maximum de connexions pouvant activer le neurone et que le tri est par ordre décroissant, les $kmax$ connexions sont regroupées à la fin de la liste des MaxSubsets alors les $kmin$ sont regroupés au début. La recherche des MaxSubsets implique la production des sous ensembles de cardinalité bornée par $kmin$ et $kmax$.

Les MaxSubsets sont générés en commençant par le vecteur caractéristique de $kmin$ éléments, les $kmin$ premières positions du vecteur ont pour valeur 1 et le reste du vecteur 0. L'algorithme utilise les fonctions $next()$ et $new_next()$ pour rechercher les autres autres MaxSubsets. Les générateurs et les MaxSubsets sont générés simultanément. Soit e^i le vecteur unitaire de taille n ayant la valeur 1 à la position i et la valeur 0 à toute position $j \neq i$; soit l ($1 \leq l \leq n$) un entier tel que $X_l = 1$ et $\forall i > l \; X_i = 0$; l_0 et l_1 ($l_0 \leq l_1 \leq l$) tel que $X_{l_0} = 1$, $\forall i \; l_0 < i < l_1 \; X_i = 0$ et $\forall i \; l_1 \leq i \leq l \; X_i = 1$.

Définition 4 *Soit V un vecteur caractéristique, $V' = next_i(V)$ est défini de la manière suivante :*

$$next_i : U \longrightarrow U$$
$$V \longrightarrow V - e^i + e^{i+1}$$

Nous noterons $next_l(V)$ par $next(V)$.
La fonction $next(V)$ calcule le vecteur suivant candidat V' tel que seules les dernières positions (ayant la valeur 1) diffèrent entre V et V'.

Définition 5 *Soit V un vecteur caractéristique, $V' = new_next(V)$ est définie de la manière suivante :*

$$new_next : U \longrightarrow U$$
$$V \longrightarrow (V - e^{l_0} - \sum_{(l_1 \leq i \leq l)} e^i) + \sum_{(l_0+1 \leq i \leq (l-l_1+l_0+2))} e^i$$

Cette fonction calcule pour un vecteur valide V dont le suivant par $next$ n'est pas valide un vecteur V' de même taille que V en partant de l'index l de V au début du vecteur.

Définition 6 ***Générateur.***
Un vecteur valide V est appelé générateur si $next(V)$ n'est pas valide ou n'existe pas.

Soit V un générateur, un vecteur caractéristique *V'=generate(V)* est définie comme suit :

$$\text{Si } l > n+2 \text{ alors } V' = V - e^l + e^{l+1} + e^{l+2} \text{ sinon}$$
$$V' = V - e^{l_0} - \sum_{l_1 \leq i \leq l} e^i + \sum_{(l_0 < i \leq (l-l_1+l_0+3)} e^i$$

Les générateurs permettent aussi d'élaguer l'espace de recherche. En effet, les générateurs de cardinalité k constituent les racines de recherche des MaxSubsets candidats de cardinalité $k+1$. Les générateurs sont formées des MaxSubsets qui permettront d'obtenir les règles MofN. La recherche des MaxSubsets et des générateurs pour un neurone donné est présentée par l'algorithme 2.

Proposition 1 *Soitent LMA et LGA les listes respectives des MaxSubsets et des générateurs obtenus de l'algorithme 2. $\forall X \in LMA, \exists G \in LGA$ such that $X = f(G)$.*

4. Génération des règles

Nous allons présenter dans cette section comment obtenir les règles à partir des structures obtenues dans la section précédente.

4.1. Règles Si ... alors

Toutes les prémisses des règles si ... alors peuvent être obtenues en calculant tous les sur ensembles de chaque MaxSubset stocké dans la liste LMA de l'algorithme 2. Puisque toute condition d'une règle doit toujours contenir un MaxSubset, les règles à produire seront de la forme $\wedge_i m_i \Longrightarrow y$ où m_i est un MaxSubset du neurone étiquetté y.

4.2. Règles MofN

Définition 7 *Nous définissons la rélation $\preceq$ entre deux vecteurs V et V' de la manière suivante :*

$$V' \preceq V \; iff \; \exists i < n \textit{ tel que } V' = next_i(V).$$

Algorithm 1 Recherche des MaxSubsets et des générateurs

Entrées: Un neurone donné, ses poids de connexion en entrée et son seuil d'activation.
Sorties: Liste des MaxSubsets LMA et celle des générateurs LGA extraits de ce neurone.

Rendre positives les connexions entrantes au neurone.
Trier les connexions par ordre décroissant.
Calculer $Kmin$ et $Kmax$.
Initialiser V comme suit : $V_i = 1$ si $i \leq kmin$ et 0 sinon.
$LGA \leftarrow \{V\}$;
répéter
  Si ($next(V)$) n'est pas valide alors $LGA \leftarrow LGA \cup \{vect\}$
  $V \leftarrow next(V)$; $LMA \leftarrow LMA \cup \{V\}$
jusqu'à V ne soit plus valide
$LGA' \leftarrow LGA$
Tant que $LGA' \neq \{\}$ **faire**
  $V \leftarrow$ le premier élément de LGA' et le supprimer de LGA'
  $V \leftarrow new_next(V)$;
  répéter
    $LMA \leftarrow LMA \cup \{V\}$;
    Si ($next(V)$ n'est pas valide $LGA \leftarrow LGA \cup \{V\}$; $LGA' \leftarrow LGA' \cup \{V\}$
    $V \leftarrow next(vect)$
  jusqu'à V ne soit plus valide
Fin tant que

Soit L un ensemble de vecteurs bianires, V' est le minimum de L s'il n'existe pas un élément de $V \in L$ tel que $V = next_i(V')$ pour $i \in [1, n]$.

L'algorithme regroupe les générateurs tels que chaque groupe soit formé des générateurs ayant la même cardinalité (même nombre de positions ayant le valeur 1). Aucun traitement n'est réalisé ici car dans l'algorithme 2, la liste des générateurs LGA est générée de telle sorte que les générateurs soient classés par ordre croissant de cardinalité.

Soit V un MaxSubset et G un générateur tel qu'il existe une séquence V_1, V_2, ..., V_k et $V_1 = next(V)$, $V_2 = next(V_1)$, ..., $V_k = next(V_{k-1})$ et $G = V_k$. G est le minimum de la relation $\preceq$ définie sur V, V_1, ...,V_{k-1}, G. Pour obtenir V à partir de la liste des générateurs, il nous faut identifier le vecteur G et utiliser la fonction inverse de $next()$ ($next^{-1}(V) = V + e^{l-1} - e^l$), nous trouvons V par la composition de fonctions $next^{-1}()$ *o* $next^{-1}()$ *o...o* $next^{-1}()$.

Plus généralement la séquence V, V_1, V_2, ..., V_k, G dans la liste des MaxSubsets est représentée par G dans la liste des générateurs.

Cette proposition permet de gagner en mémoire en stockant la liste des générateurs au lieu de celle des MaxSubsets.

Pour obtenir les règles MofN nous utilisons la liste des générateurs LGA. Pour transformer la liste des générateurs en règles MofN, nous procèdons de la manière suivante :

1) Regrouper les générateurs tel que chaque groupe contient les générateurs ayant la même cardinalité (même nombre de positions à 1).

2) Trouver les minima de chaque groupe pour la rélation $\preceq$ définie sur LGa ;

3) Transformer chaque minimum en MofN règle.

La liste des générateurs LGA obtenue de l'algorithme 2 est telle que les générateurs sont ordonnés par ordre de cardinalité. Pour transformer un générateur en règles MofN, nous procèdons par :

Etant donné un vecteur booléen V représentant un générateur, il existe les entiers positifs $k'_1, k''_1, k'2, k''_2, ..., k'_p, k''_p$ avec $k'_i \leq k''_i$ et $k'_{i+1} \geq k'_i + 2$ tel que $V = \sum_{i \in [k'_1, k''_1]} e^i + ... + \sum_{i \in [k'_p, k''_p]} e^i$. La règle r associée à V est : $r = m_1 \, of \, V_1 \wedge m_2 \, of \, V_2 \wedge ... \wedge m_p \, of \, V_p$ où $m_i = k''_i - k'_i + 1$ et $V_i = \{v_{k''_{i-1}}, ..., v_{k_i}, v_{k'_{i+1}}, ..., v_{k''_i}\}$ avec $V_1 = \{v_1, ..., v_{k''_1}\}$ obtenus du tri des connexions.

L'espace de recherche des MaxSubsets étant limité aux sous ensembles dont la cardinalité est compris entre $kmin$ et $kmax$, le nombre de candidats (sous ensembles) dans cette portie du treillis est limité et fini ; ceci permet de conclure que l'algorithme se termine toujours. En outre, chaque MaxSubset est capable d'activer le neurone à partir duquel il a été extrait, et par conséquent tous ses sur ensembles. A partir des MaxSubsets, on peut extraire tous les prémisses (des règles) capables de produire la valeur 1 pour le neurone considéré.

4.3. Expression des sorties en fonction des entrées

Les MaxSubsets et les MinSubsets obtenus précédemment ne concernent qu'un neurone individuel. Pour exprimer les sorties du réseau en fonction de ses entrées, nous proposons l'algorithme 2.

Algorithm 2 Expression des sorties

Entrées: Forme normale disjonctive de règle décrivant un neurone de sortie y.
Sorties: Expression de y en fonction des entrées du RNA.

1: **Tant que** $\exists x$, non variable d'entrée dans l'expression de y **faire**
2: Remplacer x par $LMA(x)$ si x est présenté dans l'expression de y sous forme directe et par $LMI(x)$ s'il est présenté sous forme indirecte ;
3: **Fin tant que**

Avec LMI la liste des MinSubsets.

5. Expérimentations

Cette approche a été testée sur les données 'monks' disponibles sur le repertoire ICU[1]. Ces données comportent trois versions (monks1, monks2 et monks3) comportant chacune 432 exemples. Chaque exemple est décrit par 15 attributs. Les réseaux de neurones utilisés pour classer ces données ont construits avec l'outil Weka et étaient formés de trois couches (15 neurones en entrée, 9 neurones cachés et 2 neurones en sortie). Nous avons alors extrait à l'aide de cette nouvelle approche extraire les règles des différents RNA obtenus par Weka sur ces trois jeux de données.

Le tableau 1 présente les statistiques obtenues de ces règles. Les lignes 'MaxSubsets' ([minimum, maximum]), 'MinSubsets' ([minimum, maximum]) et 'Temps' présentent respectivement le nombre de MaxSubsets, le nombre de MinSubsets obtenus des différents RNA construits pour classer les données et du temps total d'extraction de toutes les règles.

1. http ://archive.ics.uci.edu/ml/datasets.html

	Monsk1	Monsk2	Monsk3
MaxSubsets	[10,13883]	[255,7000]	[9,6040]
LGA	[3,6644]	[3,4137]	[2,11174]
MinSubsets	[5,5031]	[28,18766]	[9,2057]
LGI	[2,435]	[1,5448]	[2,3877]
Temps (min)	16,33	25,86	36,89

Tableau 1. *Variation du nombre de MaxSubsets et de MinSubsets.*

Notons que la variabilité du nombre de MaxSubsets et MinSubsets est justifiée par la distribution des poids de connexion du neurone à partir duquel ces structures sont extraites. De plus, le nombre élevé de LMI (respectivement LMA) par rapport au nombre de LGI (respectivement LGA) se justifie dans le faite que le nombre de règles *si...alors* sera toujours supérieur au nombre de règles *MofN*.

6. Conclusion

En somme, nous avons proposé dans ce papier une nouvelle approche décompositionnelle qui construit deux structures appelées "MaxSubsets" et "MinSubsets", qui permet d'extraire des deux formes de règles couramment présentées dans la littérature (*si ... alors* et *MofN*). Et à partir de ces structures, nous avons montré comment obtenir différentes formes de règles.

Dans la suite, nous allons étudier l'équivalence entre les règles *si ... alors* et les règles *MofN*. Une étude de l'application des méthodes de prétraitement utilisés pas les algorithmes existants sera aussi faite afin de définir dans quelles conditions les utiliser. Une implémentation de cette approche est également en cours, son expérimentation sur des données disponibles sur internet permettra de bien l'évaluer.

7. Bibliographie

[1] R. Andrews, J. Diederich, A. Tickle. Survey and critique of techniques for extracting rules from trained artificial neural networks, *Knowledg-Based system* 8(6),373-389 1995

[2] S. Bader, S. Holldobler, V. Mayer-Eichberger. Extracting Propositional Rules from Feed-forward Neural Networks - A New Decompositional Approach, *IJCAI-07 Workshop on Neural-Symbolic Learning and Reasoning, NeSy'07. CEUR workshop*.2007.

[3] Y. Bennani. Apprentissage Connexionniste, Ed. Hermès Sc., ISBN : 2-7462-1337-0 2006.

[4] H. Kahramanli, N. allahverdi. Rule extraction from adaptive neural networks using artificial immune systems. *Expert Systems with Applications* 36 1513-1522, 2009.

[5] N. Tsopzé, E. Mephu Nguifo, G. Tindo, Towards a generalization of decompositional approach of rule extraction from multilayer artificial neural network, In the proc. of the IJCNN, IEEE Press, p. 1562-1569, 2011.

CARI'2014

Architecture d'un moteur sémantique

Pour l'aide au diagnostic médical

Adama Sow — Abdoulaye Guissé — Oumar Niang

Laboratoire de Traitement de l'Information et Systèmes Intelligents
www.ltisi.com
Ecole Polytechnique de Thiès
SENEGAL
asom@ept.sn, aguisse@ept.sn, oniang@ept.sn

RÉSUMÉ. Dans cet article nous présentons l'architecture d'un moteur de recherche sémantique permettant d'assister un médecin généraliste à réaliser son diagnostic médical devant son patient. L'objectif est de considérer les informations du patient dont dispose le médecin afin de reconstituer un questionnaire qui est soumis en entrée au moteur. Celui-ci, à travers un système d'interrogation défini avec les technologies du Web sémantique, récupère dans une base de connaissances la liste des diagnostics médicaux pertinents. Cette base est composée d'une ontologie médicale et d'une base de cas qui répertorie tous les diagnostics antérieurement réussis.

ABSTRACT. In this paper we present the architecture of one semantic search engine to assist doctor to find a relevant diagnosis when he meets his patient. Our objective is to consider patient's informations available at the doctor in order to reconstruct a medical form. This last will be submitted to the engine that integrates an interrogation system defined with semantic web technologies and recovers into one knowledge base the relevant medical diagnostics. This knowledge base is composed of one medical ontology and of one cases base containing all the previously successful diagnostics.

MOTS-CLÉS : Diagnostic Médical, Ingénierie des Connaissances, Moteur Sémantique, Web Sémantique, Ontologies, RàPC

KEYWORDS : Medical Diagnosis, Knowledge Engineering, Semantic Engine, Semantic Web, Ontologies, CBR

1. Introduction

Le diagnostic médical [11] décrit le commencement de l'activité du médecin généraliste devant son patient. Un diagnostic suppose le recueil des données cliniques pertinentes sur un patient par l'interrogatoire et l'examen, la sélection et la mise en ordre des symptômes pour évoquer des hypothèses pouvant renvoyer à plusieurs diagnostics potentiels. Ce sont les connaissances du médecin et son expérience qui permettent de trancher et de valider un diagnostic fiable. Et cette tâche peut s'avérer tout de suite improbable pour le médecin notamment lors que cela nécessite de recourir à des informations dont il ne dispose pas, surtout avec l'évolution rapide des connaissances médicales à l'échelle internationale.

Dans cette optique, nous nous intéressons ici à la mise en place d'un système d'informations[1] d'aide à la décision pour assister le médecin. Globalement, le but est de lui permettre d'avoir accès rapidement à des connaissances médicales partagées par plusieurs médecins mais aussi de lui offrir la possibilité de partager ses propres expériences.

Dans cet article, nous présentons l'architecture d'un moteur de recherche sémantique permettant de réaliser le diagnostic médical d'un patient. L'objectif est de considérer les informations du patient dont dispose le médecin afin de reconstituer un questionnaire qui est soumis en entrée au moteur. Celui-ci, à travers un système d'interrogation défini avec les technologies du Web sémantique, récupère dans une base de connaissances la liste des diagnostics médicaux pertinents. Cette base est composée d'une ontologie qui décrit un vocabulaire médical partagé (ou commun), et d'une base de cas qui répertorie tous les diagnostics antérieurement réussis.

Dans la *section 2* de cet article, nous allons donner un aperçu global du processus d'aide au diagnostic. Ensuite, dans les *sections 3 et 4*, nous décrivons respectivement, le processus de construction de la base de connaissances qui est interrogée par le moteur, et celui du questionnaire à partir duquel sont définies les requêtes en entrée de ce moteur. Et enfin, dans la *section 5*, nous présentons le modèle de données sur lequel repose le moteur, et la liste de ses fonctionnalités, avant de conclure dans la *section 6*.

2. Description du processus

L'aide au diagnostic médical se décrit sous forme d'un processus allant de la prise en charge des informations sur le patient jusqu'à la proposition de potentiels diagnostics au médecin par le moteur. Ce processus est représenté par la figure 1.

1) Il commence avec la récupération des données patient à l'issu de la consultation avec le médecin et à partir desquelles un diagnostic médical peut être établi (voir *section 4*). A cette étape le médecin interroge l'avis du patient sur son état, effectue des examens d'usages, demande éventuellement au patient de passer des analyses supplémentaires, et enfin considère les données antérieures du patient à partir de son dossier patient.

2) Une fois l'acquisition de toutes ces informations sur le patient effectuée, elles sont organisées et structurées dans un questionnaire en trois blocs : les informations

1. La mise en place de ce système entre dans le cadre d'un projet en collaboration entre le LTISI (Laboratoire de Traitement de l'Information et Systèmes Intelligents) de l'école Polytechnique de Thiès (www.ept.sn) et l'UFR Santé (www.sante.univ-thies.sn) de l'université de Thiès, qui s'intéressent à la question de l'utilisation des outils informatiques dans le système de santé sénégalais.

nominatives (généralement son état civile), les informations non nominatives, celles qui décrivent son état de santé actuel ou présent (obtenues lors de la consultation), et celles correspondant aux informations répertoriant l'ensemble des diagnostics antérieurs dont le patient à fait l'objet, (obtenues à partir du dossier patient).

3) Ensuite, ce questionnaire fait l'objet de diverses requêtes, au regard des informations qu'il englobe, et sur lesquelles est appliqué le moteur. Cependant seules les informations ayant liens avec l'état de santé du patient sont analysées par le moteur.

4) Ce dernier, se charge d'exécuter les requêtes sur une base de connaissances médicales. Cela renvoie à la fonction d'un moteur de recherche classique qui fouille dans la base toutes connaissances similaires à celles relatées dans les requêtes. Cette base est composée d'un dictionnaire médical qui est conceptualisé sous forme d'une ontologie, et d'une base de cas dans laquelle sont enregistrés toutes expériences de diagnostics fiables. Un cas (voir *section 3*) est un ensemble regroupant les symptômes ayant permis de conclure à un diagnostic donné ainsi que le diagnostic lui-même. A l'exécution des requêtes, la base de cas est analysée afin de vérifier si un cas identique n'a pas déjà été enregistré. Au cas contraire une fouille dans l'ontologie s'impose afin d'identifier les maladies susceptibles de correspondre aux symptômes décrits par ces requêtes.

5) Le moteur identifie un ou plusieurs diagnostics potentiels qui sont mis à la disposition du médecin.

6) A la validation du diagnostic par le médecin, après y avoir apposées ses éventuelles corrections, le diagnostic est en-capsulé avec ses symptômes dans la base de connaissances, notamment la base de cas.

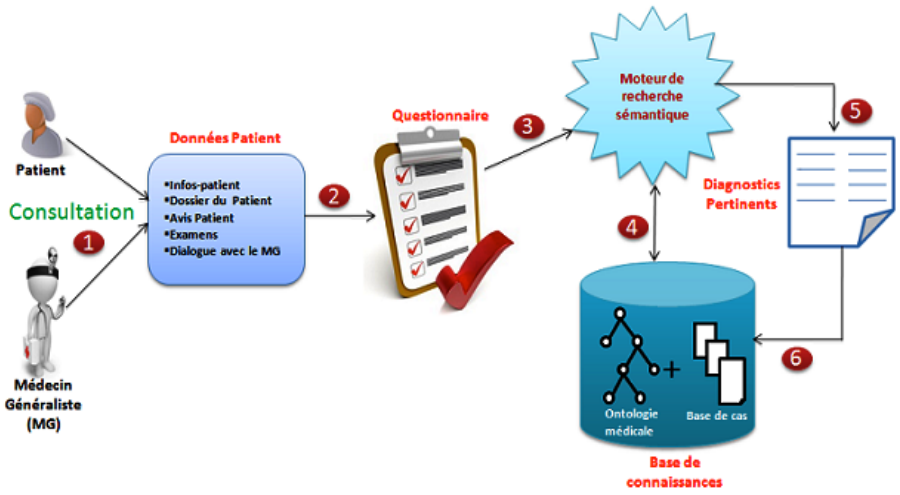


Figure 1 – Description du processus d'aide au diagnostic médical

3. Construction de la base de connaissance

3.1. L'ontologie médicale

Les ontologies médicales sont de plus en plus utilisées. Elles sont conçues dans un but précis de mettre en place des vocabulaires médicaux communs reposant sur des concepts partagés qui facilitent l'interopérabilité des documents entre les acteurs du domaine et surtout l'élaboration des connaissances [1]. Les ontologies médicales représentent une évolution des thésaurus médicaux ; elles ne se limitent pas à définir une terminologie mais elles vont plus loin en formalisant entre autres les entités médicales, les maladies et leurs syndromes et symptômes.

Plusieurs travaux s'intéressent aux ontologies médicales. D'une part à leur construction [1, 2, 4] qui est en générale prise en charge à partir de sources médicales non structurées et hétérogènes et dont la finalité est d'arriver à une représentation basée sur des formalismes nouveaux comme OWL (Ontology Web Language) qui facilite la conceptualisation et le partage des connaissances médicales. Aujourd'hui, il existe plusieurs ontologies médicales qui sont organisées [4] et mises à la disposition du public. Et il existe plusieurs exploitations de ces ontologies notamment l'aide à la prise de décision. Dans [11, 2], elles correspondent à l'utilisation des ontologies pour intégrer des connaissances médicales afin de définir des modèles de données adaptés à l'aide au diagnostic médical. Et cette aide repose sur les possibilités de raisonnement qu'offre la structure de ces ontologies [11, 1] dans la recherche d'informations médicales, notamment pour inférer la liste des diagnostics pertinents issue de requêtes à partir d'un ensemble de symptômes.

Dans ce travail, nous citons et utilisons l'ontologie médicale SNOMED (Medical Subject Headings) [5], une des ontologies les plus utiles pour le diagnostic [1]. Elle a été conçue à partir du méta-thésaurus UMLS (Unified Medical Language System) [3] et implémente une représentation formelle des maladies. Elle fournit les codes des maladies connues, les termes utilisés et les différents sens et définitions cliniques, les symptômes et les substances pharmaceutiques qui servent à lutter contre. Cependant, SNOMED est une immense ontologie qui tente de répertorier toutes les maladies du monde, et il n'est pas toujours pertinent de considérer toutes les ressources. Le but, ici, est de se focaliser sur les maladies présentes et connues au Sénégal, et d'extraire une partie de SNOMED, aussi sous forme ontologique, adaptée au système de santé sénégalais. Cette ontologie est plus facile à améliorer et à faire évoluer surtout avec les expériences et expertises des acteurs locaux du domaine [2].

3.2. La base de cas

Dans un processus de diagnostic médical, il est important d'offrir au médecin l'opportunité d'archiver ses propres expériences de diagnostic, et la possibilité de ré-utiliser ces dernières pour le diagnostic de nouveaux patients ou de les partager avec d'autres médecins. Nous proposons alors de stocker tous les diagnostics réussis dans la base de connaissances. Pour cela, nous organisons ces diagnostics dans une base de cas qui viennent s'intégrer à la base de connaissances. Chaque cas permet d'enregistrer un diagnostic réussi avec l'ensemble des symptômes ayant permis d'aller vers cette conclusion. Cette pratique a été déjà abordée dans le cadre des travaux autour des systèmes de raisonnement à partir de cas (RàPC ou CBR : "<*Case-Based Reasoning*"> en anglais). Les premiers

2. Nous menons actuellement des recherches de recueil d'informations auprès auprès des structures de santé locales afin d'avoir une visibilité plus clarifiée sur les maladies présentes au Sénégal

travaux qui se sont intéressés à l'utilisation des CBR dans la mise en place de systèmes d'aide au diagnostic médical sont ceux de [7]. Ils définissent un cas comme un ensemble regroupant la description des symptômes qui ont mené à un diagnostic précis, et la description du diagnostic lui-même. Les cas dans un CBR sont représentés avec les mêmes typologies que celles de la représentation des connaissances dans le domaine de l'intelligence artificielle. Mais le plus souvent les cas sont représentés soit sous format textuel soit ils sont structurés avec des formalismes connus tels que des vecteurs, des arbres de décisions, ou alors des arbres hiérarchiques. Dans cet article, nous ne considérons aucun de ces formalismes, les cas sont représentés sous forme linéaire sans aucun liens entre les différents cas.

La co-habitation de l'ontologie et de la base de cas, dans la base de connaissances, ne pose pas fondamentalement un problème d'autant que chacun des deux composants joue un rôle bien précis et peut exister indépendamment de l'autre. Toutefois, les travaux de [8] nous montrent que l'ontologie peut être apposée sur les cas afin de contrôler et justifier la sémantique de la terminologie médical utilisée dans le corps de ces derniers. Ils nous montrent aussi la possibilité d'utiliser l'ontologie pour le calcul de similarité sémantique entre les cas existants et les nouveaux symptômes qui arrivent via une interrogation par notre moteur.

4. Construction du questionnaire

La notion de questionnaire que nous considérons ici répertorie de façon organisée et structurée toutes les informations nominatives et non nominatives du patient obtenues à l'issu de la consultation. Il s'agit d'un ensemble d'informations qui peuvent s'assimiler au dossier patient mais nous considérons ici que celui-ci décrit plutôt un état de santé antérieur du patient ou alors l'historique de son suivi médical. Par conséquent, en plus de ce dossier, l'idée est d'enregistrer les informations dites nominatives du patient (nom, prénom, age, etc.) une nouvelle fois, et celles dites non nominatives notamment son avis personnel sur son état de santé (pourquoi est-il venu se faire consulter ?), les examens d'usages qui sont habituellement effectués par le médecin ainsi que les analyses éventuellement effectuées sur la demande du médecin, et enfin le dialogue initié par le médecin afin de réunir toutes les informations nécessaires à l'établissement d'un diagnostic médical correct.

Le terme questionnaire décrit ici les interrogations du médecin qui lui permettent de poser les hypothèses pouvant le mener à un bon diagnostic. Ce pour dire qu'ici le questionnaire ne décrit pas forcément une liste de questions qu'un médecin poserait à son patient pour comprendre son cas (la consultation n'est pas une interrogatoire). Notre questionnaire renvoie plutôt à un dossier médical personnel (DMP) comme décrit dans les travaux de [10]. Ces derniers démontrent que les différents types d'informations considérés par un médecin pour le diagnostic médical varie d'un patient à un autre et suivant les cas certaines informations peuvent s'avérer plus importantes que d'autres. Il est donc nécessaire d'organiser et structurer ces informations afin faciliter leur lecture et leur exploitation par le médecin pour les besoins d'un diagnostic.

Notre questionnaire repose alors sur la même structure que celle du DMP avec ses huit parties qui permettent de recueillir de façon structurée les informations du patient. Toutefois, certaines de ces informations sont initialement structurées et ne sont pas difficiles à exploiter pour le médecin. Il s'agit entre autre des informations nominatives, et une partie des informations non nominatives notamment les examens et analyses médicaux, ainsi

que le dossier patient. L'avis du patient, par contre, est plus difficile à prendre en compte, car il arrive qu'il soit bruité par le patient lui-même surtout lorsque celui-ci pose ses propres hypothèses en cherchant à comprendre ce qui lui arrive. Il en est de même pour les informations prévues pour la partie "<Espace personnel"> du DMP qui contient tous les documents que le patient considère comme importants et des informations supplémentaires pour son médecin (texte libre, images médicales, rapports de santé professionnels, etc.). C'est alors au médecin de les exploiter et d'en tirer les informations pertinentes pour les besoins de la consultation et du diagnostic. Ainsi, le but est d'annoter ces documents au regard de l'ontologie médicale utilisée afin d'aider le médecin à exploiter plus facilement les informations qu'ils contiennent.

5. Représentation des données et Fonctionnalités du moteur

Au regard de l'architecture du processus d'aide au diagnostic présenté dans la *section 2*, nous manipulons ici deux niveaux de données correspondant aux informations du questionnaire, et à la base de connaissances. Le terme niveau permet d'expliquer que les données sont construites dans le sens du processus. En effet, une fois le questionnaire recueilli, seule une partie de son contenu est à prendre en compte dans une requête à exécuter dans le moteur. Il s'agit notamment des informations non nominatives du patient, les seules qui peuvent être appliquées à la base de connaissances. En plus, une fois qu'une requête résulte sur un diagnostic correct et réussi, elle donne naissance à un nouveau cas pour lequel elle est la prémisse et le diagnostic trouvé en constitue la description. Il est alors important de rattacher un tel cas au patient initial.

Dans cette optique, nous proposons d'utiliser des modèles de données similaires à ceux proposés dans [12]. L'idée est d'avoir une structure d'index qui permet de mettre en lien un modèle de document représentatif de notre questionnaire et un modèle sémantique représentatif de notre base de connaissances, à travers un modèle de liens. Dans notre cas, le premier modèle se définit avec les ensembles **<*T*, *P*, *V*, *Q*>** où ***T*** renvoie à l'ensemble des huit parties du questionnaire[3], ***P*** correspond à l'ensemble des propriétés ou éléments constitutifs à associer à chacune de ces parties, ***V*** correspond à l'ensemble des valeurs de chacune des propriétés de ***P***, et ***Q*** correspond à l'ensemble des questionnaires.

Le modèle sémantique quant à lui est composé des ensembles ***O***, correspondant à l'ontologie et ***C*** correspondant à la base de cas. L'ensemble ***O*** est constitué des trois sous ensembles **<*Cc*, *Ins*, *Pr*>** qui représentent respectivement les concepts, les instances et les propriétés de concepts de l'ontologie.

Et enfin, le modèle de liens décrit trois types de liens ***Lqint***, ***Lqext*** et ***Lc***. Le premier décrit les couples (***Vi***, ***Oj***) qui permettent d'annoter les informations non nominatives ***Vi*** du patient présentes dans le questionnaire au regard des éléments ***Oj*** de l'ontologie médicale. Le second décrit les couples (***Qi***, ***Cj***) qui permettent d'annoter les occurrences de questionnaires au regard de leurs diagnostics résultants à partir de la base cas. Le troisième quant à lui décrit les couples (***Ci***, ***Oj***) qui permettent d'annoter aussi les cas enregistrer au regard de l'ontologie.

3. 1) Données médicales générales et synthétiques, 2) documents contenant les prescriptions médicales, 3) comptes-rendus des consultations médicales et des hospitalisations, 4) radiographies, IRM, scanners, 5) résultats d'analyses médicales , 6) Informations liées à la prévention, 7) Certificats, 8) Espace personnel (avis du patient)

La représentation formelle de cette structure de données repose sur des standards de représentation de connaissances W3C du Web sémantique définis autour de RDF. En effet, la structure d'ensemble est stockée dans un graphe RDF et intégrée à notre moteur de recherche. Ce dernier est combiné à un moteur de raisonnement sémantique comme CORESE[4] qui permet de parcourir et d'inférer dans un graphe RDF à partir du langage de requête SPARQL. Le modèle de document est implémenté sous forme de triplets RDF, notamment l'ensemble $\boldsymbol{V}$, les autres ensembles qui définissent des objets descriptifs sont représentés en RDFS. L'ontologie est décrite avec le formalisme OWL et la bases de cas, linéaire pour le moment, est représentée en RDF aussi, de même que l'ensemble des liens d'annotations.

Le moteur sémantique propose fondamentalement deux fonctionnalités. Sa première fonction est la possibilité qu'il offre à un médecin de lancer manuellement des requêtes représentatives de symptômes afin de retrouver de potentiels diagnostics. Le but, une fois le questionnaire recueilli, est de permettre au médecin de considérer la terminologie médicale présente dans un questionnaire donné et de construire ses requêtes à partir de celle-ci. Cette fonction est actuellement en cours de développement, contrairement à la deuxième qui est rendue possible par la représentation formelle de la structure de données dans un graphe RDF. En effet, comme décrit dans [12], l'exploitation de ce graphe offre différentes possibilités de navigation dans les données à partir du modèle de liens. Il s'agit de la navigation :

– à l'intérieur du modèle de document, par exemple pour retrouver toutes les consultations dont un patient donné a fait l'objet.

– à l'intérieur de la base de connaissances, soit pour utiliser l'ontologie comme un dictionnaire à l'instar des fonctionnalités de recherche proposées par les plateformes de recherche bio-médicale tels que MedLine ou PubMed[5], soit pour explorer la base de cas, ou soit pour effectuer des projections de l'ontologie sur la base de cas (ou vice versa) afin de retrouver les annotations ontologiques apposées sur un cas. Et vice versa, afin de retrouver l'ensemble des cas sur lesquels figurent, dans leur prémisse ou dans leur description, une maladie donnée présente dans l'ontologie).

– à l'intérieur du modèle de liens afin d'effectuer des fouilles croisées qui permettent plus pertinemment de reconstituer le dossier de suivi d'un patient en considérant toutes ses consultations (questionnaires) et les diagnostics dont il a fait objet.

6. Conclusion

Dans cet article, nous présentons l'architecture de notre moteur de recherche sémantique pour l'aide au diagnostic médical. Il est à noter que ce travail vient tout juste de démarrer sous forme de projet de recherche. Et à cette étape du travail cet article donnera sans doute un goût d'inachever mais globalement il décrit nos choix de modèles et de supports techniques pour la réalisation d'un tel système à partir d'une étude de l'existant.

Nous avons alors décrit les différentes étapes du processus d'aide attendu ainsi que les différents composants du moteur. Il a été question d'une part de montrer comment nous comptons prendre en charge la construction du questionnaire et de la base de connaissances à travers des formalismes du Web sémantique. Et d'autre part, cet article permet

4. http ://www-sop.inria.fr/edelweiss/software/corese/
5. http ://www.nlm.nih.gov, http ://www.ncbi.nlm.nih.gov/

de voir qu'en plus des possibilités de navigation offertes par notre structure de données, la recherche manuelle de diagnostics par un médecin à partir d'un questionnaire à l'issu d'une consultation devra être sérieusement gérée. Dans des travaux futurs, il sera alors question d'implémentation du moteur, et de sa structure de données, et de le mettre à disposition des acteurs du domaine santé au Sénégal afin de réaliser avec eux les tests adéquats à l'adaptation de l'outil aux besoins locaux d'aide au diagnostic.

7. Bibliographie

[1] CHARLET, JEAN AND DECLERCK, GUNNAR AND DHOMBRES, FERDINAND AND GAYET, PIERRE AND MIROUX, PATRICK AND VANDENBUSSCHE, PIERRE-YVES, *Construire une ontologie médicale pour la recherche d'information : problématiques terminologiques et de modélisation*, In Actes des 23es journées francophones d'Ingénierie des connaissances, Paris, France, 2012.

[2] ANBARASI M.S., NAVEEN P.,SELVAGANAPATHI S.,MOHAMED NOWSATH ALI I., *Ontology Based Medical Diagnosis Decision Support System*, In International Journal of Engineering Research and Technology (IJERT), 2013.

[3] OLIVIER BODENREIDER, *The Unified Medical Language System (UMLS) : integrating biomedical terminology*, In Nucleic Acids Research, 2004, Vol. 32.

[4] ROBERT HOEHNDORF, MICHEL DUMONTIER AND GEORGIOS V.GKOUTOS, *Evaluation of research in biomedical ontologies*, In BIOINFORMATICS. VOL 14. NO 6. 696-712, 2012.

[5] RONALD CORNET AND NICOLETTE DE KEIZER, *Forty years of SNOMED : a literature review*, In First European Conference on SNOMED CT, 1-3 October 2006, Copenhagen, Denmark.

[6] BRIGITTE BARTSCH-SPORL AND MARIO LENZ AND ANDRÉ HUBNER, *Case-Based Reasoning - Survey and Future Directions*, In Proc. of the 5th German Biennial Conference on Knowledge-Based Systems, 1999.

[7] KLAUS-DIETER ALTHOFF AND AL., *Case-Based Reasoning for Medical Decision Support Tasks : The INRECA Approach*, In Artificial Intelligence in Medicine Journal, Vol. 12, No. 1, Jan. 1998, 25-41.

[8] AGNAR AAMODT, ENRIC PLAZA, *Case-based reasoning : foundational issues, methodological variations, and system approaches*, In Journal AI Communications archive, Volume 7 Issue 1, March 1994, Pages 39-59.

[9] SANDRA BRINGAY, CATHERINE BARRY, JEAN CHARLET, *Les documents et les annotations du dossier patient hospitalier*, In Information-Interaction-Intelligence, Volume 4, n°1, 2005.

[10] BRUT, MIHAELA AND AL KUKHUN, DANA AND PÉNINOU, ANDRÉ AND CANUT, MARIE-FRANÇOISE AND SÈDES, FLORENCE, *Structuration et Accès au Dossier Médical Personnel : approche par ontologies et politiques d'accès XACML*, In Symposium sur l'Ingénierie de l'Information Médicale, Toulouse, 2011.

[11] JOSÉ A., REYES-ORTIZ, ANA L. JIMENEZ, JAIME CATER, CESAR A. MALENDÉS, *Ontology-based Knowledge Representation for Supporting Medical Decisions*, Recherche in Computer Science, 2013.

[12] ABDOULAYE GUISSÉ, FRANÇOIS LÉVY, ADELINE NAZARENKO, *Un moteur sémantique pour explorer des textes réglementaires*, In Journées Ingénierie des connaissances, 2011.

Optimisation de la consommation d'énergie basée sur les modèles de détection dans les WSNs redondants

Ibrahima Diané[1], Rahim Kacimi[1], Zoubir Mammeri[1], Ibrahima Niang[2]
[1] IRIT-UPS, Université de Toulouse, France
{diane, kacimi, mammeri}@irit.fr
[2] LID-UCAD, Université de Dakar, Sénégal
iniang@ucad.sn

RÉSUMÉ. La redondance est une caractéristique inhérente des WSNs (Wireless Sensor Networks) qui doit être soigneusement examinée afin d'améliorer les aspects importants de leur fonctionnement. Presque tous les réseaux de capteurs sont déployés avec un certain degré de redondance et la redondance est utilisée seulement pour des objectifs de robustesse. Si elle n'est pas gérée d'une manière intelligente, la redondance se traduit par un gaspillage de l'énergie en raison des opérations de transmission et de réception redondants. Compte tenu de ce gaspillage d'énergie, une méthode de détection de redondance basée sur les modèles de détection est proposée. Nous proposons de prendre avantage de la redondance de mesure pour optimiser la consommation d'énergie et d'améliorer le délai de bout-en-bout. Nous proposons le protocole OER (Optimization of Energy based on Redundancy), afin d'améliorer la consommation d'énergie dans les réseaux de capteurs.

Les résultats des simulations montrent que notre approche permet de réduire considérablement la consommation d'énergie dans les réseaux de capteurs et augmente ainsi leur durée de vie. Il diminue aussi le délai de bout en bout.

ABSTRACT. Redundancy is an inherent feature of WSNs (Wireless Sensor Networks) that has to be very carefully examined in order to improve important aspects of their functioning. Almost all WSNs are deployed with some redundancy degree and redundancy is used only for robustness objectives. If not handled in an intelligent way, redundancy results in energy wasting because of redundant transmission and reception operations. In view of this energy wasting, a redundancy detection method under sensing models is proposed. We propose to take benefit from measurement redundancy to optimize the energy consumption and improve the end-to-end delay. We propose OER (Optimization of Energy based on Redundancy) protocol, to improve energy consumption in WSNs.

The simulation results show that our approach reduces greatly the energy consumption in WSNs and thus increases their lifetime. It also improves the end to end delay.

MOTS-CLÉS : WSN, redondance de mesures, proximité géographique, modèles de détection.

KEYWORDS: WSN, measurement redundancy, geographical proximity, sensing models.

1. Introduction

Un réseau de capteurs se définit comme un ensemble de capteurs connectés entre eux, chaque capteur étant muni d'un émetteur-récepteur. Les réseaux de capteurs forment une nouvelle génération de réseaux aux propriétés spécifiques, qui n'entrent pas dans le cadre des architectures classiques. La miniaturisation des capteurs pose des problèmes de communication et de ressources d'énergie. Il faut que le capteur soit suffisamment intelligent pour collecter ou recevoir l'information et l'émettre à faible consommation d'énergie avec un délai raisonnable. Le déploiement d'un réseau de capteurs pose donc des problèmes de gestion de l'alimentation et de délai de bout en bout. Malgré l'introduction du clustering, les réseaux de capteurs sont toujours confrontés à des problèmes de consommation d'énergie et de délai. La plupart des travaux [2, 3, 5, 6, 8, 9, 11, 12, 13, 16] propose des améliorations en ce qui concerne la consommation d'énergie. Cependant, ils ne prennent pas en compte la redondance de mesures. Ces travaux utilisent généralement l'agrégation de données et augmentent le délai.

La structuration d'un réseau de capteurs est un des outils principaux pour sauvegarder l'énergie dans chaque nœud du réseau, ce qui permet de prolonger la vie du système. Une des structures les plus connues est la hiérarchie. La technique de hiérarchisation sert à partitionner le réseau en sous ensembles afin de faciliter sa gestion.

Dans cet article, nous proposons une technique de regroupement de nœuds redondants dans les réseaux de capteurs. L'idée générale de notre approche est de déterminer et de regrouper les nœuds redondants de telle sorte qu'un seul nœud représentant par groupe détecte un éventuel événement et envoie sa donnée. Cet article préconise l'utilisation de la proximité géographique et du modèle de détection probabiliste pour l'amélioration de l'économie d'énergie.

Le reste de cet article est organisé comme suit. La section 2 présente les techniques de conservation d'énergie dans les réseaux de capteurs. La section 3 présente notre approche de regroupement par proximité géographique. Une validation expérimentale est proposée dans la section 4. Enfin, une conclusion est formulée dans la section 5.

2. État de l'art

Dans [6], Heinzelman et al. ont proposé un algorithme de clustering distribué appelé LEACH pour les réseaux de capteurs homogènes. LEACH choisit aléatoirement les nœuds CHs (Cluster Heads) et attribue ce rôle aux différents nœuds selon la politique de gestion Round-Robin pour garantir une dissipation équitable d'énergie entre les nœuds. LEACH ne convient pas aux réseaux déployés dans de vastes régions. En outre, dans LEACH, l'agrégation des données est centralisée et est exécutée périodiquement par le CH. Cette agrégation augmente également le délai de bout en bout.

Une variante de LEACH appelée LEACH-C [4, 5] a été conçue pour améliorer les performances de LEACH. Cette variante utilise une architecture centralisée pour choisir les CHs tout en impliquant la station de base et l'information de localisation des capteurs. Plusieurs travaux présentés dans la littérature [14] ont prouvé qu'une telle architecture centralisée ne supporte pas le passage à l'échelle, étant plus particulièrement appropriée à des réseaux de petite taille.

Dans [11], Lindsey et Raghavendra ont proposé une version améliorée de LEACH appelée PEGASIS. L'idée principale de PEGASIS est de former une chaîne entre les nœuds de sorte que chaque nœud reçoive de (et communique à) un voisin proche. Les données collectées sont transmises d'un nœud à un autre qui les agrège jusqu'à ce qu'elles arrivent à un nœud particulier qui les transmet à la station de base. Cependant, l'agrégation des données au niveau de tous les nœuds relais, cause une augmentation considérable du délai de bout en bout.

Manjeshwar et Agrawal [12] ont proposé une technique de clustering appelée TEEN pour les applications critiques où le changement de certains paramètres peut être brusque. Cependant, l'inconvénient principal de ce protocole est que certains nœuds ne communiqueront jamais, et aucune donnée ne sera transmise à l'utilisateur, ainsi la station de base ne connaît pas les nœuds qui ont épuisé leur énergie. TEEN ne convient pas aux applications qui nécessitent des envois périodiques de données.

Pour remédier aux limitations du protocole TEEN, les auteurs ont proposé une extension de TEEN appelée APTEEN [13]. APTEEN est un protocole hybride qui change la périodicité et les valeurs seuils utilisées dans TEEN selon les besoins de l'utilisateur et le type d'application. Cependant, APTEEN nécessite une complexité supplémentaire pour implémenter les fonctions de seuils et de périodes de temps. Ainsi, le surcoût et la complexité associés à la formation des clusters à plusieurs niveaux par TEEN et APTEEN sont assez élevés.

Nous avons proposé MR-LEACH [18], qui est une extension du protocole LEACH. MR-LEACH combine la proximité géographique des nœuds et leurs lectures redondantes afin de réduire le nombre de transmissions intra-clusters. Toutefois, MR-LEACH utilise de l'espace mémoire pour collecter des données à analyser.

3. Redondance dans les réseaux de capteurs sans fil

3.1. Problématique

La plupart des travaux [2, 3, 5, 6, 8, 9, 11, 12, 13, 16] propose des améliorations en ce qui concerne la consommation d'énergie sans prendre en compte la redondance de mesure qui est également une source de consommation inutile d'énergie. Les réseaux de capteurs sont caractérisés par un nombre important de nœuds. Plusieurs nœuds peuvent donc détecter un même événement et donc reporter la même valeur de mesure. La problématique est donc ici la prise en compte de la redondance de mesure dans les réseaux de capteurs pour une meilleure amélioration de la consommation d'énergie. Nous proposons le protocole OER (Optimization of Energy based on Redundancy).

3.2. Technique de regroupement par proximité géographique

Les architectures en clusters sont largement utilisées dans les WSNs pour leurs capacités de passage à l'échelle. Cette structuration doit permettre une utilisation plus efficace des ressources rares du réseau telles que l'énergie et la bande passante. OER utilise une technique de regroupement par proximité géographique. Il permet de regrouper les nœuds qui, en fonction de leur position géographique, captent les mêmes événements.

3.2.1. Hypothèses

Pour mieux mettre en évidence cette technique, nous avons pris comme modèle pour notre cas d'étude, un réseau de capteurs dense. Dans les réseaux de ce type, l'envoi de toutes les données captées crée une redondance. Notre technique se base donc sur les hypothèses suivantes :

- Le déploiement d'un réseau de capteurs avec un nombre élevé de nœuds.
- Aucune information sur une éventuelle redondance n'est fournie explicitement.
- Les nœuds captent les événements physiques dont les mesures sont envoyées à la station de base.

3.2.2. Principe de notre approche

Notre approche comporte deux étapes principales : Dans la première étape, nous déterminons et regroupons les nœuds redondants, tandis que dans la seconde étape, nous déterminons si le partitionnement obtenu est meilleur pour minimiser une fonction objectif. Le processus est répété jusqu'à ce qu'un partitionnement optimal soit trouvé.

- Dès que les nœuds capteurs sont déployés sur le réseau, leur probabilité de détection d'événement est utilisée pour former les groupes de nœuds redondants. La valeur de la fonction objectif est ensuite déterminée.
- Après la formation des groupes redondants, en utilisant la valeur de la fonction objectif, nous déterminons si la nouveau partitionnement est le meilleur. Nous désignons donc une fonction qui sert de critère pour déterminer la meilleure solution à notre problème de partitionnement. Plus précisément, on associe une valeur à chaque instance de notre solution. Le but de notre problème d'optimisation est alors de minimiser cette fonction en utilisant une recherche tabou. Dans ce qui suit, nous donnons notre fonction objectif.

Après avoir identifié une solution optimale, un seul nœud représentant par groupe enverra ses données à la fois et les autres nœuds arrêtent leurs transmissions. A la fin de la phase d'initialisation, OER entre dans la phase de détection et de transmission. Dans cette phase, un seul nœud est actif à la fois dans un même groupe redondant. Les nœuds représentant détectent les événements, et envoient leurs données à la station de base.

Il y a essentiellement deux modèles de capture, c.-à-d., le modèle de capture déterministe et le modèle de capture probabiliste. Dans le modèle capture déterministe, la probabilité qu'un capteur détecte un événement sur une distance x est

$$p_{det}(x) = \begin{cases} 1, & \text{si } x \leq R \\ 0, & \text{sinon} \end{cases} \quad (1), \qquad \text{où, } R \text{ définit le rayon de détection}$$

Selon le modèle de détection probabiliste d'Elfes [19], la probabilité qu'un capteur détecte un événement sur une distance x est

$$p_{det}(x) = \begin{cases} 1, & \text{si } x \leq R \\ e^{-\lambda(x-R)^{\beta}}, & \text{si } R < x \leq R_{max} \\ 0, & \text{sinon} \end{cases} \quad (2),$$

où, R définit le rayon d'incertitude de détection du capteur et les paramètres λ et β sont ajustés selon les propriétés physiques du capteur. R_{max} est le rayon de capture maximal du nœud capteur. Dans les deux modèles de détection, $P_{det}(x) = 1$ si $x \leq R$. Donc, il existe une redondance certaine entre des nœuds d'une même région d'événements si le nœud le plus éloigné à un événement donné est à une distance R de celui-ci.

Pour partitionner le réseau, nous regroupons les nœuds redondants selon les nœuds sélectionnés comme centres des régions d'événements. Pour cela, nous partons d'un nœud sélectionné au hasard qui nous sert de centre d'une première région d'événements. Nous regroupons les nœuds redondants de cette région. Par la suite, nous déplaçons le centre à un autre nœud pour former le prochain groupe redondant. Ce processus est répété jusqu'à ce que chaque nœud soit membre d'un groupe. Pour qu'il y ait donc une proximité géographique et une redondance entre un ensemble de nœuds, il est nécessaire que :

$$d_2(N_i, C_c) \leq R - R_{ev} \quad (3)$$

et donc,

$$d_2(N_i, N_j) \leq 2(R - R_{ev}) \quad (4)$$

Où, C_c définit le centre de la région d'événements courante, R_{ev} définit le rayon des régions d'événements et le i^{ème} nœud est représenté par $N_i = (x_i, y_i)$. $d_2(N_i, N_j)$ représente la distance euclidienne entre les nœuds N_i et N_j.

Selon le modèle de capture probabiliste, nous considérons une probabilité seuil (P_t) pour déterminer les nœuds redondants. L'équation (2) peut être écrite, pour $R < x \leq R_{max}$ et $\beta = 1$, comme

$$p_{det}(x) = e^{-\lambda(x-R)} \quad (5)$$

En considérant la probabilité seuil (P_t), nous avons :

$$P_t = e^{-\lambda(D_{max}-R)} \quad (6)$$

et donc

$$D_{max} = R - \frac{ln(P_t)}{\lambda} \quad (7)$$

Où, P_t définit la probabilité qu' 'un capteur détecte un événement à une distance D_{max}. Pour qu'il existe une redondance entre un ensemble de nœuds avec une probabilité de P_t, il est nécessaire que :

$$d_2(N_i, N_j) \leq 2(D_{max} - R_{ev}) \quad (8)$$

$$d_2(N_i, N_j) \leq 2(R - (\frac{ln(P_t)}{\lambda} + R_{ev})) \quad (9)$$

Pour former un groupe redondant, nous considérons d'abord un nœud non visité (tirage aléatoire sans remise). Ensuite, nous déterminons tous les nœuds redondants de la région d'événements dont le centre est le nœud précédemment sélectionné. Un groupe redondant est ainsi formé. Enfin, tous les nœuds du groupe formé sont marqués comme visités comme détaillé dans l'algorithme 1. Pour un partitionnement complet, ce processus est répété jusqu'à ce que tous les nœuds soient marqués comme visités. Pour l'équilibrage de charge, un nœud pouvant appartenir à plusieurs partitions, est placé dans la partition qui compte moins de nœuds.

Fonction objectif : Nous désignons une fonction qui sert de critère pour déterminer la meilleure solution à notre problème de partitionnement. Plus précisément, on associe une valeur à chaque instance de notre problème. Le but de notre problème d'optimisation est alors de minimiser cette fonction, qui est la consommation d'énergie.

Soit un réseau de N capteurs déployés. L'algorithme 1 vise à regrouper les nœuds redondants et donc créer des partitions de nœuds. Il s'agit d'un algorithme recevant en entrée l'ensemble de nœuds et fournissant en sortie k partitions. Nous considérons un partitionnement P de k partitions, $P = \{p_1, p_2, ..., p_k\}$ ($k \leq N$). Dans ce contexte, une transmission de paquet est faite par un nœud de la partition 1 ou par un nœud de la partition 2 ou ... par un nœud de la partition k. La consommation moyenne d'énergie d'un nœud s'écrit par :

$$E(P) = (\frac{1}{k}\cdot\frac{1}{|p_1|} + \frac{1}{k}\cdot\frac{1}{|p_2|} + \cdots + \frac{1}{k}\cdot\frac{1}{|p_{k-1}|} + \frac{1}{k}\cdot\frac{1}{|p_k|})e_{t_x} \quad (10)$$

C'est-à-dire

$$E(P) = \frac{1}{k}\sum_{i=1}^{k}\frac{1}{|p_i|}e_{t_x} \quad (11)$$

k : nombre de partitions, $|p_i|$: cardinal de la partition i, e_{tx} : énergie consommée par la transmission d'un paquet et $E(P)$: énergie moyenne consommée par un nœud selon le partitionnement P.

La consommation moyenne d'énergie durant un round, avec le partitionnement P, s'écrit :

$$E_G(P) = \sum_{i=1}^{k}\frac{1}{|p_i|}e_{t_x} \quad (12)$$

Après avoir désigné notre fonction objectif, nous faisons une recherche tabou. Cette recherche nous permet de trouver une solution optimale (un partitionnement avec la plus faible consommation d'énergie possible) comme indiqué dans l'algorithme 2. Après avoir trouvé un partitionnement optimal, la station de base demande à des nœuds capteurs de s'endormir pour la prochaine tranche de temps de sorte qu'un seul nœud est actif à la fois dans chaque partition.

Algorithm 1 Partitioning procedure

Require: $SetofNodes, Dist$
Ensure: $reGroup[][], NumberofGroup$
  $NumberofGroups \leftarrow 0$;
  $reGroup[][] \leftarrow \emptyset$;
  {the set of nodes is not classified}
  for $(i \leftarrow 1; i \leq SetofNodes.size; i{+}{+})$ **do**
    $Node \leftarrow SetofNodes.get()$;
    if (Node is not visited) **then**
      mark Node as visited;
      $CardGroup \leftarrow 0$;
      for $(j \leftarrow 0; j < SetofNodes.size; j{+}{+})$ **do**
        if $(d_2(Node_j, Node) \leq Dist + \epsilon$ **and** (Node is not visited)) **then**
          $Group[i][CardGroup] \leftarrow idNode_j$;
          $CardGroup \leftarrow j + 1$;
        end if
        compt[i]$\leftarrow CardGroup$;
      end for
      $NumberofGroups \leftarrow NumberofGroups + 1$;
    end if
  end for
  {groups calculation}
  for $(i \leftarrow 0; i < SetofNodes.size; i{+}{+})$ **do**
    $weight \leftarrow 0$;
    for $(j \leftarrow 0; j < NumberofGroups; j{+}{+})$ **do**
      for $(z \leftarrow 0; z < compt[j]; z{+}{+})$ **do**
        if $(idNode_i = Group[j][z]$ **and** compt[j]$< weight)$ **then**
          D$\leftarrow j$;
          $weight \leftarrow compt[j]$;
        end if
      end for
    end for
    $reGroup[D][i] \leftarrow idNode_i$;
  end for
  Return $reGroup[][], NumberofGroup$

Algorithm 2 Optimization using tabu search

  s^* represents the best solution obtained so far;
  k is the number of iterations since the last improvement of s^*;
  T is the tabu list;
  N_s is the neighborhood of the solution s;
  $f(x)$ is the objective function;
Ensure: s^*
  Choose an initial solution s;
  $s^* \leftarrow s$;
  $k \leftarrow 0$;
  $T \leftarrow \emptyset$;
  while (Stop criterion is not verified) **do**
    if $(N_s - T \neq \emptyset)$ **then**
      $k \leftarrow k + 1$;
      Search $s' \in (N_s - T)$ *such as* $s' = min_{x \in N_s - T} f(x)$;
      $s' \leftarrow Partitioning(SetofNodes, Dist)$;
      Update the list T;
      if $(f(s) > f(s'))$ **then**
        $s^* \leftarrow s$;
        $k \leftarrow 0$;
      end if
      $s \leftarrow s'$;
    end if
  end while
  Return s^*

4. Évaluation de Performance

Nous avons développé notre solution dans le simulateur réseau NS2 qui offre une possibilité d'intégrer de nouveaux protocoles. Nous avons intégré l'implémentation de notre technique de regroupement par proximité géographique.

4.1. Paramètres de Simulation

Les réseaux simulés sont de taille 250*250 m^2. Le nombre maximal de nœuds est 1000. Les coordonnées de la station de base sont (135, 155). Les nœuds connaissent leur position et peuvent la communiquer à la station de base.

Table I : Paramètres de simulation

Simulation area	$250 * 250\ m^2$
number of nodes	[100, 1000]
Packet length	55 bytes
Initial node energy	2 j
Transmission bit rate	$250\ kbs^{-1}$
Transmit power	24.75 mW
Receive power	13.5 mW
Idle power	6.5 mW
Sleep power	15 μW
Maximum sensing range R_{max}	50 m
Starting of uncertainty in sensor detection R	30 m
Radius of event region R_{ev}	25 m

4.2. Métriques de performance

Les métriques de performance dans notre étude sont les suivantes :

a) Consommation d'énergie : Pour évaluer la consommation d'énergie, nous avons récupéré les niveaux énergie au démarrage et les niveaux d'énergie courants des nœuds capteurs à partir des fichiers traces générés par les simulations.

b) Délai de bout en bout : Pour évaluer le délai de bout en bout, nous avons récupéré les temps des émissions et des réceptions de paquets à partir des fichiers traces générés.

c) La durée de vie : Pour évaluer la durée de vie du réseau, nous avons récupéré à partir des fichiers traces générés par les simulations, le temps après lequel le niveau d'énergie de chaque nœud est nul. Les niveaux d'énergie sont récupérés après chaque round.

Les résultats obtenus pour ces métriques sont présentés dans les figures 1, 2 et 3.

4.3. Comparaison

La Figure 1 montre la consommation d'énergie par rapport au nombre de nœuds du réseau. Dans cette figure, nous remarquons que la consommation d'énergie diminue si le nombre de nœuds augmente. En effet, plus la densité du réseau augmente, plus la redondance de mesure augmente et moins les nœuds transmettent des données. Avec une forte densité, la taille des partitions augmente. Ainsi, le nombre de communications par nœud diminue dans le temps. La figure 1 montre également un écart entre le modèle de capture déterministe et le modèle de capture probabiliste. La consommation d'énergie diminue considérablement avec la probabilité de détection car la distance maximale entre les nœuds redondants augmente.

Comme l'illustre la Figure 2, nous remarquons que la durée de vie du réseau augmente considérablement avec l'utilisation du modèle de capture probabiliste par rapport au modèle déterministe. Si la probabilité seuil P_t diminue, le nombre de nœuds par groupe augmente ce qui entraine une faible consommation d'énergie.

Nous remarquons dans la Figure 3 que le délai de bout en bout augmente avec la densité du réseau. Cependant, cette augmentation devient stationnaire car à partir d'une certaine densité le nombre de groupes redondants ne change plus. La Figure 3 montre également que le délai diminue avec la probabilité seuil P_t.

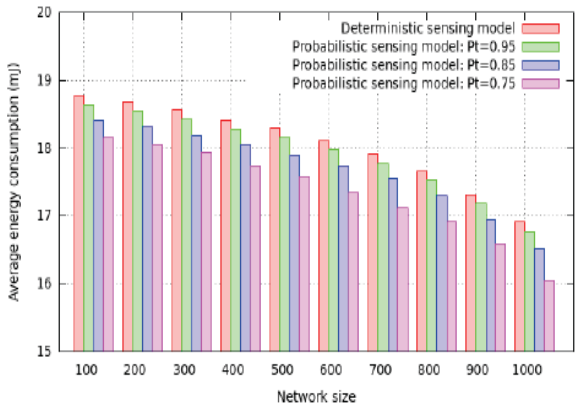


Figure 1. *Consommation moyenne d'énergie de chaque nœud durant un round*

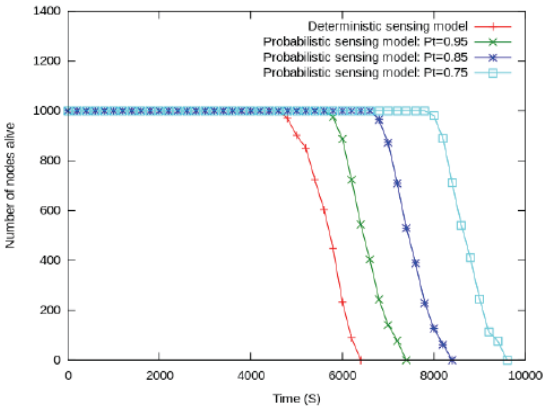


Figure 2. *Durée de vie moyenne du réseau*

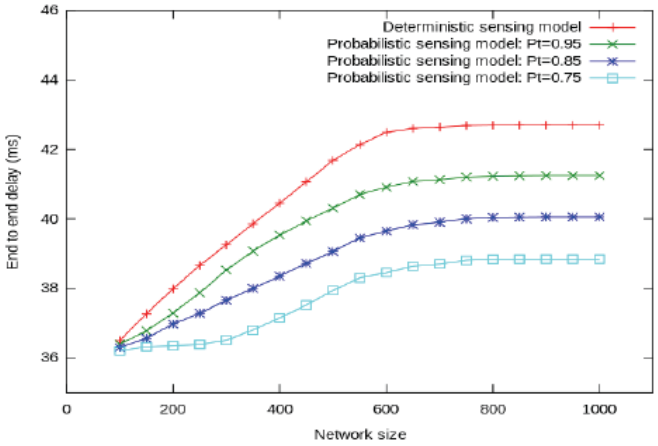


Figure 3. *Délai de bout en bout*

5. Conclusion

Les réseaux de capteurs sans fil qui peuvent être denses dans une zone géographique, trouvent des applications dans de nombres domaines. Il est nécessaire de mettre en place des approches pour une meilleure gestion de la consommation d'énergie dans ces réseaux. Nous proposons le protocole OER (Optimization of Energy based on Redundancy), afin d'améliorer la consommation d'énergie dans les réseaux de capteurs. Ce protocole introduit la notion de proximité géographique pour prendre en compte la redondance. Cette technique améliore considérablement la consommation d'énergie et garantit un meilleur délai de bout en bout. Par conséquent, cette amélioration de la consommation d'énergie augmente la durée de vie du réseau. Les résultats des simulations montrent que notre approche permet de réduire considérablement la consommation d'énergie dans les réseaux de capteurs et augmente ainsi leur durée de vie. Il diminue aussi le délai de bout en bout.

6. Bibliographie

[1] Jamal N. Al-Karaki, Raza Ul-Mustafa, and Ahmed E. Kamal. Data aggregation and routing in wireless sensor networks: Optimal and heuristic algorithms. *Computer Networks*, 53(7):945 – 960, 2009.

[2] J.N. Al-Karaki, R. Ul-Mustafa, and A.E. Kamal. Data aggregation in wireless sensor networks - exact and approximate algorithms. In *High Performance Switching and Routing, 2004. HPSR. 2004 Workshop on*, pages 241 – 245, 2004.

[3] Seema Bandyopadhyay and E.J. Coyle. An energy efficient hierarchical clustering algorithm for wireless sensor networks. In *INFOCOM 2003. Twenty-Second Annual Joint Conference of the IEEE Computer and Communications. IEEE Societies*, volume 3, pages 1713 – 1723 vol.3, march-3 april 2003.

[4] V. Geetha, PV Kallapur, and S. Tellajeera. Clustering in wireless sensor networks: Performance comparison of leach & leach-c protocols using ns2. *Procedia Technology*, 4:163–170, 2012.

[5] W.B. Heinzelman, A.P. Chandrakasan, and H. Balakrishnan. An application-specific protocol architecture for wireless microsensor networks. *Wireless Communications, IEEE Transactions on*, 1(4):660–670, October 2002.

[6] W.R. Heinzelman, A. Chandrakasan, and H. Balakrishnan. Energy-efficient communication protocol for wireless microsensor networks. In *System Sciences, 2000. Proceedings of the 33rd Annual Hawaii International Conference on*, page 10 pp. vol.2, jan. 2000.

[7] T.T. Huynh and C.S. Hong. An energy* delay efficient multihop routing scheme for wireless sensor networks. *IEICE transactions on information and systems*, 89(5):1654–1661, 2006.

[8] M. Lehsaini, H. Guyennet, and M. Feham. A novel clusterbased self-organization algorithm for wireless sensor networks. In *Collaborative Technologies and Systems, 2008. CTS 2008. International Symposium on*, pages 19 –26, may 2008.

[9] M. Lehsaini, H. Guyennet, and M. Feham. An efficient clusterbased self-organisation algorithm for wireless sensor networks. *International Journal of Sensor Networks*, volume 7:85–94, March. 2010.

[10] Stephanie Lindsey, C. S. Raghavendra, and Krishna M. Sivalingam. Data gathering in sensor networks using the energy delay metric. In *Proceedings of the 15th International Parallel & Distributed Processing Symposium*, IPDPS '01, pages 188–, Washington, DC, USA, 2001. IEEE Computer Society.

[11] S. Lindsey and C.S. Raghavendra. Pegasis: Power-efficient gathering in sensor information systems. In *Aerospace Conference Proceedings, 2002. IEEE*, volume 3, pages 1125 – 1130, 2002.

[12] A. Manjeshwar and D.P. Agrawal. Teen: a routing protocol for enhanced efficiency in wireless sensor networks. In *Parallel and Distributed Processing Symposium., Proceedings 15th International*, pages 2009 –2015, april 2001.

[13] A. Manjeshwar and D.P. Agrawal. Apteen: a hybrid protocol for efficient routing and comprehensive information retrieval in wireless sensor networks. In *Parallel and Distributed Processing Symposium., Proceedings International, IPDPS 2002,* pages 195 –202, 2002.

[14] M. Perillo and W. Heinzelman. Wireless sensor network protocols. *Algorithms and Protocols for Wireless and Mobile Networks, Eds. A. Boukerche et al., CRC Hall Publishers*, 2004.

[15] A. Savvides, C.C. Han, and M.B. Strivastava. Dynamic finegrained localization in ad-hoc networks of sensors. In *International Conference on Mobile Computing and Networking: Proceedings of the 7 th annual international conference on Mobile computing and networking*, volume 2001, pages 166–179, 2001.

[16] O. Younis and S. Fahmy. Heed: a hybrid, energy-efficient, distributed clustering approach for ad hoc sensor networks. *Mobile Computing, IEEE Transactions on*, 3(4):366 – 379, oct.- dec. 2004.

[17] Isabel Dietrich and Falko Dressler. On the lifetime of wireless sensor networks. *ACM Trans. Sen. Netw.*, 5(1):5:1–5:39, February 2009.

[18] Ibrahima Diané, Rahim Kacimi, Zoubir Mammeri, and Ibrahima Niang. Energy optimization based on the redundancy in wsns. In Wireless and Mobile Networking Conference (WMNC), 2013 6th Joint IFIP, pages 1–7. IEEE, 2013.

[19] Ashraf Hossain, PK Biswas, and S Chakrabarti. Sensing models and its impact on network coverage in wireless sensor network. In Industrial and Information Systems, 2008. ICIIS 2008. IEEE Region 10 and the Third international Conference on, pages 1–5. IEEE, 2008.

CARI'2014

Proposition d'une approche de détection d'intrusions dans les réseaux de capteurs compatibles uIP

Application sous Contiki.

Thomas DJOTIO NDIE* — NKENNE T. Guy Martial**

* Département du Génie Informatique de l'Ecole Nationale Supérieure Polytechnique
Université de Yaoundé 1
tndjotio@(lirima.org, ensp.uninet.cm)

** Département d'Informatique de la Faculté des Sciences
Université de Yaoundé 1
nkennetguy@gmail.com

RÉSUMÉ. La sécurité dans les réseaux de capteurs sans fil (RCSF) aujourd'hui reste une problématique préoccupante. Nous nous intéressons aux systèmes de détection d'intrusions (IDS) dans ce type de réseaux. Nous proposons uIDS, un IDS à spécification de signatures pour les RCSFs basés sur IP. La démarche est inspirée du principe de Snort, un standard open source de fait dans les réseaux classiques (LAN,MAN, WAN). La méthode consiste à analyser les communications au niveau des nœuds du réseau à la recherche des signatures d'intrusions connues. Un prototype(SenSnort v0.1) est implémenté sous Contiki. Le test a été effectué sur des capteurs exécutant des exemples modifiés d'applications populaires de Contiki. Une illustration est faite ici sur le cas de udp_ipv6.

ABSTRACT. Security in wireless sensor networks (WSN) remains an issue of concern nowadays. We are interested in the intrusions management into such networks, particularly in intrusion detection systems (IDS). In this paper, we propose uIDS, a signature-based IDS for IP(internet Protocol)-based WSNs. The approach is based on the principle of Snort, today an open source standard in conventional networks (LAN, MAN, WAN). The method analyzes the communications at the nodes of the network in search of signatures of known intrusions. A prototype (SenSnort v0.1) is implemented in Contiki. Specifically, the test was performed on sensors running modified examples of popular Contiki applications. An illustration case is done here based on udp_ipv6.

MOTS-CLÉS : Détection d'intrusions, Sécurité, Contiki, RCSF, uIP, uIDS, Snort, SenSnort.

KEYWORDS : Intrusions detection, Security, Contiki, WSN, uIP, uIDS, Snort, SenSnort.

1. Introduction

Les réseaux sans fil constituent l'une des plus remarquables avancées technologiques des dernières décennies. Ils sont appréciés du fait de leur flexibilité et de la mobilité qu'ils offrent pour des petites ou grandes zones géographiques. Les réseaux de capteurs sont des exemples de mise en œuvre de réseaux sans fil. Les capteurs sont des équipements de petites tailles aux ressources matérielles limitées (capacité mémoire et de stockage, puissance de calcul, ...). Ils sont conçus pour la collecte des grandeurs environnementales. Il existe de nombreuses applications potentielles des réseaux de capteurs dans divers domaines [9]. Généralement, ils sont déployés en environnement hostile (un champ de bataille par exemple) [13] et ont des missions critiques. La prise en compte des problèmes de sécurité dans ce type de réseaux est d'une importance capitale ; la gestion des intrusions en est un aspect fondamental qui mobilise beaucoup de chercheurs qui proposent des solutions aussi pertinentes les unes que les autres. Les IDS génèrent des alertes afin que des mesures de protection soient appliquées lorsqu'une attaque se produit. En principe, tout ce qui est interdit par la politique de sécurité du réseau est une intrusion. Nous nous intéressons dans ce papier plus spécifiquement aux systèmes de détection d'intrusions. Nous étudions les IDS pour RCSFs pour en comprendre les démarches proposées. Nous étudions les intrusions pour en maitriser la théorie et les approches de caractérisations formelles. La problématique de caractérisation d'attaques non connues restent une question difficile, particulièrement dans les RCSFs. Le projet SenSnort dont le but est de proposer un IDS original pour RCSFs s'attaque plus globalement à cette problématique. Cet article qui se veut original constitue une première étape dudit projet.

Dans cet article, nous proposons uIDS, une approche de détection d'intrusions basée sur les signatures dans les RCSFs. Notre contribution se situe au niveau des RCSFs compatibles IP, plus particulièrement uIP [1] et s'inspire fortement du standard de fait Snort [2] , déjà bien éprouvé dans les réseaux classiques [1]. La démarche proposée comprend trois phases : (1) acquisition des paquets, (2) analyse des paquets et (3) génération des alertes. Elle consiste d'abord à définir des entités permettant de représenter la politique de sécurité. Ensuite nous nous servons de cette représentation pour signaler les événements anormaux. La suite de ce document est structurée en quatre sections. La section 2 fait le point sur la sécurité et les applications des RCSFs en s'attardant sur les méthodes de détection d'intrusions connues. La section 3 redéfinit le problème et propose une méthode d'implantation des IDS sur des capteurs utilisant uIP. La section 4 présente les détails d'implémentation d'un prototype sous Contiki[3] et quelques résultats observés à l'issu des tests effectués. La section 5 conclut notre travail en faisant un bilan de notre démarche avant de présenter des éventualités de poursuite de notre travail.

2. La sécurité dans les RCSFs

2.1. Importance de la sécurité dans les RCSFs

Les RCSFs sont généralement déployé pour recueillir les informations sur une zone géographique bien précise. Le traitement de ces données peut se révéler être très utile

1. Implémentation légère, générique et portable de TCP/IP pour les systèmes embarqués[2].
2. IDS Open source. Sa popularité vient de sa facilité d'utilisation et des ses bonnes performances
3. Système d'exploitation Open source pour les systèmes embarqués en réseau.

dans plusieurs domaines. Au Cameroun, les capteurs sont par exemple utilisés dans le dispositif d'épuration des gaz du lac Nyos [12]. Il est important de considérer l'aspect sécuritaire dans ces réseaux pour s'assurer de la fiabilité des informations recueillies et des résultats qu'on peut en tirer.

2.2. Notion d'intrusion et méthodes de détections d'intrusions

La détection d'intrusions consiste à collecter les données transitant à travers le système, à les analyser pour identifier des éventuelles irrégularités et les signaler aux administrateurs du réseau. Une intrusion est l'occurrence d'une attaque ou d'une anomalie dans un système. Les anomalies sont les dysfonctionnements du système étudié ou surveillé. On parle d'attaque lorsqu'un acteur ou utilisateur du système mène une action qu'il n'est pas supposé exécuter [4]. Une présentation des attaques les plus connues dans les RCSFs est faite dans [13, 9]. Pour assurer la sécurité des RCSFs, on fait intervenir les notions de cryptographie, les protocoles de gestion de clés, les mécanismes d'authentification, les protocoles sécurisés de routage, l'agrégation sécurisée des données, la détection d'intrusions. En dépit de toutes ces mesures, il n'est pas toujours possible d'empêcher toutes les attaques : c'est le cas avec les wormholes [3]. Il est nécessaire d'utiliser des mécanismes de détection d'intrusions. En fonction de la position des points de collecte des informations à analyser, les IDS sont classées en deux grandes catégories : les "Host-based" (HIDS ; surveillent un hôte particulier) et les "Network-based" (NIDS ; surveillent le réseaux entier). L'implantation des NIDS se fait en plaçant des sondes à des points de concentration du réseau. La figure 1 en illustre bien un exemple.

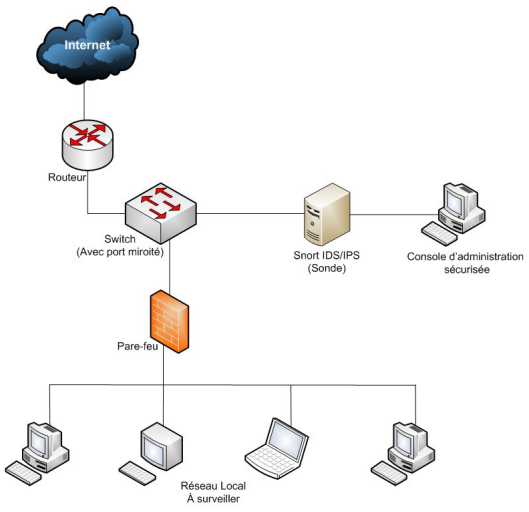


Figure 1 – Topologie réseau de déploiement de Snort en NIDS (une sonde)

Il n'est pas possible de procéder ainsi dans les RCSFs du fait de leurs topologies décentralisées. Pour remédier à cette situation, Da Silva et al. [3] et Onat et Miri [7] proposent des modèles de détection d'intrusions similaires où certains noeuds sont chargés de contrôler les activités de leurs voisins. La limite de leurs modèles réside dans le fait que les moniteurs du réseau ne communiquent pas entre eux [11]. Pour lever cette limite, on utilise une approche décentralisée initialement développée pour les réseaux ad hoc. Cette approche dite de "chien de garde" (watchdog) demande que les moniteurs s'échangent

des informations afin d'avoir une vue globale sur les communications dans le réseau et de faire des meilleures analyses. Ioannis et al. présentent un IDS pour les trous noirs et les attaques de retransmissions sélectives basé sur cette méthode [11]. Yan et al. font aussi du Watchdog dans les réseaux où les capteurs sont groupés en clusters [10] ; les moniteurs étant les responsables (cluster Head) des différents clusters.

2.3. Détection d'intrusions basées sur la spécification des signatures

Les approches de détection d'intrusions sont classées en deux grandes catégories [4, 5] : la détection basée une étude comportementale et la détection basée sur la spécification des signatures. Dans sa thèse, J. C. Demay [8] décrit chacune de ces méthodes.
L'approche basée sur l'étude comportementale repose généralement sur des techniques de datamining [5] et les notions d'ontologies [6].
Les détecteurs d'intrusions par spécification des signatures reposent sur la connaissance à priori d'une base de motifs caractérisant des attaques. Ils analysent les communications et font la reconnaissance de motifs (définis par les signatures). Ils sont peu consommateurs de ressources et la pertinence de la détection de cette approche est élevée. C'est pour ces deux raisons que ce type de système est souvent choisi pour être utilisé en production et adapté pour des capteurs. Ioannis et al. [11] utilisent cette technique et justifient leurs choix par le fait que c'est facile à mettre en œuvre dans les RCSFs. Néanmoins, cette approche ne permet pas la détection d'attaques inconnues. Snort [14] utilise cette approche dans les réseaux usuels de type TCP/IP. Il propose un langage de description de règles pour la spécification des signatures. Sa popularité nous amène à étudier la question de l'application du même principe dans les RCSFs. A l'image de Snort, l'IDS résultant est destiné à des architectures TCP/IP.
Les premières implémentations légères, génériques et portables de TCP/IP pour les systèmes embarqués ont étés faites en 2003 par des chercheurs de la SICS (Swedish Institue of Computer Sciences). Il s'agit de lwIP et uIP [2]. Elles implémentent un minimum de fonctionnalités de TCP/IP. Ils contiennent notamment les protocoles IP, ICMP, TCP et UDP et permettent aux systèmes embarqués d'interagir directement avec d'autres systèmes. uIP est particulièrement destiné aux périphériques embarqués aux contraintes matérielles sévères tels que les capteurs.

3. Détection d'intrusions sur des capteurs implémentant uIP

3.1. Description du problème

En adaptant TCP/IP dans les réseaux de capteurs, on les rend aussi vulnérables aux attaques observées sur Internet et dans les autres types de réseaux. Des outils de détection et de protection contre les attaques ont été développés pour ces réseaux classiques. Notre but est de proposer une méthode de détection d'intrusions dans des RCSFs compatibles à uIP. Le réseau est constitué d'un ensemble de capteurs $S = \{s_1, ..., s_n\}$ et d'un ensemble de stations de base $B = \{b_1, ..., b_m\}$ (où $m \ll n$). Par abus, nous assimilons des stations de base à des simples noeuds. Pendant son fonctionnement, chaque noeud $s_i \in S$ reçoit et émet des messages $m_{i,j}$ $(i, j \in N)$ dans le but de contribuer à l'accomplissement des missions du réseau. Les intrus utilisent également ces messages pour mener des actions malveillantes sur le réseau.

Dans les réseaux basés sur IP, les messages echangés sont des paquets. En se basant sur la politique de sécurité du réseau, il est possible de caractériser des paquets non sollicités par ses attributs. Ces attributs sont rangés en une suite de champs d'entête et un champ de données utiles. Le champ des données contient un BPDU (Border Packet Data Unit) de couche 3(ICMP) ou de couche 4 selon la valeur du champ *protocol*(IPv4) ou *next header*(IPv6) de l'entête. Pour caractériser et mieux manipuler les paquets, nous ne nous intéressons pas à tous ces champs tels que définis dans les RFCs[4] (Request For Comment). Ainsi, nous définissons l'entité $BPDU_{IP}$ qui est la représentation abstraite d'un paquet :

$$BPDU_{IP}(@IP_{src}, @IP_{dest}, protocol, longueur, Next_BPDU) \text{ où}$$
$$Next_BPDU \in \{BPDU_{ICMP}, BPDU_{ICMP6}, BPDU_{UDP}, BPDU_{TCP}\}$$

et
$BPDU_{UDP}(port_{src}, port_{dest}, données)$;
$BPDU_{TCP}(port_{src}, port_{dest}, SYN, ACK, RST, FIN, données)$;
$BPDU_{ICMP}(type, code, données)$;
$BPDU_{ICMP6}(type, code, données)$;
Les anomalies et les attaques courantes possèdent des signatures qui peuvent être modélisés par la reconnaissance des motifs que l'on retrouve dans les attributs des $BPDU_{IP}$ pendant leurs occurrences. Notre problème est celui de l'identication des $m_{i,j}$ présentant ces motifs.

3.2. Description de uIDS : méthode de détection d'intrusions sur des capteurs implémentant uIP

Nous présentons ici un modèle pour la détection d'intrusions dans les réseaux de capteurs compatibles à uIP. Nous nous inspirons de Snort à cet effet. Dans notre modèle, chaque nœud analyse ses communications (entrantes et sortantes). La logique de conception repose sur le mode de fonctionnement d'un HIDS. Nous le plaçons comme agent passif entre les couches 2 et 3 (une description et architecture du système résultant est faite à l'Annexe A). Il capture les données qui sont échangées entre le pilote et la couche uIP sans pour autant être un intermédiaire (sans interception). L'algorithme exécuté par le système s'articule en 3 grandes phases.

Acquisition des paquets (Phase 1) : à cette étape, on se sert de uip_buf qui est en quelque sorte la porte d'entrée et de sortie de uIP. En effet, le pilote radio y place des données sous forme d'une suite d'octets avant d'appeler la fonction uip_input() qui les lie, les décapsule et les transmette à la couche transport. De même, lorsqu'on veut envoyer des données par la radio, le processus principal de uIP copie ces données dans uip_buf avant d'appeler la fonction d'envoi du pilote radio[1, 2]. Dans des réseaux où les capteurs utilisent IPv6 pour l'adressage et le routage des paquets, la couche 6LoWPAN[14] sert d'intermédiaire entre le pilote radio et uip_buf. L'élément interne de notre IDS qui assure l'exécution de cette phase est le " *Packet Logger* ". Il capture les contenus des paquets et les sauvegarde dans une mémoire tampon (IDS_Buf) qui sera consultée à la phase suivante.

Analyse des paquets (Phase 2) : à cette étape, on analyse les différents éléments du tampon. Ceci revient à appliquer un set de règles bien définies sur ces paquets. Les règles spécifient des propriétés observables dans des paquets en cas d'intrusions. Ces propriétés

4. `http://www.ietf.org/rfc/rfcNNNN.txt` où NNNN est le numéro du RFC. Le 791 pour IPv4, le 2460 pour IPv6, le 792 pour ICMP, le 4443 pour ICMPv6, le 793 pour TCP et 768 pour UDP.

et les options d'analyse seront écrites dans un langage de spécification de règles similaire à celui de Snort. Une règle est constituée d'un ensemble de paramètres et est représentée de la sorte :

$$regle(head_infos, alert_msg, content_pattern, depth, offset, nocase) \text{ où}$$
$$head_infos(protocole, \{in, out\}, @IP, src_port, dest_port, type, code)$$

Pour appliquer ces règles sur des paquets, nous présentons la relation $uD \subseteq BPDU_{IP} \times Regles$. Nous disons que $puDr$ (i.e **p vérifie r**) si et seulement si :

Vérification de l'entête :

– $r.head_infos.protocole$ correspond à $p.protocol$;

– si $r.head_infos_2 = in$ alors $p.@IP_{src} = r.head_infos.@IP$.Sinon (c'est à dire que $r.head_infos_1 = out$) alors $p.@IP_{dest} = r.head_infos.@IP$;

– si $r.head_infos.protocole = TCP$ $(Next_BPDU = BPDU_{TCP})$ ou $r.head_infos.protocole = UDP$ $(Next_BPDU = BPDU_{UDP})$ alors,

$$\begin{cases} r.head_infos.src_port = p.Next_BPDU.port_{src} & et \\ r.head_infos.dest_port = p.Next_BPDU.port_{dest} \end{cases}$$

– si $r.head_infos.protocole = ICMP$ (Next_BPDU=$BPDU_{ICMP}$) ou $r.head_infos.protocole = ICMP6$ (Next_BPDU=$BPDU_{ICMP6}$) alors,

$$\begin{cases} r.head_infos.type = p.Next_BPDU.type & et \\ r.head_infos.code = p.Next_BPDU.code \end{cases}$$

Vérification du contenu : $r.content_pattern$ est une sous-chaine (en ignorant la casse lorsque $r.nocase$ a une valeur differente de 0) de

– $p.Next_BPDU.données[0, p.longueur]$ lorsque $r.offset$ a une valeur egale à 0 et $r.depth$ a une valeur egale à 0.

– $p.Next_BPDU.données[r.offset, p.longueur]$ lorsque $r.offset$ a une valeur differente de 0 et $r.depth$ a une valeur egale à 0.

– $p.Next_BPDU.données[0, r.depth]$ lorsque $r.offset$ a une valeur egale à 0 et $r.depth$ a une valeur differente de 0.

– $p.Next_BPDU.données[r.offset, r.depth]$ lorsque $r.offset$ a une valeur differente de 0 et $r.depth$ a une valeur differente de 0.

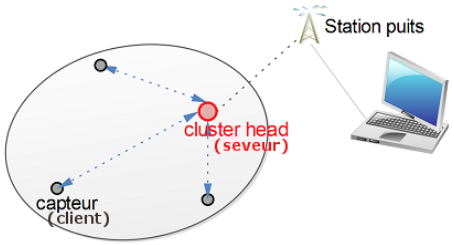
Génération des alertes (Phase 3) : Une alerte désigne la transmission d'un message aux administrateurs du réseau au cas où un paquet p du tampon vérifie une règle r (i.e. $puDr$). Ce message est celui qui est défini dans l'attribut $alert_msg$ de la dite règle. Le message à transmettre est envoyé sur le réseau à destination d'un noeud puit. Ce dernier se charge de les transférer vers une console d'administration à travers le réseau externe.

4. Résultats Expérimentaux

Dans cette section, nous présentons l'évaluation (en termes de consommation énergétique) de la mise en œuvre de la méthode uIDS. A cet effet, nous avons utilisons SenSnort (décrit à l'Annexe A) qui est notre implémentation de uIDS sous Contiki.

4.1. Scénario de l'expérience

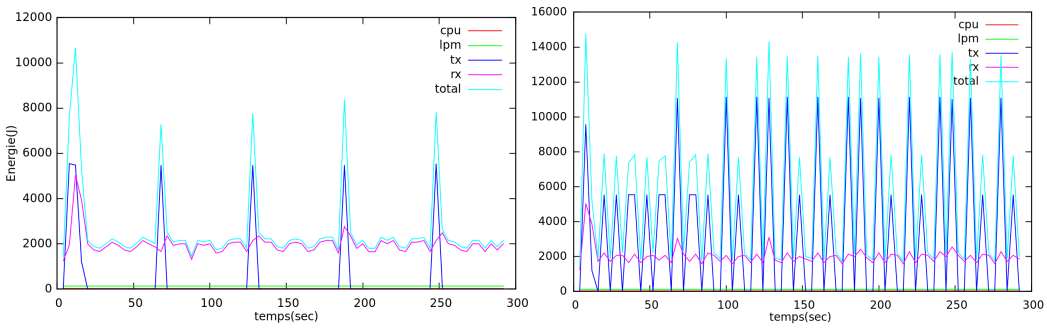
Pour évaluer notre prototype, nous le déployons dans un RCSF basé sur l'exemple projet Udp_ipv6 de Contiki. Il s'agit brièvement d'un serveur (un cluster Head par exemple) qui reçoit des messages avec des clients via le protocole UDP sur le port 3000.



La figure ci-contre illustre ce scénario. Dans des circonstances où ce port serait utilisé pour mener des attaques sur le cluster Head, SenSnort v0.1 signale chacune des communications anormales. Normalement, les clients et le serveur s'échangent respectivement des messages de la forme de "Hi [num] from the client" et de "Hi from the server ! ([num])". Donc des messages entrant de la forme de "**Hello** [num] from the client" sont anormaux sur le serveur et seront détectés par la règle :
-> UDP any 3000 any (msg :Fake friendly UDP clients ;content :Hello ;nocase ;depth :6)

4.2. Consommation énergétique de SenSnort

L'utilisation de SenSnort impacte sur la consommation énergétique du capteur tel qu'illustré à la figure 2.



(a) Sans SenSnort (b) Avec SenSnort

Figure 2 – Variations de la consomation énergétique sans(2a) et avec(2b) SenSnort

5. Conclusion et Perspectives

Ce papier pose les bases d'un long processus. Nous y avons essentiellement abordé une alternative de solution de système de détection d'intrusion dans les RCSFs : uIDS. SenSnort en est un résultat expérimental. Elle est fortement inspirée de Snort. Tout comme Snort, c'est un IDS basé sur une approche de spécification des signatures et conçu selon la logique d'un HIDS. Dans notre démarche, nous avons été amenés à nous intéresser en particulier aux capteurs implémentant uIP. Cette démarche comprend trois phases : (1) acquisition des paquets, (2) analyse des paquets et (3) génération des alertes.

Pour montrer qu'il s'agit d'une méthode raisonnable, nous avons réalisé son implémentation sous Contiki pour des RCSFs utilisant les communications reposant exclusivement sur uIPv6. SenSnort v0.1 est l'application résultante.Les règles de définition des signatures de cette application sont écrites dans un langage simple similaire à celui de Snort. Dans le but de réduire la quantité d'énergie consommée par SenSnort, nous étudierons des mécanismes de compression et d'envoi groupé d'alertes. Nous projetons également de faire évoluer uIDS en un modèle de NIDS ayant une plus grande portée en nous appuyant sur la technique du Watchdog . Dans le même ordre d'idée, nous allons enrichir le langage de description de règles de SenSnort v0.1 pour une meilleure spécification des signatures.

6. Bibliographie

[1] « SNORT Users Manual 2.9.4 », The Snort Project, 2013.

[2] ADAM DUNKELS, « Full TCP/IP for 8-Bit Architectures » *Proceedings of MobiSys 2003 : The First International Conference on Mobile Systems, Applications, and Services*, may 2003.

[3] ANA PAULA R. DA SILVA, MARCELO H.T. MARTINS, BRUNO P.S. ROCHA, ANTONIO A.F. LOUREIRO, LINNYER B. RUIZ, HAO CHI WONG, « Decentralized Intrusion Detection In Wireless Sensor Networks », *Q2SWinet'05*, Montreal, October 2005.

[4] ANITA K. JONES, ROBERT S. SIELKEN, « Computer System Intrusion Detection : A survey », september 2000.

[5] DANIEL BARBARA, JULIA COUTO,SUSHIL JAJODIA, LEONARD POPYACK, NINGNING WU, « ADAM : Detecting Intrusions by Data Mining », *Proceedings of the 2001 IEEE Workshop on Information Assurance and Security*, June 5-6, 2001.

[6] HUBERT N. KENFACK, THOMAS DJOTIO NDIÉ, EMMANUEL NATAF, OLIVIER FESTOR, « Une ontologie pour la description des intrusions dans les RCSFs », *Colloque Francophone sur l Ingénierie des Protocoles*, Avril 20, 2011.

[7] I. ONAT, A. MIRI, « An intrusion detection system for wireless sensor networks », *Proceeding of the IEEE International Conference on Wireless and Mobile Computing, Networking and Communications*, pp. 253–259, August 2005.

[8] JONATHAN-CHRISTOFER DEMAY, « Génération et évaluation des mécanismes de détection des iintrusions niveau applicatif », *Thése de doctorat. Rennes : Université de Rennes 1*, Juillet 1, 2011.

[9] KAI XING, SHYAAM SUNDHAR RAJAMADAM SRINIVASAN, MANNY RIVERA, JIANG LI, XIUZHEN CHENG, « Attacks and Countermeasures in Sensor Networks : A Survey », 2005.

[10] K.Q. YAN, S.C. WANG, C.W. LIU, « A Hybrid Intrusion Detection System of Cluster-based Wireless Sensor Networks », *Proceedings of the International MultiConference of Engineers and Computer Scientists*, Hong Kong 2009.

[11] KRONTIRIS IOANNIS, TASSOS DIMITRIOU, FELIX C. FREILING, « Towards Intrusion Detection in Wireless Sensor Networks ».

[12] MARTIN SCHMID, ANDREAS LORKE, CHRISTIAN DINKEL, GREGORY TANYILEKE,ALFRED WUEST, « Double-diffusive convection in Lake Nyos, Cameroon ».

[13] T.KAVITHA, D.SRIDHANAN, « Security vulnerabilites in wireless sensor Networks : A Survey », *Journal of information assurance and security 5*, 2010.

[14] ZACH SHELBY, CARSTEN BORMANN, « 6LoWPAN : The Wireless Embedded Internet », november 2009.

Annexe A. SenSnort (v0.1) : Un IDS hôte à spécification de signatures pour les RCSFs

SenSnort est un projet à long terme qui vise à proposer un IDS pour RCSF en s'inspirant du modèle de Snort. SenSnort v0.1 est une application développée pour Contiki en guise d'application de la méthode uIDS. Il s'agit d'une adaptation de Snort au RCSFs developpée sur le schema des applications de Contiki.Elle fait la détection d'intrusions exclusivement sur uIPv6 (d'où la présence de 6LoWPAN à la figure 3). Sans règles préconfigurées, **l'empreinte mémoire de SenSnort est de 4,8 Ko**. Il est donc possible de le déployer sur tous capteurs adaptés pour Contiki. Son déploiement est facilité par le système de build dont dispose Contiki.

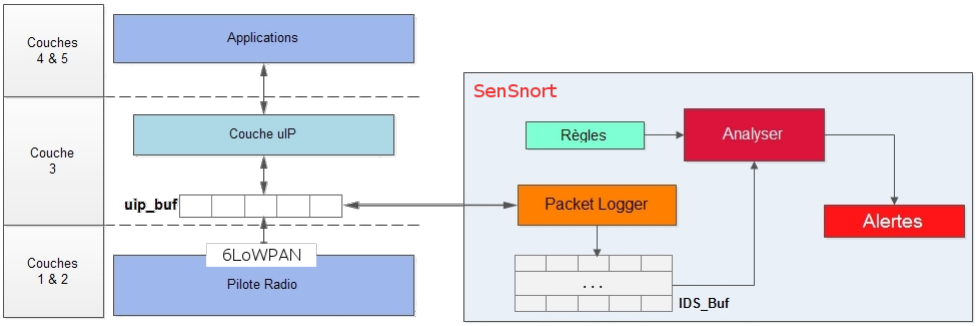


Figure 3 – IDS positionné entre les couches 2 et 3

A - 1. Détails d'implémentation de SenSnort v0.1

SensSort v0.1 c'est deux processus (protothreads) qui s'exécutent en parallèle.

– *ids_main* . Il initialise les structures de données (le tampon de paquet : IDS_Buf, la liste de règles, les variables globales) utilisée par les deux processus puis il démarre le deuxième processus avant d'entrer dans une boucle ou il joue le rôle de *Packet Logger*. Pour assurer la capture des paquets, nous placons des sondes dans le noyau du système Contiki de façon à ce qu'elles envoient des signaux chaque fois qu'un paquet doit être envoyé au pilote radio ou qu'il est reçu.

– *ids_analyser*. Ce processus implémente et applique la relation *uD* décrite à la sous-section 3.2. Il scrute le tampon à une fréquence régulière (configurable) et applique les règles aux éléments d'IDS_Buf. En cas de vérification, d'une règle, *ids_analyser* génère l'alerte. Il se sert de la liste de règles construite pendant la phase d'initialisation. En effet, les règles sont initialement écrites dans le fichier *rules.h* de SenSnort v0.1 suivant un langage semblable à celui utilisé par Snort.

A - 2. Le langage de description des règles

Une règle est subdivisée en deux parties qui sont l'entête et les options.

L'entête : spécifie uniquement les valeurs qui doivent être retrouvées dans les champs de l'entête d'un paquet pour que son contenu soit analysé. Voici sa structure[5].

direction	protocol	@IP src/dest	port source	port dest

direction désigne le type de paquets auxquels s'appliquent la règle. -> pour les paquets entrants et <- pour les paquets sortants. *protocol* appartient à {ICMP6,IP,TCP,UDP}. *@IP src/dest* désigne l'adresse IPv6 source ou de destination selon la valeur de *direction*. Les numéros de *port source et port dest* sont optionnels et pris en compte uniquement lorsque *protocol* appartient à {TCP,UDP}.

Les options. Elles sont spécifiées dans des parenthèses à la suite de l'entête (les uns à la suite des autres). Le séparateur des différentes options est " **;**". Chaque option est généralement constituée de deux parties : le mot clé (*optionID*) spécifiant son rôle et l'argument (*optionARG*) qui est un peu comme la valeur de l'option. Pour mieux cerner ce concept, voyons *optionID* comme le nom d'une variable contenant *optionARG*. Dans une règle, *optionID* et *optionARG* sont séparé par " **:**". Les différentes valeurs d'*optionID* sont énumérées dans le tableau suivant.

OptionID	Description	Syntaxe
msg	Définit le message à transmettre à la suite d'un paquet décrivant une intrusion.	msg :<message texte> ;
content	Ceci permet de rechercher un contenu particulier dans un paquet (dé encapsulé). Cette option possède des modificateurs (marqués avec *)	content :[!]<content string> ;
offset*	Spécifie une position à laquelle il faut commencer la recherche de <content string> dans le contenu du paquet.	offset :<entier naturel> ;
depth*	Spécifie une position au délà de laquelle on ignore le contenu du paquet pendant la recherche de <content string>.	depth :<entier naturel> ;
nocase*	Spécifie à la fonction de recherche de contenu d'ignorer la casse dans <content string>.	nocase ; (pas d'argument)
type	Relatif à ICMP6.	type :<valeur entière>
code	Relatif à ICMP6.	code :<valeur entieère>

Exemple : La règle -> *UDP fe80 :0 :0 :0 :212 :7101 :0001 :101 999 22 (msg :first rule ;content :connect ;nocase)* implique que lorsqu'on a un paquet entrant ayant une valeur du champ *"next header"* de son entête correspondante à UDP(17) avec pour adresse IP source étant fe80 :0 :0 :0 :212 :7101 :0001 :101 et pour numéro de port source et de destination d'entête de datagramme respectivement égal à 999 et 22, on génère une alerte en transmettant le message "**first rule**" si on retrouve la chaine "**connect**" dans le contenu du datagramme en ignorant la casse.

Application des règles : tel que décrit à la phase 2 d'uIDS, il s'agit de faire la vérification d'entête et la vérification (si c'est nécessaire) du contenu des paquets avec les différentes règles. On signale une intrusion lorsque les deux vérifications sont positives.

5. On utilise le mot clé "*any*" à la place de l'adresse IP ou d'un numéro de port lorsque le champ en question ne doit pas influencer les critères de sélection de paquets.

Gestion d'un Workload Transitoire via les Graphes Sociaux

Ibrahima Gueye* — Idrissa Sarr * — Hubert Naacke**

* Université Cheikh Anta Diop, Département Mathématiques Informatique
Dakar, Senegal
{ibrahima82.gueye, idrissa.sarr}@ucad.edu.sn

** Sorbonne Universités, UPMC Univ Paris 06, LIP6
PARIS, FRANCE
hubert.naacke@lip6.fr

RÉSUMÉ. Un défi que de nombreux médias sociaux en ligne ont à relever est de faire face à des pics charges de travail égocentriques qui sont très fréquentes et transitoires. Une telle situation est généralement due à l'accès simultané de plusieurs utilisateurs à un petit morceau de données appartenant à un utilisateur ou à quelques uns. Ces applications sont caractérisées par le fait que les utilisateurs qui les utilisent sont organisés en communautés, dans lesquelles les interactions sont prépondérantes. Pour bien gérer ces pics de charges, une bonne prise en compte du phénomène communautaire est primordiale. Dans cet article, nous proposons une solution rapide pour faire face aux pics de charge. La solution tient compte des communautés afin de limiter au maximum son impact sur le traitement transactionnel. Notre solution combine une approche élastique avec un processus d'équilibrage de charge pour maintenir les performances globales tout en minimisant les ressources nécessaires.

ABSTRACT. A challenge that many online social media have to deal with is to face heavy (peaks) egocentric workloads that are very common and transient. Such a situation is usually due to simultaneous access by multiple users to a small piece of data belonging to one user or a few ones. These applications are characterized by the fact that users who use it are organized in communities in which interactions are prevailing. To manage these peak loads , a proper consideration of community phenomenon is paramount. In this paper , we propose a solution to face peak loads fastly. The solution we propose takes into account the communities in order to minimize its impact on transaction processing. Our approach combines an elasticity with a load balancing process to maintain the overall performance while minimizing the resources required.

MOTS-CLÉS : Transaction, Charge-de-travail, équilibrage de charge, élasticité, médias sociaux

KEYWORDS : Transaction, Social workload, Load balancing, Elasticity

1. Introduction

Les applications de médias sociaux sont caractérisées par des actions de collaboration en ligne telles que les discussion interactives, les marquages (tag) et le partage de contenu. Elles regroupent un très grand nombre d'utilisateurs (plusieurs centaines de millions parfois) qui ont tous une exigence d'un temps de réponse faible quant à leurs interactions. L'expérience utilisateur est de plus en plus guidée par son contexte social ou la position sociale d'un utilisateur. Un utilisateur avec beaucoup de liens (amitié, collaboration, intérêt commun, etc.) tend à être engagé dans de fréquentes interactions sociales. Comme l'a montré l'étude menée dans [1], les données appartenant aux utilisateurs les plus populaires sont celles qui sont le plus souvent sollicitées. En plus, quand un utilisateur populaire agit en réponse à une action d'un autre utilisateur, ceci peut induire la réponse d'autres utilisateurs en réaction à cette action, générant ainsi ce qu'on appel le '*le net effect*'. Il en résulte que les utilisateurs peuvent accéder simultanément à la même portion de donnée pendant une courte période. Nous disons alors que nous faisons face à des *charges égocentriques* qui sont caractérisées par un modèle d'accès dépendant du contexte social, fluctuant et transitoire. La charge totale dérive de quelques utilisateurs et de leurs proches contacts en fonction de leur statut ou de leur rôle. Lors de ces périodes de forte interactions concurrentes, le système fait face à des pics de charge qui font que les performances (temps de réponse) se dégradent. La charge totale du système pouvant être définie comme l'ensemble des charges égocentriques, il en résulte que ces ces pics sont souvent localisés sur les données des utilisateurs populaires.

1.1. Problématique et Objectifs

Généralement, dans ces systèmes à modèle de charge variable combiné avec une forte exigence des utilisateurs finaux, un problème de gaspillage de ressources et d'énergie est posé dès leur conception. Pour se conformer aux objectifs de qualité de service, on alloue de façon préventive, des ressources pouvant permettre de faire face à la demande maximale prévue. Mais, dans notre contexte, une charge de travail égocentrique est transitoire et fluctuante puisque le comportement des utilisateurs dépend des événements et les événements anciens attirent moins. Il est clair alors qu'une allocation statique de ressources est synonyme de gaspillage la plupart du temps. Une grande part des ressources de traitement allouées reste inactive pendant de longues périodes mais consomme de l'énergie pour leur fonctionnement, le refroidissement, des frais d'administration, etc. Notre objectif est de proposer une approche qui permet de faire une allocation minimale au départ et de réagir efficacement aux pics de charge pendant le fonctionnement du système. Cette réaction aux pics de charges se fait en allouant des ressources supplémentaires et en déplaçant une partie des données fortement demandées vers ces nouvelles ressources. Le mécanisme proposé permet de réagir rapidement tout en tenant compte des caractéristiques sociales des données.

1.2. Structure du graphe d'interactions et aspects sociaux

Les interactions entre utilisateurs aussi bien que les actions (commentaire, tag, ...) effectuées par un utilisateur sur les données d'un autre utilisateur forment la structure du réseau social. Cette structure est généralement représentée comme un graphe d'un ensemble de sommets avec des arcs (liens) entre eux. Les sommets sont les utilisateurs ou l'ensemble des données d'un utilisateur, tandis que les arcs sont les interactions ou liens entre les utilisateurs. Le nombre de voisins d'un utilisateur est appelé *degré de centralité*.

Un nœud avec un grand nombre de voisins est appelé un nœud populaire ou important et par conséquent a un fort degré de centralité. Les nœuds moins importants sont appelés des nœuds périphériques.

En fonction de leur interaction ou leur similarité, les utilisateurs peuvent former des groupes à l'intérieur desquels les échanges sont denses alors qu'ils le sont moins en dehors. De tels groupes sont appelés communautés [3, 2] ou cercles comme dans Google+.

Par ailleurs, quelle que soit la particularité de la charge de travail sociale, elle est composée d'opérations de lecture et d'écriture en prépondérance puisque presque toute action d'un utilisateur peut provoquer une lecture de donnée, une insertion et une mise à jour. De fait, même si les actions ou interactions faites par les utilisateurs sont liées au contexte social, la composition de la charge de travail générée est tout à fait la même que celle des applications classiques. Par conséquent, les pics de charge égocentriques observés sur les applications de médias sociaux peuvent être prises en charge en utilisant et en adaptant des techniques traditionnelles telles que le partitionnement de données.

Le défi principal auquel nous sommes confrontés est comment utiliser ces techniques traditionnelles pour faire face à ces pics de charge tout en prenant en compte les spécificités sociales de ces applications. Pour relever ce défi, plusieurs problèmes sont à prendre en charge : (i) comment détecter les données qui sont à l'origine des pics de charge transitoires ? (ii) comment fragmenter de telles données tout en assurant des interactions rapides entre utilisateurs ? (iii) comment garder les utilisateurs d'un même groupe sur le même site tout en résolvant le problème des pics ? (iv) Comment prédire les données qui vont causer des pics de charge pour anticiper la réaction en se basant sur la structure sociale ?

Dans nos travaux récents [15] (voir Annexe), nous avons proposé des solutions pour le problème (i), et un début de solution pour le problème (ii) qui ne prenait pas en compte l'aspect des communautés d'utilisateurs en faisant la fragmentation sélective. Dans ce travail, nous poursuivons et complétons ces résultats afin de proposer une approche qui tienne compte de cet aspect.

1.3. Contributions et organisation du document

Notre objectif dans cet article est de faire face aux problèmes précédents. Les contributions principales de ce travail peuvent être résumées comme suit :

– une identification fine de l'origine d'un pic de charge et par la suite sa résolution ;

– une méthode de détection des communautés d'utilisateurs et résolvons la surcharge tout gardant les communautés compactes ;

– une méthode de migration de données légère qui déplace uniquement des données pertinentes, d'une manière copie-à-la-demande.

Le reste du document est structuré comme suit : dans la section 2 nous présentons les composants de notre système ainsi que le modèle d'exécution des transactions. Dans la section 3 nous présentons notre approche de gestion des pics de charge. Nous y faisons un résumé de notre méthode de détection des pics de charge couplée à notre modèle de prédiction de ces pics. Par la suite nous détaillons notre approche pour l'absorption de ces pics. Nous faisons un bref tour d'horizon quelques travaux récents et connexes à notre travail dans la section 5. Nous concluons enfin dans la section 6.

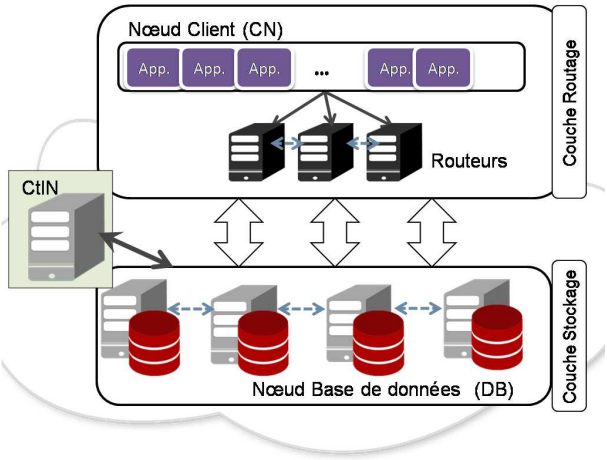


Figure 1. *Architecture*

2. Modèle d'exécution

Dans cette section nous décrivons les différents composants de notre système, leur fonctionnement et leur modèle de communication. Nous décrivons par la suite la gestion des transactions dans notre contexte. Dans la deuxième partie de cette section, nous définissons la notion de communauté d'utilisateurs et la méthode pour les détecter.

2.1. Architecture et exécution des transactions

Nous proposons une architecture en deux couches : la couche de routage et la couche stockage (voir Figure 1). Notre solution est un middleware qui sert d'interface avec les procédures de manipulation de données des applications. La couche de routage est constituée d'un ensemble de nœuds appelés nœuds clients (CN) et Routeurs tandis que la couche stockage contient les nœuds base de données (DB) qui stockent les données et exécutent les requêtes et transactions. Les données sont stockées sur les nœuds DB en communauté ou cercle de sorte que toutes les données relatives à un groupe soient stockées au même nœud DB. Ceci est possible puisque le nombre d'utilisateurs dans un cercle est généralement limité et ainsi, les données associées peuvent être gardées sur un seul nœud DB. Les transactions sont envoyées à n'importe quel Routeur, qui par la suite les transmet au bon DB en se basant sur les classes d'accès pour l'exécution. Les transactions accédant aux mêmes données sont routées de manières sérialisée et les DBs garantissent une exécution cohérentes des transactions sans verrouillage.

Les transaction multi-partition, qui font intervenir deux sites, sont traitées dans notre système comme suit : on déplace, vers le site le moins chargé, les données des sites plus chargés et puis on exécute la transaction distribuée en locale sur ce site destinataire.

La gestion des transactions distribuées est assurée par un Routeur à la fois. Le graphe social est centralisé au niveau du routeur qui gère les transactions multi-partition. A chaque fois qu'un ordre de déplacement arrive sur la couche de routage, on identifie les groupes auxquels appartiennent les données susceptibles de bouger et les migrations seront opérées de sorte à ne pas éclater ces groupes.

En plus, la couche de routage a un nœud spécial et utile appelé *nœud contrôleur (CtlN)*. Il surveille la couche base de données pour détecter quand un nœud devient sur-

chargé ou tend à le devenir ou encore est sous chargé. A cette fin, tout nœud envoie périodiquement sa charge au CtrlN pour permettre la détection de charge anormale en se basant sur un seuil. Notons qu'une fois un nœud DB est trouvé surchargé, un processus de migration consistant à déplacer une partie de ses données vers un DB moins chargé ou une nouvelle instance, est initialisé. A l'inverse, un DB sous chargé sera amené à fusionner ses données avec celles d'un DB pouvant les recevoir et disparaître. Pour trouver la part de données à faire migrer d'un DB à un autre, nous nous appuyons sur les métadonnées gardées via une structure appelée *trace*. La trace enregistre des informations à propos des transactions telle que leur identifiant, leur date d'arrivée, leur temps d'attente, etc.

Tout déplacement de données dans notre système se fera de manière '*copie à la demande*' (*pull on-demand* en anglais). Par conséquent, seules les portions de données réellement sollicitées seront copiées au fur et à mesure de la demande, ce qui réduit considérablement le surcoût provoqué par les déplacements de données.

La taille maximale d'un groupe est fixée et nous supposons avoir un dimensionnement tel qu'un nœud DB aura toujours les capacités nécessaires pour gérer les données et les traitements sur les données d'un groupe.

2.2. La détection des communautés

Pour déterminer les communautés d'utilisateurs, nous partons du graphe d'interaction. Sur ce graphe, un utilisateur (avec ses données) est un sommet et un arc du graphe représente une relation entre deux sommets du graphe. Nous caractérisons chaque relation entre deux sommets du graphe par le triplet (id_u_1, id_u_2, $poids$) qui sont, respectivement, l'identifiant du sommet u_1, celui du sommet u2, et le poids de la relation. Le $poids$ de la relation est ici le nombre de fois que la relation a été visitée, c'est-à-dire le nombre d'interactions entre eux. Chaque interaction est une transaction. Les communautés seront détectées grâce à une méthode de similarité de voisinage, dont une variante est détaillée dans [5]. Elle consiste à répertorier et comptabiliser le nombre de relations que possède un sommet u_i, puis de déterminer l'ensemble des sommets qui ont les mêmes relations que u_i ; ce sont les membres du même groupe. Cette approche est assez simple puisque qu'elle permet de procéder à partir de chaque sommet individuel et déterminer les membres de sa communauté (groupe).

Dans la pratique, nous pouvons connaître pour chaque u_i sa communauté et pour chaque communauté la liste des membres.

3. Gestion des pics de charge

Nous présentons ici notre mécanisme de gestion des pics de charge. Cette gestion des pics commence par leur détection et se termine par leur prise en charge. Par prise en charge nous entendons leur résolution ou absorption avec le moins de pénalités possibles. En effet, le mécanisme d'absorption des pics ne peut pas ne pas avoir d'incidence sur la charge des nœuds concernés, alors nous l'optimisons au mieux pour que cette incidence soit minime. Dans ce sillage, nous proposons une méthodes de prédiction de la charge d'une communauté d'utilisateurs dès l'apparition des premiers pics au sein de la communauté afin de d'anticiper sur les problèmes inhérents à leur résolution.

3.1. Détection des pics de charge

Nous avons proposé dans nos travaux récents [15] une méthode pour la détection de surcharge sur un nœud DB et une identification de l'origine des pics de charge. Nous évaluons la charge de chaque partition p_i de manière précise en prenant une fenêtre de temps w et en agrégeant les temps d'exécution et d'attente de toutes les transactions ayant demandé un accès à p_i durant la période w ; la valeur agrégée est rapportée à la période w. La charge totale du nœud DB est la somme des charges de toutes les p_i. Par la suite, nous estimons le temps nécessaire pour traiter un transaction en fonction de cette charge. Ce temps, comparé à un seuil T_{max} permet de déterminer si le DB est surchargé ou pas.

Voir la section Annexe (I) pour les détails de la méthode proposée.

3.2. Prédiction de la charge

Dans Slacker [8], les auteurs proposent l'utilisation d'un PID (*proportional-integral-derivative*) qui permet d'avoir la tendance de l'évolution de la charge afin de prendre des décisions. Dans notre contexte, un utilisateur étant dans une communauté et n'interagissant presque qu'avec ses membres, la charge maximale de sa partition dépendra plutôt de la taille de cette communauté. Cette hypothèse se justifie dans notre contexte de forte fluctuation de charge, où la charge évolue sans qu'une tendance se dégage mais reste cependant bornée à l'intérieur d'une communauté (i.e. la charge maximale se produit lorsque tous les membres deviennent actifs). Nous prenons alors, comme granule d'estimation de la charge, une communauté d'utilisateurs identifiée. Lorsqu'on doit déplacer une communauté, une prédiction est faite sur sa charge maximale prochaine et le choix de la destination sera fait en conséquence.

La charge totale d'une communauté est toujours répartie entre un ensemble de membres de cette communauté. Donc à un instant t donné, la charge du groupe est égale à la somme des charges sur les partitions actives.

Nous définissions les *partitions actives* comme étant les données sur lesquelles portent les interactions actuelles du groupe. Il s'agit, autrement dit, des données sur lesquelles est concentrée toute l'activité du groupe.

Nous définissons les *utilisateurs actifs* comme ceux qui sont effectivement en interactions avec les données actives dans l'instant présent.

Pour estimer la charge de la communauté, nous nous appuyons sur les *partitions actives* et les *utilisateurs actifs*, puis nous extrapolons sur l'impact de l'activité de tous les membres de la communauté sur ces *partitions actives*. La charge maximale du groupe est celle qui est liée à l'activité de l'ensemble des utilisateurs du groupe.

Soit p_i, p_k, et p_l les données active d'un groupe G de 20 membres. Si les utilisateurs actifs de ce groupe sont au nombre de 12, avec les proportions suivantes : 4 pour p_i, 6 pour p_k et 2 pour p_l ; alors nous exprimons la charge maximale et prédite du groupe comme étant la somme des prédictions des charges des 3 données actives :

$$\begin{cases} u_i \rightarrow 12 \\ u'_i \rightarrow 20 \end{cases}$$

$$u'_i = u_i . \frac{20}{12} \tag{1}$$

Où u_i correspond aux parts (proportions) d'*utilisateurs actifs* (4, 6 et 2) pour les partitions p_i, p_k, et p_l, et u'_i leur prédiction quand la charge du groupe devient maximale.

Par la suite, connaissant les valeurs de charge de chaque partition active (cf annexe) $load(p_i)$, $load(p_k)$ et $load(p_l)$ il nous suffit de faire la correspondance avec les valeurs de u_i et les u'_i pour connaître la valeur prédite de la charge de chaque partition active.

Pour ce faire, nous partons du niveau de charge actuel chez le destinataire, N_d. Soit C_d ce niveau de charge. Ensuite nous vérifions l'impact de chacune des données actives (dans G). Nous obtenons cela en faisant la correspondance de ce que représentera la part de chaque donnée active si tous les membres se mettaient en interactions. Par la suite nous en déduisons la charge de chacune.

3.3. Absorption de la surcharge transitoire

Si le DB est surchargé, nous résolvons cette surcharge en faisant un déplacement de partitions pour équilibrer la charge entre les différents nœuds DB.

3.3.1. Déplacement orienté partitions

Les valeurs de charge des partitions sont triées dans l'ordre décroissant et on fait le cumul jusqu'à obtenir une valeur égale (ou légèrement supérieure) au surplus de charge préalablement déterminé, c'est l'ensemble C. Cette ensemble de p_i ainsi obtenu est l'ensemble de données à déplacer pour équilibrer la charge. Cette approche (tri décroissant) nous permet de sortir le moins de partition possible, réduisant ainsi considérablement les coûts de la migration des données. La destination des données à migrer est aussi très bien choisie. En effet, nous estimons la charge actuelle de chaque candidat qui doit recevoir tout ou partie du surplus de charge, et y ajoutons la valeur de la première partition sur l'ensemble C. Si la première n'est pas pas recevable (trop chargée) alors on passe à la deuxième et ainsi de suite. Une partition est recevable si sa charge associée à la charge de la destination ne provoque pas la surcharge de la destination. S'il reste encore du surplus de charge et qu'aucun nœud DB ne peut le recevoir, alors nous démarrons une nouvelle instance de DB et lui affectons le surplus de charge.

Ce procédé que nous venons de décrire est ce que nous avons appelé la *méthode orientée partitions*, parce qu'elle déplace les partitions individuelles tant qu'elles ne surchargent pas dans l'immédiat la destination. Cependant, dans le contexte des réseaux sociaux, les transactions ont des caractéristiques particulières. La plupart des transactions accèdent à au moins deux partitions. Donc le traitement de ces transactions nécessite de regrouper les partitions concernées sur le même site. Cela génère des déplacements supplémentaires qui apporte une surcharge non prévue sur le site de destination. Les sites deviennent rapidement surchargés, ce qui provoque des déplacements en cascade. Pour éviter de tels problèmes, nous exploitons les caractéristiques sociales des données (communautés et degré de centralité) pour guider la migration.

3.3.2. Déplacement orienté communautés

Le déplacement orienté partitions se base sur une fragmentation qui ne tient pas compte des groupes. Sans prédiction, il pose un certains nombre de problèmes comme nous l'avons expliqué dans la section 3.3.1, ci-haut.

Nous adoptons la méthodes consistant à garder les communautés (groupes) compactes, couplée à une stratégie de prédiction, pour éviter d'avoir ces problèmes sus-énumérés. En effet, ayant estimé l'impact que peut avoir la charge d'une communauté sur une destination avant de prendre une décision de migration, il s'en suit que nous garantissons qu'une partition n'est déplacée (au mieux) qu'une seule fois pendant l'occurrence d'un pic. Ceci tend à minimiser le nombre de déplacements nécessaires pour absorber un pic de charge.

Notons aussi que dans la stratégie du choix de la communauté à déplacer, ce n'est pas toujours la plus chargée que nous déplaçons. Si cette dernière est déjà très chargée, la déplacer peut provoquer une aggravation de cette charge et impacter négativement les latences des transactions y afférent et sur celles destinées au site destinataire. Par conséquent, que une communauté est déjà très chargée, nous préférons déplacer les autres communautés, moins chargées, partageant le même site. Ainsi, nous parviendrons à absorber le pic de charge petit à petit sans affecter la communauté qui en est à l'origine.

4. Exemple de mise en œuvre

Soit la base de données contenant l'ensemble des données $\{p_1..p_{10000}\}$. Chaque partition p_i représente les données d'un utilisateur. Les données sont distribuées sur trois nœuds DB(sites) : DB_1 à DB_3 avec différentes capacités de traitement. Le temps moyen de traitement d'une seule transaction sur DB_1, DB_2, et DB_3 est $\tau_1 = 5ms$, $\tau_2 = 4ms$, $\tau_3 = 5ms$ respectivement. Les utilisateurs requièrent (SLA) un temps de réponse maximal T_{max} égal à 100ms. Donc le maximum de charge supporté pour DB_1 est $\frac{T_{max}}{\tau_1} = 20$. Respectivement, DB_2 et DB_3 supportent un maximum de charge de 25 et 20.
Pendant la dernière période d'opération ω $(10s)$, nous mesurons sur DB_1, les valeurs de charge suivantes : $load(p_1^1) = 9$, $load(p_7^1) = 10$ and $load(p_8^1) = 7$,par conséquent la charge réelle du $load(DB_1) = 26$ et le surplus observé est $\Delta_{load_1} = 26 - \frac{T_{max}}{\tau_1} = 6$

Supposons que nous avons aussi sur DB_1 recensé les communautés suivantes :
$C_1^1(p_1^1, p_{26}^1, p_{27}^1, p_{119}^1, p_{2010}^1, ...)$, $C_1^2(p_7^2, p_6^2, p_5^2, p_4^2, p_{12}^2, p_{13}^2, p_{14}^2, p_{913}^2)$ et
$C_1^3(p_8^3, p_9^3, p_{10}^3, p_{11}^3, p_{20}^3, p_{222}^3, p_{23}^3, p_{9992}^3)$

Avec les charge estimées (et prédites) des ces communautés : $load(C_1^1) = 12$, $load(C_1^2) = 13$, $load(C_1^3) = 7$.

A cette période, nous observons aussi la charge du nœud DB_2 qui est $load(DB_2) = 13$ (prédictions faites avec l'état de ses communautés). Il en ressort que le DB_2 peut recevoir un surplus de charge de $\Delta_{load} = 12$ sans cascade.

Sans tenir compte des communautés, le choix de déplacer entre les partitions p_1^1 et p_1^7, prises individuellement, vers DB_2 afin d'absorber la surcharge notée sur DB_1. Mais si le choix se porte sur p_7^1 (alternative#1) alors l'augmentation de la charge de sa communauté (qui entrera en interaction avec elle) va très vite provoquer une surcharge sur DB_2 et éventuellement d'autres migration en cascade. Alors que si, c'est la partition p_1^1 (alternative#2) qui est choisie avec sa communauté, on ramène le DB_1 à un niveau de charge acceptable et on surcharge pas le DB_2, mais surtout on ne provoque aucune cascade et toutes les transactions multi-partition se feront en locale sur DB_1 ou DB_2.

Notre approche avec les communautés, choisit toujours l'alternative 2, qui assure un minimum de migration avec des transactions multi-partioon qui se feront toujours en locale.

5. Travaux connexes

Dans la littérature, beaucoup de travaux se sont penchés ces 5 dernières années sur la conception et le déploiement de grandes bases de données dans un environnement Cloud pour optimiser les coûts de fonctionnement. Ces travaux, ont pour l'essentiel, proposé d'exploiter l'élasticité offerte par les infrastructures de type Cloud pour y adapter le comportement des systèmes de gestion de données afin que leurs dimensions et be-

soins en ressources soient variables dans le temps en fonction de la charge. Nous pouvons citer entre autres Relational Cloud [17], ElasTras [18], EcStore [19] et Slacker [8]. Le projet ElasTras [18] qui en est une des solutions phares, propose un système de gestion de données transactionnelles partitionnées où les partitions sont des tenants (contexte de bases muli-tenants). C'est une solution qui vise à concilier les besoins des applications (temps de réponse faible) et ceux des fournisseurs ou *Cloud Providers* (optimisation des ressources). Ainsi, proposent-ils une solution élastique avec un mécanisme de contrôle autonome. Dans ce sens nos travaux sont très proches. L'une des différence entre ce travail et le nôtre réside dans le type de workload auquel nous faisons face mais aussi dans la gestion des transactions qui accèdent à plusieurs partions. En effet, dans leur solution, une transaction n'accèdent qu'à une partition à la fois. Dans le cas de données de type non multi-tenant (comme le nôtre) ils proposent un partitionnement statique de type *Schema Level* pour avoir sur une seule partition les données qui pourraient être accédées par une même transaction. Le problème de ce choix, à notre avis, réside dans la difficulté de trouver un modèle de partitionnement pour toutes les bases non multi-tenant.

Le processus que nous proposons pour grouper les données afin de traiter une transaction ou de déplacer des données afin de gérer une surcharge, peut être assimilé au partitionnement dynamique. Dans ce cadre précis du partitionnement dynamique en fonction de la variation de la charge, des travaux réçents, Schism [5] et Sword [13], ont été faits. Dans ces travaux, les auteurs utilisent des algorithmes de partitionnement de graphes (hyper-graphe dans le cas de Sword) pour trouver un placement dynamique des données qui limite le nombre de transactions distribuées. Leur objectif n'est pas seulement de réduire le nombre de transactions distribuées mais aussi et avant tout de répartir la charge parmi les différents nœuds en replaçant les partitions. Il n'ont pas une contrainte de temps de réponse borné et l'économie des ressources engagées n'est pas traitée. L'application d'un workload tel que le nôtre au système Schism pourrait le rendrait non performante dans la mesure où les transactions distribuées ne seront pas si souvent évitées puisque leur stratégie de calcul de replacement des partitions n'est pas rapide et est inappropriée à de fréquentes variations. Dans Sword, les auteurs ont tenté de réduire ce déficit en proposant un partitionnement incrémental qui procède à des migrations dès que le taux de transactions distribuées devient supérieur à un seuil.

6. Conclusion

Nous proposons dans cet article d'exploiter la structure sociale des médias sociaux pour faire face aux charges de travail fortes et transitoires. Notre solution surveille les niveaux de charge sur la couche base de données et identifie les données chaudes qui sont les sources des pics de charge quand une surcharge arrive. Il s'en suit alors une résolution de la surcharge en migrant les données entre nœuds DB pour faire de l'équilibrage de charge. Cet équilibrage tient compte du regroupement des données afin de laisser toujours compacts les groupes d'utilisateurs du réseaux social. Nous avons fait une première validation de notre approche par simulation avec un jeu de données synthétique.

Nos travaux, très prochains, portent sur l'implémentation de notre solution sur un environnement réel avec une charge de travail plus réaliste. Pour ce faire, nous expérimenterons notre solution sur un environnement cloud et planifions d'utiliser le système de benchmark LinkBench [1] pour l'évaluation des performances.

7. Bibliographie

[1] TIMOTHY G. AMSTRONG, VAMSI PONNEKANTI, DHRUUBA BORTHAKUR, MARK CALLAGHAN.« LinkBench : a database benchmark based on the Facebook social graph », *Intl Conf. on Management of Data (SIGMOD)*, 2013, pp.1185-1196

[2] FORTUNATO SANTO.« Community detection in graphs », *Physics Reports*, vol. 486, n° 3-5, 2010, pp. 75-174.

[3] NEWMAN M. E. J..« Fast algorithm for detecting community structure in networks »,*Physical Review E*, vol. 69, n° 6, 2004, pp. 66-133.

[4] J. MILLER MCPHERSON, JAMES R RANGER-MOORE.« Evolution on a Dancing Landscape : Organizations and Networks in Dynamic Blau Space »,*Social Forces*, vol. 70, 1991, pp. 19-42.

[5] M. DANISCH, J. GUILLAUME, B. LE GRAND.« Towards multi-ego-centered communities : a node similarity approach »,*Int. Journal of Web Based Communities*, 2012.

[6] C. CURINO, E. P. JONES, S. MADDEN, H. BALAKRISHNAN.« Workload-aware database monitoring and consolidation »,*Intl Conf. on Management of Data (SIGMOD)*, 2011, pp.313-324.

[7] A. J. ELMORE, S. DAS, D. AGRAWAL, A. EL ABBADI.« Zephyr : Live migration in shared nothing database for elastic cloud platforms »,*Intl Conf. on Management of Data (SIGMOD)*, 2011, pp.313-324.

[8] B. SEAN KENNETH, C. YUN, M. HYUN JIN, H. AKAN, J. S. PRASHANT.« 'cut me some slack' : latency-aware live migration for databases. », *Intl Conf. on Extending Database Technology (EDBT)*, 2012, pp.432-443.

[5] CARLO CURINO, EVAN JONES, YANG ZHANG, SAMUEL MADDEN. « Schism : a workload-driven approach to database replication and partitioning », *VLDB Endow.*, vol. 3, 2010, pp. 48-57.

[10] J. SCHAFFNER, T. JANUSCHOWSKI, M. KERCHER, T. KRASKA, H. PLATTNER, M.J.FRANKLIN, D. JACOBS.« Rtp : robust tenant placement for elastic in-memory database clusters. », *Intl Conf. on Management of Data (SIGMOD)*, 2013, pp.773-784.

[11] B. JASMA, R. NEDUNCHEZHIAN, « A hybrid policy for fault tolerant load balancing in grid computing environments. », *Journal of Network and Computer Applications*, 2012, pp.412-422.

[12] A. M. NAKAI, E. MADEIRA, L. E. BUZATO, « Load balancing for internet distributed services using limited redirection rates. », *IEEE Latin-American Symposium on Dependable Computing (LADC)*, 2011, pp.156-165.

[13] Q. ABDUL, K. KUMAR, A. DESHPANDE, « Scalable workload- aware data placement for transactional workloads. », *Intl. Conf. on Extending Database Technology (EDBT)*, 2013.

[14] J. K. NIDHI, C. INDEVEER, « Cloud load balancing techniques : A step towards green computing. », *Intl. Journal of Computer Sciences Issues (IJCSI)*, vol. 9, n° 1, 2012.

[15] I. GUEYE, I. SARR, H. NAACKE, « Exploiting the social structure of online media to face transient heavy workload. », *Intl. Conf. on Advances in Databases, Knowledge, and Data Applications (DBKDA)*, IARIA 2014, pp. 51–58.

[16] A. THOMSON, T. DIAMOND, S. WENG, K. REN, P. SHAO, D. J. ABADI, « Calvin : Fast Distributed Transactions for Partitioned Database Systems. », *In Proceedings of SIGMOD*, 2012.

[17] CARLO CURINO, EVAN JONES, RALUCA ADA POPA, NIRMESH MALVIYA, EUGENE WU, SAMUEL MADDEN, HARI BALAKRISHNAN, NICKOLAI ZELDOVICH, « Relational Cloud : A Database Service for the Cloud. », *Conf. on Innovative Data Systems Research (CIDR)*, 2011, pp. 235-240.

[18] SUDIPTO DAS, DIVYAKANT AGRAWAL, AMR EL ABBADI.« ElasTraS : An elastic, scalable, and self-managing transactional database for the cloud »,*ACM Trans. Database Syst.*, vol. 38, n° 1, 2013, pp. 5–45.

[19] HOANG TAM VO, CHUN CHEN, BENG CHIN OOI.« Towards elastic transactional cloud storage with range query support »,*VLDB Endow.*,vol. 3, , 2010, pp. 506–5014.

Annexe H: Détection des pics de charge

H.1. Définitions

nous considérons un ensemble de $\mathcal{N}$ nœuds. Chaque nœud $N_k \in \mathcal{N}$ est une machine (virtuelle) qui gère la base de données DB_k. Chaque nœud DB_k stocke un ensemble de partitions, p_i^k dénotant la partition i de la base de données k. Pendant son fonctionnement, un nœud DB exécute les transactions entrantes en séquence. Soit ω la dernière fenêtre d'observation, exprimée en secondes. Chaque nœud DB enregistre dans un log les demandes transactionnelles qui arrivent : $T_\omega(p_i^k)$ est l'ensemble des transactions qui demandent un accès à la partition p_i^k, aussi bien celles terminées que celles en cours ou en attente pendant ω. Ce log informe sur le temps moyen d'exécution et le temps d'attente de chaque transaction. Pour quantifier la charge du nœud, nous agrégeons les informations récentes du log. Soit $RT_\omega(p_i^k)$ la somme des temps d'exécution et d'attente de toutes les transactions dans $T_\omega(p_i^k)$.

Nous définissons $load(p_i^k)$ comme étant la charge moyenne de p_i^k sur ω telle que :

$$load(p_i^k) = \frac{RT_\omega(p_i^k)}{\mid \omega \mid} \tag{2}$$

Puisque qu'un nœud DB node peut stocker plusieurs partitions en fonction de ses capacités de stockage, nous définissons la charge d'un nœud DB comme la somme des charges de toutes les partitions sous son contrôle. Formellement, la charge d'un DB_k ayant n partition est :

$$load(DB_k) = \sum_{i=1}^{n} load(p_i^k) \mid p_i^k \in DB_k \tag{3}$$

Soit τ_k le temps nécessaire pour traiter un transaction sur le DB_k. soit rt_k le temps de réponse transactionnel observé (incluant le temps d'attente). La charge $load(DB_k)$ peut être considérée comme un facteur de pénalité qui impacte rt_k comme suit :
$rt_k = \tau_k.load(DB_k)$

H.2. Détection des pics

Nous définissons les conditions de stabilité de chaque nœud DB. Conditions sous lesquelles ce DB n'est ni surchargé ni sous-chargé. Plus précisément, nous attendons que chaque transaction soit exécuté en un temps borné. Soit T_{max} le temps de réponse maximal attendu pour une transaction. Pour chaque nœud DB, nous devons avoir $rt_k \leq T_{max}$, c'est-à-dire que la condition suivante doit être vérifiée :

$$load(DB_k) \leq \frac{T_{max}}{\tau_k} \tag{4}$$

Inversement, un nœud DB est considéré comme sous-chargé s'il reste en veille (aucun traitement transactionnel). Ainsi, toutnœud DB doit satisfaire la condition suivante :

$$load(DB_k) > 0 \tag{5}$$

Un nœud est détecté comme surchargé (resp. en veille) si la condition 4 (resp. 5) n'est pas satisfaite pendant une période de temps $\omega_{overload}$ (resp. ω_{idle}). Il faut noter que T_{max} aussi bien que la taille de fenêtre de temps $\omega_{overload}$ et ω_{idle}, sont des indicateurs d'indice de performances. T_{max} peut être fixé en se basant sur le SLA du fournisseur de cloud, tandis que les valeurs de ω seront ajustées afin de prendre des décisions précises.

H.3. Identification de l'origine des pics

Un pic de charge apparaît sur un nœud DB si une ou plusieurs partitions sont surchargées, ce qui provoque un temps de réponse plus important. En ayant ceci en tête, trouver l'origine des pics peut intuitivement être résumé comme une identification d'un ensemble suffisant de partitions, avec les plus grandes valeurs de charge, de sorte que le cumul de ces charges corresponde au surplus de charge Δ_{load} defini comme suit :

$\Delta load_k = load(DB_k) - \frac{T_{max}}{\tau_k}$

Pour chaque nœud DB_k, nous trions l'ensemble des partitions $\{p_k^i\}$ selon leurs charges $load(p_i^k)$ décroissantes. Puis, nous déterminons un sous ensemble M_k de $\{p_i^k\}$ tel que :

$\sum_{p_i^k \in M_k} load(p_i^k) \geq \Delta load_k$

Notons que la taille de M_k est minimale puisque M_k contient les $\{p_i^k\}$ les plus chargées. Ceci nous permettra de réduire davantage le nombre de partitions à faire migrer. Par la suite, nous migrons de manière itérative les partitions dans M_k, pour ramener DB_k à un niveau de charge normal.

Combining Fuzzy Sets and Possibility Distribution for Anomaly Detection

Joseph NDONG

Department of Mathematics and Computer Science
University Cheikh Anta Diop of Dakar
Dakar-Sénégal
joseph.ndong@ucad.edu.sn

RÉSUMÉ. Ce papier présente une méthode de détection d'anomalies basée sur une méthode robuste de clustering. L'analyse montre que l'ACP et le filtre Kalman, combinés peuvent constituer une base solide pour construire un processus de décision en utilisant les ensembles flous et la théorie des possibilités. L'ACP est utilisée pour estimer les paramétres d'un modéle á espace etats. Ce modéle est soumis á un filtre de Kalman pour construire une variable de décision. On applique une méthode de classification non supervisée á cette derniére pour enfin appliquer la théorie des possibilités afin de détection les anomalies. Les résultats sont dressés á l'aide de courbes ROC.

ABSTRACT. This paper presents an approach for anomaly detection, based on fuzzy sets for robust clustering. The analysis shows that combining subspace identification algorithms and Kalman filtering techniques, could be a good basis to find a suitable model to build a decision variable. A robust algorithm based on fuzzy sets is thereafter derived to clustering the decision variable into a few number of classes where anomalous events might happen. We first calibrate a predictive model using model based PCA to learn the state parameters of a state space dynamical linear model. Thereafter a unidimensional decision variable can be obtained by applying a convenient transformation over a multidimensional process as innovation (residual) output of a calibrated Kalman filter. We will show that probability-possibility transformations can be applied (to this decision variable after applying unsupervised fuzzy clustering method) to build the normal behavioral model and to decide when anomalies happen. We had studied the false alarm rate *vs.* detection rate trade-off by means of the Receiver Operating Characteristic (ROC) curve to show the results.

MOTS-CLÉS : Détection d'anomalies, ensemble flous, théorie des possibilités, ACP, filtre de Kalman

KEYWORDS : Anomaly detection, fuzzy sets, possibility theory, PCA, Kalman filter

1. Introduction

The literature is full of studies related to anomaly detection where clustering is an important part of the underlying technique. Typically the clustering operation can be done with semi-supervised or unsupervised techniques, all of them using statistical and probabilistic approaches. Generally these techniques attributes to each data point a probability showing that the data follows typically in a given cluster. Recently, techniques which rely on fuzzy set and fuzzy logic arise giving the possibility to attribute to each data point a membership rate. This quantity consists of a degree of possibility of the data point inside each cluster. This clustering seems to be more reliable since, generally, the clusters may not be totally disjoint. A data point may be in several clusters at the same time with a certain level of membership. This work focus mainly on fuzzy set which makes possible the enforcement of the clustering step. We show that one must couple statistical clustering method with fuzzy clustering technique to achieve a more robust modeling system.

When building an anomaly detector, generally the system under study produces noisy measurements. So the initial challenge to make the detector suitable is related to an entropy reduction for the purpose of noise reduction. Thereafter a decision variable could be derived. The entropy reduction is achieved through the use of a model of normal behaviour of the system under monitoring resulting in a prediction error signal that has a much smaller entropy than the initial signal. The decision variable is thereafter derived as a function of the prediction error and fed to the decision stage. In the decision stage a test is applied to the decision variable and an anomaly is detected if this test reject the hypothesis that the prediction error is compatible with a normal activity of the system.

The literature of the recent years in network anomaly detection has reported two fundamental classes of monitoring techniques to implement anomaly detection : PCA based and Kalman filter based methods. In PCA based method, [6], the predictive model used in the entropy reduction step is built by using a projection in a *low* dimensional orthogonal sub-space that minimizes the approximation error. This subspace is derived using Principal Component Analysis (PCA). The decision variable in PCA based techniques is obtained as a *square sum of the prediction errors* made by projecting the observed signal in the PCA defined subspace ; (see [7, 8] for a detailed description of PCA based techniques).

Kalman filter based techniques first calibrate a Maximum-Likelihood based model for normal behavior modelling for the entropy reduction step. Thereafter the decision variable is obtained as the innovation process at the output of a Kalman filter that filters the normal behavior component from network observations. We refer the reader to [9, 10, 11] for a precise description of this class of model.

PCA approach,[7, 14] provides a very good model of normal behavior with strong differentiation with abnormal behavior, but it is weaken by its high sensitivity to non-stationarity and parameter settings. Whereas Kalman filtering approach is inherently more robust to some level of non stationarity in the data because of its feedback structure. However, the main weakness in the approach proposed initially in [9] is, with the Maximum Likelihood estimation that fails in capturing the essential properties of the normal behavior. The previous analysis lead us to believe that combining a PCA based normal model with Kalman Filtering step, can be a good basis for building a suitable decision variable where possibilistic test could be applied for anomaly detection. In this work, we will show that *subspace identification* algorithm can be used in combination of a Kalman filter to

build the decision variable. Thereafter, we will train a model of probability-possibility transformations in order to build a robust decision scheme.

In this work, the main results is about building an anomaly detector based *unsupervised clustering* with fuzzy sets. If we assumed that, generally, anomalies might be rare, one can build a *few* number of clusters and try to find them in some of these classes. There are two major information which seem to be relevant for detecting true anomalous events, and which we want to exploit, to build a robust anomaly detector. One can determine clearly the probability of a data sample being distributed in the different clusters, but we have no idea of the probability of generating the clusters themselves. Thus, using possibilities [1] to estimate the degree a cluster can be seen as "possible", should be a great interest for anomaly detection. Thus we follow [3] to characterize the (a priori unknown) probabilities of a set of clusters by *simultaneous confidence intervals* with a given confidence level $1-\alpha$. Thereafter these intervals will be used to calculate possibility distributions for each cluster. This operation will have the ability to separate the different classes into normal and abnormal sub spaces. It will be at the same time, necessary to retrieve the possibility distributions for the data sample to recover a critical value of the possibility (which we will use to determine the normal and abnormal spaces).

The organization of this paper is as follows. Section 2 deals with the methodology we adopt in our anomaly detection scheme. In section 3, we validate our approach by showing efficient results. Section 4 concludes our work and fix some ideas for future study.

2. Normal behavior modeling

As described in the introduction, the entropy reduction step of anomaly detectors is generally built using a normal behavior model. As network traffic is a dynamical signal, one would like to build a dynamical normal behavior model. A classical approach to model dynamical signal is using Linear Time Invariant State-Space (LTISS) model, representing input-output multivariate data sequences, as shown in the following difference equations :

$$\left\{ \begin{array}{l} x_{t+1}=Ax_t + Bu_t + w_t \\ y_t \ =Cx_t + Du_t + v_t \end{array} \right. \tag{1}$$

In Eq. 1, the system state x_t, the measurable output y_t and the input u_t are multidimensional vectors of appropriate dimensions. The system is assumed to be excited by a measurable input u_t and an unknown process noise and the measurements are disturbed by unknown measurement noise. In this work, the deterministic input vector u_t is *generated and precisely known* and we considered this signal as a zero-mean white noise with variance one. The model contains two equations : the first describes the dynamic of state variations and the second one the observation of the signal obtained through measurements. The system matrix A describes the dynamic of the system (as completely characterized by its eigenvalues) ; C is the output matrix, which describes how the internal state is transferred to the outside world in the measurements y_t. The LTISS model assumes that observations might be linear combination of state variables instead of the states themselves. The unmeasurable i.i.d random variables w_t accounts for intrinsic noise in the state variation as well as modelling errors ; while v_t represents measurement errors. Both noise processes are assumed to be uncorrelated zero-mean gaussian white-noise processes with co-variance matrices $cov(w_t) = Q$ and $cov(v_t) = R$, respectively. The input signal and the process noise are assumed to be statistically independent.

In the forthcoming we assume that $x(t) \in \mathbb{R}^N$, $u(t) \in \mathbb{R}^P$ and $y(t) \in \mathbb{R}^M$. This results in $A_{N\times N}, B_{N\times P}, Q_{N\times N}, C_{M\times N}, D_{M\times P}, R_{M\times M}$ matrices.

2.1. Building the Decision Variable

Calibrating a normal behavior model boils down into finding the values (A, B, C, D) and (Q, R) that fit better a learning set containing signals gathered over a period were no anomalies have happened. In [9], a calibration approach based on Maximum Likelihood (ML) was proposed and implemented. Two variants were proposed. One assuming that the matrix Q is diagonal, *i.e.* the elements of w_t are uncorrelated and obtaining the dynamical system matrix A as a multi-linear regression, and a second approach based on EM (Expectation Maximization) algorithm, that is not making any assumption on the structure of Q. However as introduced before, the ML approach, besides classical problems with EM algorithms like local minima, *etc.* is instable because of overlearning.

As described in the introduction, we aim in this paper to use PCA to build the normal behavior model. Mapping PCA to LTISS model is not straightforward. In [7], we explained that the PCA expansion is a tool for creating an equivalent (in probability) and suitable representation of vector of stochastic processes. By neglecting some dimensions in the PCA, we derive an approximation $\hat{x}(t)$ of a given signal $x(t)$ that has a noteworthy optimality property : among all approximations defined over a linear space of dimension L, this is the linear approximation with the smallest approximation error variance $(var(x(t) - \hat{x}(t))$. This optimality property is the main basis for the PCA based derivation of the normal behavior model.

To calibrate the system quantities (matrices A, B, C, D, R, Q), we follow the methodology described in [15], where *PCA subspace identification algorithms* are presented to be a valuable tool to identify the state state parameters. Subspace algorithms have the ability to provide accurate state space models for multivariate linear systems and to retrieve system related matrices as subspaces of projected data matrices. This means that the Kalman filter states can be recovered from the given input-output data. The identification problem is essentially characterized by the extraction of these matrices from input-output data, by using QR factorization and singular value decomposition. In this work, we use the subspace identification algorithms based on Multivariable Output-Error State Space (MOESP) approach. For the sake of place, we refer the reader to our previous work [23] for more details to implement the MOESP algorithm.

After finding the above matrices by calibrating a predictive model by means of PCA, the model described by Eq. 1 is re-used, and we perform Ã Maximum Likelihood using a Kalman filter, in order to build the *decision variable* using the multi-dimensional innovation process obtained as output of the Kalman filter. The ***one-dimensional*** decision variable process is obtained by applying the formulas : $e_{new}(t) = e(t)^T V e(t)$, where the matrix V (obtained as output of the Kalman filter) is the inverse of the **variance** of the multi-dimensional innovation process $e(t)$, T denotes the transpose.

The Maximum Likelihood framework can be built by running the *predictor-corrector* iterative algorithm using two steps : *prediction* comes in the *time update* phase, and *correction* in the *measurement update* phase. Due to lack of space, we do not put in the text the different equations related to these two steps of the Kalman filter. The reader can find useful information in [10, 11, 19].

2.2. Normal Behavior Model

We aim in this paper to learn residuals (i.e., the innovation process as output of the Kalman filter) for anomaly detection. Generally, it is assumed that the Kalman residual is a zero mean white gaussian noise. But it is often false to consider this assertion as a whole property of this process. In place, we are assuming that the real distribution of the innovation process is a mixture of normal distributions. We can simply calibrate a gaussian mixture model (GMM), to organize the data in few number of clusters (i.e gaussian components). For the calibration of the GMM model, we adopt the following method to find the best number of clusters. We consider P partitions with different number of clusters $K \in \{2, 3, \ldots, P\}$. Since each GMM model is characterized by the mean, prior and variance vectors, the best partition is simply the one with the lowest variance vector. Thereafter, we suppose that anomalies might then appear is some of these gaussian components, and if one can carefully extract the potentially "abnormal" clusters (the remaining being labelled as "normal"), one can apply a possibilistic test to detect the anomalous events. We will see in this work that this aim can be achieved via the use of possibility distributions and fuzzy sets. The calibration of this GMM (by the EM (Expectation Maximization) algorithm is fully described in our work referenced in [21].

2.2.1. Robust Fuzzy set clustering

After building K clusters with the GMM calibrated above, we will now associate to each of them a *membership rate* that follows a gaussian shape, and which is defined using the cluster *mean* and *variance*. The cluster membership rate define the *normalcy level* of a data sample (i.e., here the decision variable). The membership function attribute to each data point a score (a number in the interval $[0\ 1]$) which measures the degree of that data point belonging in the K clusters. So, from the K GMM-clusters, we build K fuzzy-clusters. The membership function for cluster c_i is given in the following equation :

$$\mu_i(x) = exp\left(-\frac{d(x, c_i)^2}{2\sigma_i^2}\right) \tag{2}$$

where $d(x, c_i)$ denotes the euclidean distance from data sample x to the cluster center c_i, σ_i is the variance of c_i. In this way, a data point x_j (from sample x) belongs to each cluster c_i with a certain degree of membership. Thereafter, we can use a defuzzification technique, to determine the final cluster that each data-point in x belongs to. Here, we have used the *max*-defuzzification (i.e. the *or* operator) witch classifies the data with the highest membership value. So, each fuzzy-cluster is determined using the following equation :

$$\mu_{final}(x) = max\left\{\mu_i(x) | \forall i = 1, 2, ...K\right\} \tag{3}$$

We hope now to find the normal space, i.e. the clusters which we will label as normal, so the remaining will be considered as abnormal and then, a decision process can be applied to them to detect anomalies. We will describe how to separate the different clusters into normal and abnormal subspaces in the following section.

2.2.2. Using possibility theory to build normal space

Our aim here is to build the normal sub space by means of possibility distributions. One can do some transformations from probabilities to compute possibilities. In particular, Dubois and Prade' s procedure, [1, 2, 24], produces the most specific possibility distribution among the ones dominating a given probability distribution. In this paper, this method is generalized to the case where the probabilities (of generating the clusters)

are unknown. We assume the above fuzzy clusters have been generated from an unknown probability distribution. It is proposed to characterize the probabilities of the different clusters by *simultaneous confidence intervals* with a given confidence level $1-\alpha$. From this imprecise specification, a procedure for constructing a possibility distribution for each cluster is described, insuring that the resulting possibility distribution will dominate the true probability distribution in at least $100(1-\alpha)$ of the cases.

In the following, we use the parameter vector $p = (p_1, p_2, \ldots, p_K)$ of probabilities to characterize the unknown probability distribution of a random variable X on the set of fuzzy clusters $\Omega = \{\omega_1, \ldots., \omega_K\}$. Let n_k denotes the number of observations of cluster k in a sample of size N. Then, the random vector $n = (n_1, \ldots, n_K)$ can be considered as a *multinomial* distribution with parameter p. A confidence region for p at level $1-\alpha$ can be computed using *simultaneous confidence intervals* as described in [3]. Such a confidence region can be considered as a set of probability distributions.

Since we do not know the probabilities p, we aim to build *confidence intervals* for each of the cluster c_i. In interval estimation, a scalar population parameter is typically estimated as a range of possible values, namely a confidence interval, with a given confidence level $1-\alpha$. To construct confidence intervals for multinomial proportions, it is possible to find simultaneous confidence intervals with a joint confidence level $1-\alpha$. The method attempts to find a confidence region $\mathcal{C}_n$ in the parameter space $p = (p_1, \ldots, p_K) \in [0;1]^K | \sum_{i=1}^{K} p_i = 1$ as the Cartesian product of K intervals $[p_1^-, p_1^+] \times \ldots \times [p_K^-, p_K^+]$. And following the procedure detailed in Appendix A, we can take the distribution of the cluster c_i dominating all the distributions π^{σ_u} :

$$\pi_i = \max_{u=1,L} \pi_i^{\sigma_u} \qquad \forall i \in \{1, \ldots, K\} \tag{4}$$

A cluster will now considered as normal if its possibility distribution satisfies :

$$\pi_i \geq \pi_{normal}, \tag{5}$$

The remaining set of clusters are then ranged in subspace potentially suspicious. And our attention will be placed in this subspace for anomaly detection.

To find the possibility distribution π_{normal}, it is necessary to calculate a second kind of possibility distribution related to the data x_t inside the cluster. To do this, we use the *a posteriori* probability of each gaussian component i generated by the GMM, defined by (see [22]) :

$$p_i = \Pr(i|x_t, \lambda) = \frac{\omega_i g(x_t|\mu_i, \sum_i)}{\sum_{n=1}^{K} \omega_n g(x_t|\mu_n, \sum_n)} \tag{6}$$

which gives us, for each data sample x_t the probability distribution $p = (p_1, p_2, \ldots, p_K)$ (we have used the same notation p as above for the characterization of the probability distributions of clusters). For each data point the constraints $\sum_{i=1}^{K} p_i = 1$ is always obtained from Eq. 6. We can use the following equation to calculate the possibility distribution of each data point x_t of the sample $x = (x_1, x_2, \ldots, x_k)$.

$$\pi_i = \max_{u=1,L} \sum_{\{j|\sigma_u^{-1}(j) \leq \sigma_u^{-1}(i)\}} p_j \tag{7}$$

We obtain a matrix $\pi_K^N$of dimension $K \times N$. We take the **max** for each column (each column containing the possibility distribution for data point x_t). Then we obtain a second matrix π_1^N and finally :

$$\pi_{normal} = max(\pi_1^N) \tag{8}$$

3. Model Evaluation

3.1. Experimental data : Abilene and SWITCH networks

In this work, we used a collection of data coming from the Abilene network. The Abilene backbone has 11 Points of Presence(PoP) and spans the continental US. The data from this network was collected from every PoP at the granularity of IP level flows. The Abilene backbone is composed of Juniper routers whose traffic sampling feature was enabled. Of all the packets entering a router, 1% are sampled at random. Sampled packets are aggregated at the 5-tuple IP-flow level and aggregated into intervals of 10 minute bins. The raw IP flow level data is converted into a PoP-to-PoP level matrix using the procedure described in [6]. Since the Abilene backbone has 11 PoPs, this yields a traffic matrix with 121 OD (Origin-Destination) flows. Each traffic matrix element corresponds to a single OD flow, however, for each OD flow we have a seven week long time series depicting the evolution (in 10 minute bin increments) of that flow over the measurement period. All the OD flows have traversed 41 links. Synthetic anomalies are injected into the OD flows by the methods described in [6], and this resulted in 97 detected anomalies in the OD flows. The anomalies injected in the Abilene data are small and high *synthetic volume anomalies*. We used exactly the same Abilene data as in [13]. So for a full view on how the **ground-truth** is obtained (based on EWMA and Fourier algorithms) , we refer the reader to [13].

3.2. Validation

To validate our approach, we first run the MOESP algorithm to find the LTISS parameters and thereafter we perform a Kalman filter [21], to build the *unidimensional decision variable*. As a second step, we calibrate a gaussian mixture model [21], for the purpose of clustering. The use of gaussian mixture models seems to be relevant if we assume that the Kalman innovation process is a set of normal distributions, instead of a simple uncorrelated gaussian white noise. To calibrate the GMM model, we adopt the following method to find the best number of clusters. We consider 8 partitions with different number of clusters $K \in \{2, 3, \ldots, 9\}$. Since each GMM model is characterized by the mean, prior and variance vectors, the best partition is simply the one with the lowest variance vector. A *Maximum A Posteriori*(MAP) criterion must be applied to the gaussian components (we have found $K = 3$ clusters, the length of the decision variable is $N = 1008$) in order to calculate the a posteriori probabilities defined in Eq. (6).

In table 1, we show, for each cluster and for different values of α, the interval-valued probability distributions, computed from Eq. (18) and the corresponding possibility distributions, computed from Eq. (4). One cluster is classified as normal and the remaining two others form the abnormal subspace. It is interesting to observe that the length of the normal cluster is always the highest, and contains most of the data. This seams to be the normal situation in anomaly detection, since anomalies might be rare and might appear in some clusters with few data.

The rest of the computations accounts for the calculations of the membership functions to known the data point belonging to each fuzzy-cluster. In table 2, we show the probability distributions (for each data point of the sample x) obtained via Eq. (6), and the corresponding possibility distributions performed via Eq. (7). At this point, we can easily derive the critical possibility distribution π_{normal} which is used to determine the normal clusters and the abnormal ones. The table is truncated because $N = 1008$, and it shows that there's for each data point a cluster for which the possibility distribution is equal to 1. Then we obtain $\pi_{normal} = 1$ if we apply Eq. (8). Finally, a cluster will be considered as normal if $\pi_i \geq 1$ as defined in Eq.(5). Note that the highest value the distribution can gain is 1 (by definition). So a cluster is labelled as normal if $\pi_i = 1$. Now, if one applies Eq. (4), he/she obtains the vector $\{1.0000; 0.0595; 0.0465\}$ (as shown in Table 1, case where $\alpha = 0.05$) corresponding respectively to the possibility distribution of generating the cluster #1, #2 and #3 in that order. Finally, it becomes clear that, only the cluster #1 defines the normal behavior and clusters #2 and #3 are in the abnormal space. Note that, an abnormal cluster does not mean that all the data points belonging to it are anomalies. That's way in order to find true anomalies, one have to extract these suspicious clusters (here #2 and #3) and apply a threshold (to the values of the decision variable) to detect the anomalous events. We manually set the value of this threshold to be the mean of the decision variable.

We have chosen in this work, as a criterion of performance, to analyze the trade-off between the false positive rate (FPR) and the detection rate (DR). The results are shown in the ROC curve in figure Fig. 1. The method shows that we can achieve a DR of 100% with a FPR equal to 0.054.

Tableau 1. *Interval-valued probabilities, possibility distributions, and length of each cluster after applying the membership functions.*

cluster i	1	2	3	α
p_i^-	0.7215	0.0001	0.1992	0.01
p_i^+	0.7999	0.0103	0.2775	
π_i^S	**1.0000**	*0.0103*	*0.2785*	
Length cluster i	**769**	*19*	*220*	
cluster i	1	2	3	α
p_i^-	0.0424	0.9167	0.0018	0.05
p_i^+	0.0777	0.9534	0.0137	
π_i^S	**1.0000**	*0.0595*	*0.0465*	
Length cluster i	**936**	*50*	*22*	

4. Conclusion

In this work, we have shown the effectiveness and robustness of using fuzzy sets for the purpose of anomaly detection. The robustness of the approach is achieved, in part, by the use of subspace identification algorithms and Kalman filtering technique, in order to build a unidimensional decision variable from multidimensional data set. Moreover, the great innovation in this paper is the use of possibility distributions to find the normal behavioral model, (by means of simple transformations from probability distributions)

Tableau 2. *Probabilities distributions of the data sample and corresponding possibility distributions,* ($\alpha = 0.05$).

time t	1	2	3	...	1007	1008
probability distributions						
$cluster1$	0.0353	0.9995	0.1582	...	0.3908	0.1805
$cluster2$	0.9647	0.0004	0.0001	...	0.0001	0.0001
$cluster3$	0.0000	0.0001	0.8417	...	0.6091	0.8194
possibility distributions						
$cluster1$	0.0353	**1.0000**	0.1583	...	0.3909	0.1806
$cluster2$	**1.0000**	0.0005	0.0001	...	0.0001	0.0001
$cluster3$	0.0000	0.0001	**1.0000**	...	**1.0000**	**1.0000**

allowing us to extract the anomaly space. Another benefit of the solution can be found in the simplicity of the all procedure and the low complexity making easy to implement the algorithm. It seems the main drawback of this work comes from the fact that the final decision process is based on applying manual thresholding. This problem will thus limit the applicability of the solution to dynamic systems. It will be of interest to search for more convenient technique, to automatically and dynamically adjust this threshold. We will try to address this issue soon.

Appendix A : Inferring possibility distribution from probability distribution

A consistency principle between probability and possibility was first stated by Zadeh, [4] in an unformal way : "*what is probable should be possible*". This requirement is translated via the inequality :

$$P(A) \leq \Pi(A) \qquad \forall A \subseteq \Omega \tag{9}$$

where P and Π are, respectively, a probability and a possibility measure on a domain $\Omega = \{\omega_1, \ldots, \omega_K\}$. In this case Π is said to dominate P. Transforming a probability measure into a possibilistic one then amounts to choosing a possibility measure in the set $\Im(P)$

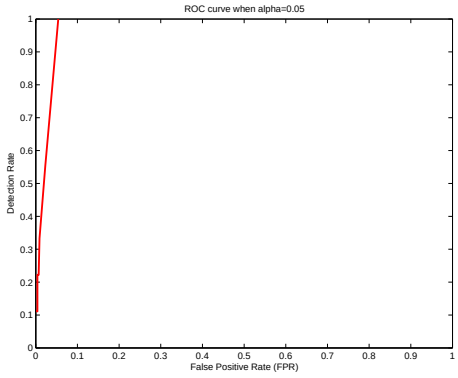


Figure 1. *ROC curve using Abilene data when* $\alpha = 0.05$.

of possibility measures dominating P. This should be done, by adding a strong order preservation constraint, which ensures the preservation of the shape of the distribution :

$$p_i < p_j \Leftrightarrow \pi_i < \pi_j \qquad \forall i, j \in \{1, \ldots, K\}, \tag{10}$$

where $p_i = P(\{\omega_i\})$ and $\pi_i = \Pi(\{\omega_i\}), \forall i \in \{1, \ldots, K\}$. It is possible to search for the most specific possibility distribution verifying (9) and (10) (a possibility distribution π is more specific than $\pi^{'}$ if $\pi \leq \pi^{'}, \forall i$). The solution of this problem exists, is unique and can be described as follows. One can define a strict partial order P on Ω represented by a set of compatible linear extensions $\Lambda(\mathsf{P}) = \{l_u, u = 1, L\}$. To each possible linear order l_u , one can associate a permutation σ_u of the set $\{1, \ldots, K\}$ such that :

$$\sigma_u(i) < \sigma_u(j) \Leftrightarrow (\omega_{\sigma_u(i)}, \omega_{\sigma_u(j)}) \in l_u, \tag{11}$$

The most specific possibility distribution, compatible with $p = (p_1, p_2, \ldots, p_K)$ is given by the expression (see Appendix A for more details) :

$$\pi_i = \max_{u=1,L} \sum_{\{j | \sigma_u^{-1}(j) \leq \sigma_u^{-1}(i)\}} p_j \tag{12}$$

The permutation σ is a bijection and the reverse transformation σ^{-1} gives the rank of each p_i in the list of the probabilities sorted in the ascending order. The number of permutations (L) depends on the duplicated p_i in p. It is equal to 1 if there is no duplicate p_i, $\forall i$ and for this case P is a *strict linear order* on Ω.

In the case of searching possibilities for the clusters, we do not know the probabilities p, and then we aim to build *confidence intervals* for each of the cluster c_i. In interval estimation, a scalar population parameter is typically estimated as a range of possible values, namely a confidence interval, with a given confidence level $1 - \alpha$. To construct confidence intervals for multinomial proportions, it is possible to find simultaneous confidence intervals with a joint confidence level $1 - \alpha$. The method attempts to find a confidence region $\mathcal{C}_n$ in the parameter space $p = (p_1, \ldots, p_K) \in [0; 1]^K | \sum_{i=1}^{K} p_i = 1$ as the Cartesian product of K intervals$[p_1^-, p_1^+] \times \ldots \times [p_K^-, p_K^+]$ such that we can estimate the coverage probability with :

$$\mathbb{P}(p \in \mathcal{C}_n) \geq 1 - \alpha \tag{13}$$

At this moment, we can use the Goodman, [5] formulation in a series of derivations to solve the problem of constructing the simultaneous confidence intervals. Let

$$A = \chi^2(1 - \alpha/K, 1) + N \tag{14}$$

where $\chi^2(1-\alpha/K, 1)$ denotes the quantile of order $1-\alpha/K$ of the chi-square distribution with one degree of freedom, and $N = \sum_{i=1}^{K} n_i$, denotes the size of the sample. We have also the following quantities :

$$B_i = \chi^2(1 - \alpha/K, 1) + 2n_i, \tag{15}$$

$$C_i = \frac{n_i^2}{N}, \tag{16}$$

$$\Delta_i = B_i^2 - 4AC_i, \tag{17}$$

Finally, the bounds of the confidence intervals are defined as follows :

$$[p_i^-, p_i^+] = \left[\frac{B_i - \Delta_i^{\frac{1}{2}}}{2A}, \frac{B_i + \Delta_i^{\frac{1}{2}}}{2A}\right] \tag{18}$$

It is now possible, based on these above interval-valued probabilities, to compute the most possibility distributions (degrees of the different clusters) dominating any particular probability measure .Let P denotes the partial order induced by the intervals $[p_i] = [p_i^-, p_i^+]$:

$$(\omega_i, \omega_j) \in \mathsf{P} \Leftrightarrow p_i^+ < p_j^- \tag{19}$$

As explained above, this partial order may be represented by the set of its compatible linear extensions $\Lambda(\mathsf{P}) = \{l_u, u = 1, L\}$, or equivalently, by the set of the corresponding permutations$\{\sigma_u, u = 1, L\}$. Then for each possible permutation σ_u associated to each linear order in $\Lambda(\mathsf{P})$, and each cluster ω_i, we can solve the following linear program :

$$\pi_i^{\sigma_u} = \max_{p_1,\ldots,p_K} \sum_{\{j|\sigma_u^{-1}(j) \leq \sigma_u^{-1}(i)\}} p_j \tag{20}$$

under the constraints :

$$\begin{cases} \sum_{i=1}^{K} p_i = 1 \\ p_k^- \leq p_k \leq p_k^+ \qquad \forall k \in \{1, \ldots, K\} \\ p_{\sigma_u(1)} \leq p_{\sigma_u(2)} \leq \cdots \leq p_{\sigma_u(K)} \end{cases} \tag{21}$$

Finally, we can take the distribution of the cluster c_i dominating all the distributions π^{σ_u} :

$$\pi_i = \max_{u=1,L} \pi_i^{\sigma_u} \qquad \forall i \in \{1, \ldots, K\} \tag{22}$$

5. Bibliographie

[1] D. DUBOIS, H. PRADE, S. SANDRI , « On possibility/probability transformations. », *In Proceedings of the Fourth Int. Fuzzy Systems Association World Congress (IFSA 91), Brussels, Belgium*, n° pages 50-53, 1991.

[2] D. DUBOIS, H. PRADE, D. FOULLOY, L. MAURIS , « Probability-possibility transformations, triangular fuzzy sets and probabilistic inequalities », *In Proceedings in Reliable computing*, n° pages 273-297, 2004.

[3] M. MASSON, T. DENOEUX, S. SANDRI, « Inferring a possibility distribution from empirical data », *In Proceedings of the Fuzzy Sets and Systems*, n° pages 319-340, 2006.

[4] L. A. ZADEH , « Fuzzy sets as a basis for a theory of possibility », *In Proceedings of the Fuzzy Sets and Systems*, n° pages 3-28, 1978.

[5] L. A. GOODMAN , « On simultaneous confidence intervals for multinomial proportions », *Technometrics, 7(2)*, n° pages 247-254, 1965.

[6] A. LAKHINA, M. CROVELLA, C. DIOT , « Characterization of network-wide traffic anomalies », *In Proceedings of the ACM/SIGCOMM Internet Measurement Conference*, n° pages 201-206 2004.

[7] D. BRAUCKOFF, K. SALAMATIAN, M. MAY , « Applying PCA for Traffic Anomaly Detection : Problems and Solutions », *In Proceedings of the IEEE INFOCOM*, n° pages 2866-2870 2009.

[8] H. RINGBERG, A. SOULE, A. REXFORD, C. DIOT , « Sensitivity of PCA for Traffic Anomaly Detection », *In Proceedings in ACM SIGMETRICS, 2007*.

[9] K. SALAMATIAN, A. SOULE, N. TAFT, C. DIOT , « Traffic Matrix Tracking using Kalman Filters », *ACM LSNI Workshop, 2005*.

[10] K. SALAMATIAN, A. SOULE, N. TAFT, C. DIOT , « Combining Filtering and Statistical Methods for Anomaly Detection », *USENIX , Association, Internet Measurement Conference*, n° pages 331-344, 2005.

[11] R. H. SHUMWAY, D. S. STOFFER, « Dynamic Linear Models With Switching », *Journal of the American Statistical Association, 86*, n° pages 763-769, 1992.

[12] B. ERIKSSON, P. BARFORD , R. BOWDEN, N. DUFFIELD, J. SOMMERS, M. ROUGHAN , M. BARFORD, « BasisDetect : a model-based network event detection framework », *In ACM IMC, 2010*,

[13] A. LAKHINA, M. CROVELLA , C. DIOT, « Diagnosing Network-Wide Traffic Anomalies », *In ACM SIGCOMM, 2004*,

[14] D. BRAUCKHOFF, K. SAMALATIAN , M. MAY, « Applying PCA for Traffic Anomaly Detection : Problems and Solutions », *Technical Report INFOCOM, 2009*,

[15] T. KATAYAMA, « subspace Methods for System Identification », *Springer, 2005*,

[16] M. VERHAEGEN, « Identification of the Deterministic part of MIMO State Space Models given in Innovations Form from Input-Output Data », *Journal Automatica, vol. 30 No 1*, n° pages 61-74 1994.

[17] C.P. BOTTURA, A.D.R. TAMARIZ , G. BARRETO, A.F.T. CÁCERES, « Parallel and Distributed MOESP Computational system's Modelling », *Proceedings of the 10th Mediterranean Conference, 2002*,

[18] R. H. SHUMWAY, D. S. STOFFER, « An Approach to Time Series Smoothing And Forecasting Using the EM Algorithm », *Journal of Time Series Analysis, vol.3, No 4*,

[19] T. KAILATH, A.H. SAYED , B. HASSIBI, « Linear Estimation », *Prentice Hall 2000*,

[20] D. BRAUCKHOFF, X. DIMITROPOULOS , A. WAGNER, K. SALAMATIAN, « Anomaly Extraction in Backbone Networks using Association Rules », *IMC 2009, November, Chicago, Illinois, USA*,

[21] J. NDONG, K. SALAMATIAN, « A Robust Anomaly Detection Technique Using Combined Statistical Methods », *CNSR 2011, IEEE Xplore ISBN : 978-1-4577-0040-8*,

[22] A.R. DOUGLAS, « Gaussian Mixture Models », *Encyclopedia of Biometrics* , n° pages 659-663 2009.

[23] J. NDONG, « Anomaly Detection : A Technique Using Kalman Filtering and Principal Component Analysis », *3rd Annual International Conference on Network Technologies and Communications (NTC 2012)*.

[24] D. DUBOIS, H. PRADE, S. SANDRI, « On possibility/probability transformations », *In Proceedings of the Fourth Int. Fuzzy Systems Association World Congress (IFSA 91)*, n° pages 50-53, 1991.

A distributed IDS Cloud service:

an architecture based on Pub-Sub paradigm

Maïssa MBAYE[(*)] — Cheikh BA[(*)]

[(*)]LANI (Laboratoire d'Analyse Numérique et d'Informatique)
Université Gaston Berger
BP 234, Saint-Louis, Sénégal
{maissa.mbaye, cheikh2.ba}@ugb.edu.sn

ABSTRACT. Cloud services have become increasingly popular and massively deployed over the past years. However, providing security as cloud service, accessible from outside the cloud, remains one of the most challenging research problems. A widespread solution is the adaptation or extension of existing IDS in the cloud. However, this approach was not designed to fit this kind of requirements. In this paper, we propose the use of pub-sub communication mechanism to provide a highly available and distributed IDS cloud service architecture. Our aim is to reduce intrusion detection time and increase accuracy by specializing IDS nodes in various taxonomies based attack categories. Our cloud IDS service is available from outside via web service interfaces.

RÉSUMÉ. Les services dans le Cloud ont été déployés en masse et rapidement durant la dernière décennie. Toutefois, l'offre de la sécurité comme service du cloud, accessible depuis l'extérieur, reste un des défis pour la recherche dans ce domaine. Une approche répandue consiste à adapter ou étendre des IDS existants au Cloud. Toutefois, ces systèmes n'ont pas été conçus pour fournir ce type de service. Dans ce papier, nous proposons l'utilisation du mécanisme de communication pub-sub pour fournir l'architecture d'un service IDS distribué et hautement disponible dans le cloud. Notre objectif est de réduire le temps de détection d'intrusion et accroÃ®tre la précision en spécialisant les noeuds IDS et en utilisant des taxonomies d'attaques. Ce service est accessible de l'extérieur à travers des services web.

KEYWORDS : Cloud Computing, IDS, Web Services, Pub-Sub, Computer Attack Taxonomies.

MOTS-CLÉS : Informatique en nuages, SDI, Services web, Pub-Sub, Taxonomies d'attaques.

1. Introduction

Cloud computing provides a cheaper and reliable infrastructure in which service providers may deploy applications or store data to be used by their customers. Access to the resources is granted to users by offering a client-server infrastructure that can be used to perform tasks at different levels of abstraction. In this way, there are a lot of challenges related to security. Firstly, there are multiple levels (or layers) of objects to secure (infrastructure, virtualized machines, operating systems, network infrastructure, user services). Thus, the consequence is that we should have a security policy for each of these layers, and this can technically cause more overhead for security mechanisms. Second range of challenges is a consequence of the main characteristic of cloud computing: the large amount of data generated by users. It is very difficult to scan this amount of data in order to detect security attacks without consuming all the physical resources and thus implying a big overhead. Finally, different actors (service providers, resource providers, users) are responsible for security of the different parts of the same system. Different security policies and mechanisms could cancel one another when they are contradictory.

Our first step goal is to provide a flexible and distributed cloud IDS architecture, based on pub-sub paradigm, that can be used inside a cloud service or outside and accessible via web services. To the best of our knowledge, this work is the first attempt that aims to provide an IDS cloud service, based on the pub-sub communication mechanism and partners interoperability using web services. We expect to reduce the intrusion detection time by specializing IDS nodes using various taxonomy based attack categories. Beyond the classical personal computer, our solution is particularly appropriate to limited-capacity devices such as smartphones, tablets or classical network with IDS sensor.

The paper organisation is as follow: Section 2 presents some background concepts. Section 3 discusses related works. Section 4 shows and explains the different elements of our proposition. Section 5 concludes the paper and presents future works.

2. Background concepts

In this section we briefly present some core concepts used in this work, namely *cloud computing*, *Intrusion Detection Systems* (IDS) and *publish subscribe* paradigm.

2.1. Cloud computing

Cloud computing is an internet based computing where virtual shared servers provide software, infrastructure, platform, devices and other resources [10]. Access to the resources is granted to users by offering a client-server infrastructure that can be used to perform tasks at three different levels of abstraction [5]: Cloud *Infrastructure as a Service* (IaaS), Cloud *Platform as a Service* (PaaS) and Cloud *Software as a Service* (SaaS). Services may be used to query data or to perform computations.

Since our IDS is available as an on-demand service hosted on the cloud, we naturally place ourselves on the SaaS level of abstraction in relation to the cloud infrastructure.

2.2. Intrusion detection systems

Intrusion detection is the process of monitoring the events occurring in a computer system or network and analyzing them for signs of intrusions, defined as attempts to compromise the confidentiality, integrity, availability, or to bypass the security mechanisms of

a computer or network [9]. Intrusion Detection Systems (IDSs) are software or hardware products that automate this monitoring and analysis process [9]. Based on the location in a network, IDS can be categorized into two groups: Host-based IDS (HIDS) and Network-based IDS (NIDS). HIDS refers to the class of intrusion detection systems that reside on and monitor an individual host machine, while NIDS monitors network link.

We would like to point out that the monitoring for our IDS is processed by the client. The reason is that this system is an on-demand service handling host-based intrusion detection as well as network based intrusion detection.

2.3. Publish-Subscribe paradigm

Publish-Subscribe (pub-sub) is a mechanism for disseminating information (also called events) through distributed systems. Participants to the communication can act as *publishers* or *subscribers*. *Publishers* submit information (or messages) to the pub-sub system, whereas *Subscribers* express their interest in specific types of information, within the system, in the form of a subscription. The system matches published information to subscriptions and delivers messages to interested subscribers using a notification mechanism.

There are various model of subscription based on how subscribers express their interest for a certain information and how the matching is done by the notification system so that a subscribers only receives information that he is interested in [14, 4]. These models are topic-based, attribute-based and content-based, even if some works consider attribute-based pub-sub as one kind of content-based pub-sub [4].

Our proposal focuses on the topic-based system which is the simplest one and delivers us from the intensive computation of content-based systems. Moreover, it is well-suited to our work since messages routing is simple through multicast group to nodes that match subscription topics.

3. Related works

Various research projects [13, 1, 6, 3, 10, 7] combining the two concepts "IDS" and "cloud" exist in the literature. However, many of them address different IDS or cloud models, and often focus on a different goal. For instance, some researchers focus on adapting or extending classic IDS techniques to the cloud context. Some others propose distributed IDS in which several IDS nodes cooperate for a specific task, mostly against distributed attacks like DDoS (*Distributed Denial of Service* attack).

The work in [13] aims to discover coordinated attacks on local sites. To this end, they developed an IDS based on Cloud Computing architecture, a two-parts architecture (the global and local sites) to achieve a global monitoring view of the network resources. The goal of the global site is to collect and process the alerts from the local sites.

Along the same lines, the work in [6] discusses the use of a distributed strategy to detect and block attacks originated by misbehaving customers of a Cloud Computing provider, by testing different deployments of existing IDS. However this deployment scenario needs a properly designed correlation phase in order to gather meaningful information from different security tools spread across the monitored network.

Works that are closer to ours are those which provide IDS as a service in the cloud. Authors in [1] introduce *IDSaaS* (Intrusion Detection System as a Service) framework, which is a network and signature based IDS for the cloud model that targets the Infrastructure as a Service (IaaS) level of the cloud. This framework, which is an IDS adoption

for the cloud consumers contains a centralized Intrusion Engine, the brain of the system. It preprocesses the incoming packets and examines their payload section looking for any matching pattern of a threat defined in the loaded attacking rules.

A similar work is proposed in [7], apart from the fact that they provide an IDS as a service in which data privacy concerns have been discussed. They describe a privacy-preserving intrusion detection mechanism for the signature-based IDSaaS by offloading the process of signature matching to the cloud. This mechanism protects from gaining knowledge of private data during the traffic inspection.

By way of the significant and non-exhaustive related works above, there are two principal architectures that are used in cloud IDSs, namely centralized and distributed IDSs. Most IDSs use centralized architecture and detect intrusions that occur in a single monitored system [3]. Nevertheless, there is a recent increasing trend towards distributed and coordinated attacks, where multiple machines are involved, either as attackers (e.g. DDoS) or as victims (e.g. large volume worms). Moreover, there is another weakness of centralized IDSs due to the fact that a unique agent is responsible for the whole system security.

The main contribution of our work is the use of pub-sub communication mechanism to provide a highly available and distributed IDS cloud service architecture. We expect to reduce the intrusion detection time by specializing IDS nodes in various taxonomy based attack categories.

4. Pub-sub based Cloud IDS service

4.1. Basic architecture

The overall system works as illustrated in Figure 4 (Appendix A). On one side, we have the clients of the IDS cloud service which submit data in the form of an intrusion detection request. On the other side, we have the IDS system composed of specialized IDS (sIDS), a brokering system and web service interfacing.

Clients are considered as publishers while sIDS are subscribers. With this aim in mind, a client may apply to the service throughout web service interfaces and after an authentication from a certification authority. The latter can be issued by a third party service.

The brokering system (a set of brokers) is responsible for redirecting intrusion detection requests to sIDS nodes. Theses nodes can detect faster a specific kind of attack because they are specialized in specific category of attacks. The set of sIDS covers all kinds of known attacks. The response to a request is formatted with respect to IDMEF [1] and the client can keep itself up to date by asking for the request status.

The main advantage of this functional architecture is that attacks can be detected faster by distributing intrusion detection to all nodes. Furthermore, this distribution eliminates the problem of single-points-of-failure.

4.2. Taxonomy based topics

Topics are one of the core concepts in our architecture. In topic based pub-sub, topics are keyword patterns that determine recipient subscribers. Taxonomy based topics are keyword patterns extracted from an attack taxonomy.

A taxonomy is a classification scheme that partitions a body of knowledge and defines the relationship of the pieces [8]. A network and computer attacks taxonomy is

1. Intrusion Detection Message Exchange Format, RFC4765. https://www.ietf.org/rfc/rfc4765.txt

a classification of individual known attacks into categories according to their relationship [2]. Many taxonomies have been developed according to different criteria or dimensions [12, 11]. Authors in [2] proposed several dimensions for computer attack classification: *attack vector*, *targets of attack*, *vulnerabilities and exploits* that the attack uses. Taxonomies can be very important for security evaluation and help to develop defence techniques by extending the ones from well-known attacks in the same attack category.

In this work we focus on target dimension and attack vector dimension proposed in [2] to create the two attack taxonomy trees. The target oriented taxonomy organizes computer attacks according to their targets. A target of an attack can be an operating system, a software application, a network protocol, a specific device, etc. This taxonomy is used to create topics in which sIDS nodes subscribe to specialize themselves. IDS client requesting intrusion detection is supposed to gather information about target context in the form of keywords and send it as metadata with the request. This kind of information is always available and simple to retrieve. The gateway brokers are responsible for making correspondences between these keywords and topics.

The target oriented taxonomy is organized in a tree structure with nodes that represent keywords identifying classes of attack. Each attack class in the taxonomy has a parent class (except root class representing the dimension) and might have subclasses. Each attack class is more specific than its parent and more general than its sub-classes. For instance, considering the partial target based taxonomy in Appendix B attacks that target Windows Family OSs are less general than the ones that target all OSs, but are more general than the ones that targets MS Windows XP (a Windows specific version). More formally, our target based taxonomy $\mathbb{T}$ is a tree of attack classes such that for any two nodes u and v, if u is parent of v then u is more general than v. In other words, v is a sub-tree of u. This generality relation ($>$) is a **partial relation order** in $\mathbb{T}$. For all $u, v \in \mathbb{T}$, and $u \neq v$, we have:

$$(u > v) \quad \Rightarrow \quad \mathcal{A}(u) \supset \mathcal{A}(v) \; and \; (u \cup v) = u$$

where $\mathcal{A}(u)$ is the set of all attacks targeting node u. A topic θ, based on attack taxonomy $\mathbb{T}$, is a sub-tree identified by the path of the highest attack category involving θ. For instance, the path **/TargetBased/OS/MS_Windows/SMB** identifies a topic that corresponds to attacks that target SMB Service on MS Windows operating systems. As said earlier, a sIDS subscribes to the most general topics that covers all attacks it can handle. On the other hand, clients send intrusion requests composed of data to be analyzed and a set of keywords that describe the context. This set of keywords $\mathbb{K} = \{k_1, k_2, \cdots, k_n\}$ has a semantic equivalence with a set of topics $\varphi(\mathbb{K})$ in $\mathbb{T}$.

$$\varphi(\mathbb{K}) = \bigcup_{i=1}^{n} \{\theta \in \mathbb{T} \mid k_i \cong \theta\}$$

where θ is a topic, k_i is a keyword and the operator $\cong$ is a semantic equivalence. This semantic equivalence extends simple string matching. For instance "**Windows 7**" and "**Windows Seven**" are semantically equivalent even if they are syntactically different. The function $\varphi(\mathbb{K})$ is a semantic projection of $\mathbb{K}$ into $\mathbb{T}$. The Figure 1 illustrates a semantic projection where $\varphi(\{k_1, k_2, k_3\}) = \{\theta_1, \theta_2, \theta_3\}$. Also, since topics are some kind of sets, union ($\cup$) and intersection ($\cap$) operators can be applied to them.

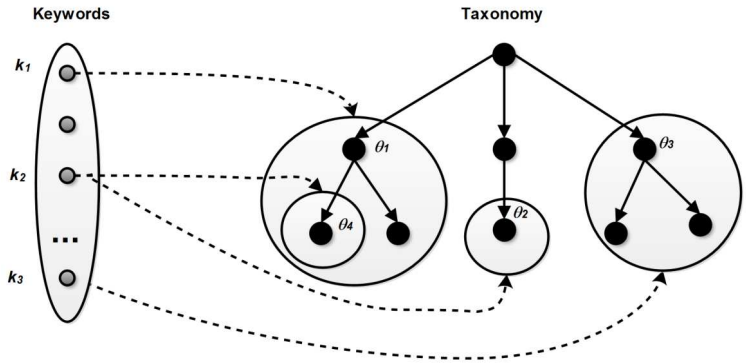


Figure 1. *A keyword projection into the taxonomy tree*

4.3. Publish-Subscribe IDS Interfaces

Pub-sub Interface enables one-to-many communications with a limited API namely *Publish*, *Subscribe*, *Unsubscribe*, *Notify* and *Consume*. Subscribers select information they want to receive using $subscribe(\theta)$ or $\sigma(\theta)$ routine. Subscriptions are processed by *brokers* that have a database of nodes and topics in which they subscribe. A subscriber can also leave a topic with the $unsubscribe(\theta)$ or $\overline{\sigma}(\theta)$ routine. A process that wants to submit data x in topic θ uses $publish(x, \theta)$ or $\pi(x, \theta)$ routine.

Brokering system stores published data and notifies subscribers that data is available for them with the $notify()$ routine. Then, the subscribers receive data with $consume(\theta)$ or $\psi(\theta)$ routine. The Figure 2 illustrates a simplified pub-sub process. More formally a

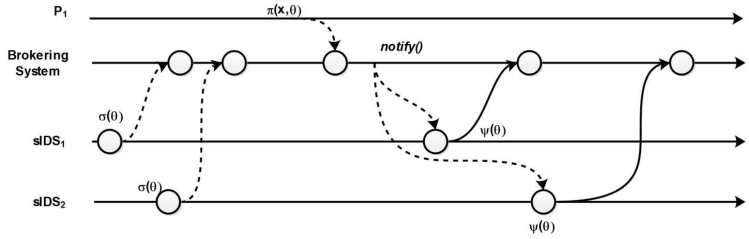


Figure 2. *A Simplified representation of Pub-Sub processes*

process i that subscribe to topic θ with $\sigma(\theta)$ receives published data x with $\pi(x, \theta')$ if and only if $\theta \geq \theta'$, where $>$ is the generality relation operator.

In our context, sIDS are subscribers and client publisher by the mean of gateway brokers. sIDS subscribe to topics that correspond to the keyword patterns identifying the kind of intrusion they can handle. These topics in the system are based on an attack taxonomy that classifies attacks according to their target (operating system, software, ...). For instance, a sIDS node that can detect intrusion targeting SMB Services on Windows XP should subscribe to the topic:

```
/SoftwareAttack/{operatingsystems/windowsfamily/xp/* + application/server/SMB/*}
```

The corresponding subscribe operation can be illustrated by the following listing:

```
OPERATION : Subscribe
TOPICS    : /SoftwareAttack/operatingsystems/windowsfamily/xp/*
            /SoftwareAttack/application/server/SMB/*
```

In other words sIDS use target information to declare what corresponding security topics they can handle based on taxonomy. Taxonomy simplifies specialization process of sIDS and limits the number of topics. Clients submit requests containing data that they

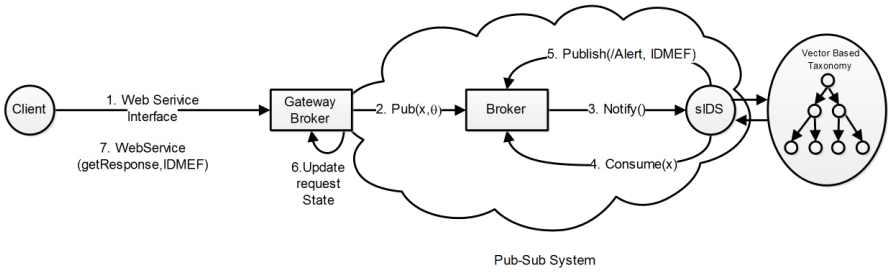


Figure 3. *Intrusion detection process*

want to be analyzed accompanied by a set of keywords describing the potential target context. These keywords may not syntactically match the ones in taxonomy but they can have semantic equivalent items in it. For instance, a client node that wants an intrusion detection intended to SMB Services on Windows XP could submit something like:

```
OPERATION : Submit Intrusion Detection
KEYWORDS  : Windows XP;SMB Server; DST_IP : 150.142.56.78
DATA      : MYME-TYPE : application/vnd.tcpdump.pcap ;
<binary data>   ...
```

Actual publishing is done by gateway brokers that find suitable topics. Gateway brokers are special ones that receive intrusion requests from clients and map (semantic projection) keywords to taxonomy based topics. The following listing illustrates publication of the previous intrusion detection request:

```
OPERATION : Publish
TOPICS    : /SoftwareAttack/operatingsystems/windowsfamily/xp/*
            /SoftwareAttack/application/server/SMB/*
DATA      : MYME-TYPE : application/vnd.tcpdump.pcap ;
<binary data>   ...
```

All intrusion detection requests are intended to sIDS that subscribed to the corresponding topics. If a sIDS detects an attack, an intrusion description is extracted from the taxonomy that classifies attacks according to their vector (see Appendix C). Then, it publishes an intrusion alert, formatted with respect to IDMEF, in the special topic **/Alert**. Subscribers of this topic are Gateway Brokers that consume it and update the request status. The client which was monitoring this request status will be informed about the change. The Figure 3 describes this intrusion detection process.

5. Conclusion and future works

In this work we propose an architecture of cloud IDS with a topic based publish subscribe paradigm. Our proposition uses a target based taxonomy to create topics. Intrusion

detections are handled by sIDS that specialized themselves to intrusion categories according to the taxonomy. This simplifies requests forwarding to suitable sIDS nodes. The clients of such an architecture can be low power devices that are connected to the Internet (tablets, smartphones, ...) and that cannot embed powerful IDS or antiviruses. The main outcomes of our proposition are: a flexible and distributed IDS based on Publish-Subscribe communication model and a highly available IDS service with specialized IDS nodes. These specialized IDS nodes have smaller signatures database and can decide faster for a specific kind of security attack.

We plan to implement our proposed architecture and evaluate it using the following performance metrics: detection speed in the cloud IDS, false positives and negatives, CPU computing charge during detection, efficiency of publishing and subscribing, load balancing among sIDS.

6. References

[1] Turki Alharkan and Patrick Martin. Idsaas: Intrusion detection system as a service in public clouds. In *CCGRID*, pages 686–687, 2012.

[2] Simon Hansman and Ray Hunt. A taxonomy of network and computer attacks. *Computers & Security*, 24(1):31–43, 2005.

[3] Aleksandar Lazarevic, Vipin Kumar, and Jaideep Srivastava. Intrusion detection: A survey, 2005. In *Managing Cyber Threats, Massive Computing*, pages 19–78.

[4] M. Li, F. Ye, M. Kim, H. Chen, and H. Lei. Bluedove: A scalable and elastic publish/subscribe service. *International Parallel and Distributed Processing Symposium*, 2011.

[5] Robert Patt-Corner Jeffery M. Voas Mark Lee Badger, Timothy Grance. Cloud computing synopsis and recommendations. Technical report, Gaithersburg, MD, United States, 2012.

[6] Claudio Mazzariello, Roberto Bifulco, and Roberto Canonico. Integrating a network ids into an open source cloud computing environment. In *IAS*, pages 265–270, 2010.

[7] Y. Meng, Wenjuan Li, L. for Kwok, and Y. Xiang. Towards designing privacy-preserving signature-based ids as a service: A study and practice. In *INCoS*, pages 181–188, 2013.

[8] Jane Radatz. *The IEEE Standard Dictionary of Electrical and Electronics Terms*. IEEE Standards Office, New York, NY, USA, 6th edition, 1997.

[9] Peter Mell Rebecca Bace. NIST Special Publication on Intrusion Detection Systems. 2001.

[10] Ms. Parag K. Shelke, Ms. Sneha Sontakke, and Dr. A. D. Gawande. Intrusion detection system for cloud computing. *International Journal of Scientific & Technology Research*, 1:67–71, 2012.

[11] Bilal Zafar Fawad Ali Khan Farid ud Din Waqas Ahmad, Zeeshan Hayat and Iqtidar Shah. A survey on taxonomies of attacks and vulnerabilities in computer systems. *International Journal of Computer Science and Telecommunications*, 3:93–97, 2012.

[12] Zheng Wu, Yang Ou, and Yujun Liu. A taxonomy of network and computer attacks based on responses. *Information Technology, Computer Engineering and Management Sciences, International Conference of*, 1:26–29, 2011.

[13] Liu Xiao-yu Xin Wang, Huang Ting-lei. Research on the intrusion detection mechanism based on cloud computing. In *International Conference on Intelligent Computing and Integrated Systems (ICISS)*, pages 125–128, 2010.

[14] Shehnaaz Yusuf. Survey of publish subscribe communication system. *Advanced Internet Application and System Design*, 24, 2004.

Appendices

A. Basic architecture

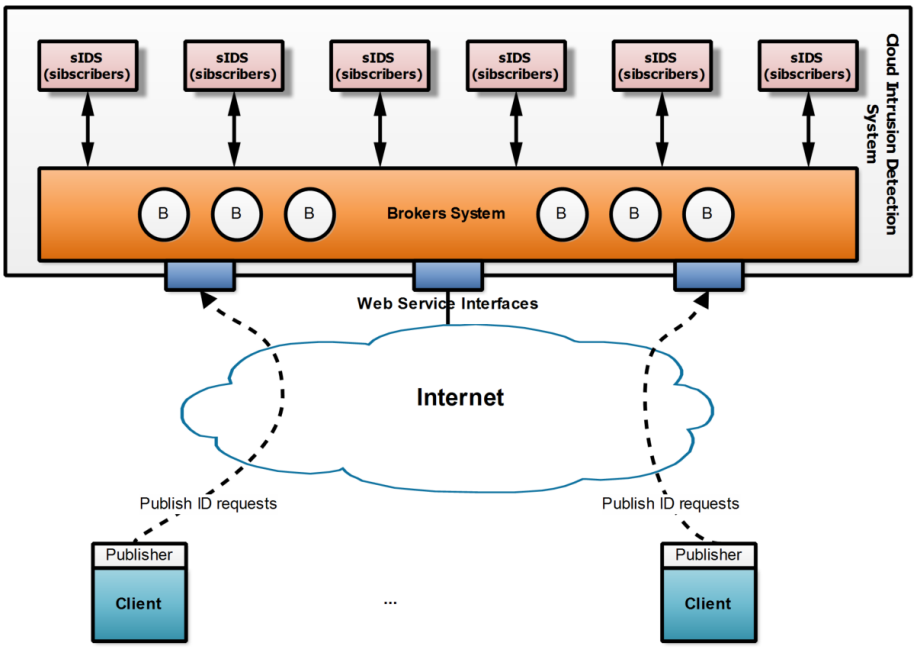


Figure 4. *Basic architecture*

B. Target based attack taxonomy

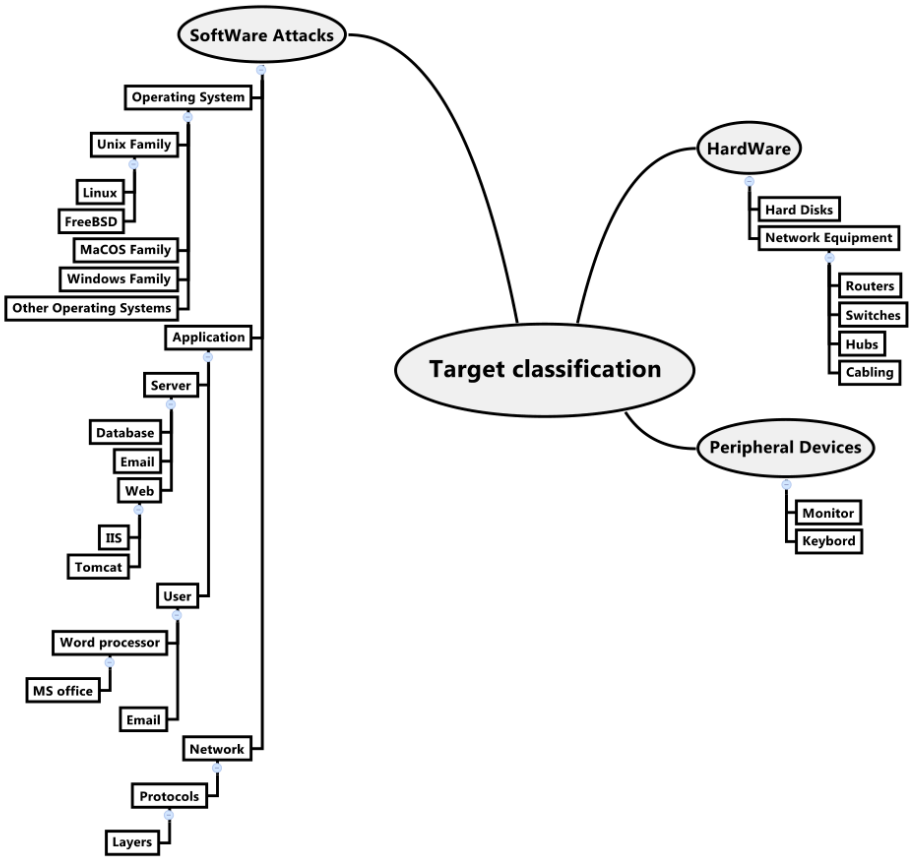


Figure 5. *A target based attack taxonomy*

C. Vector based attack taxonomy

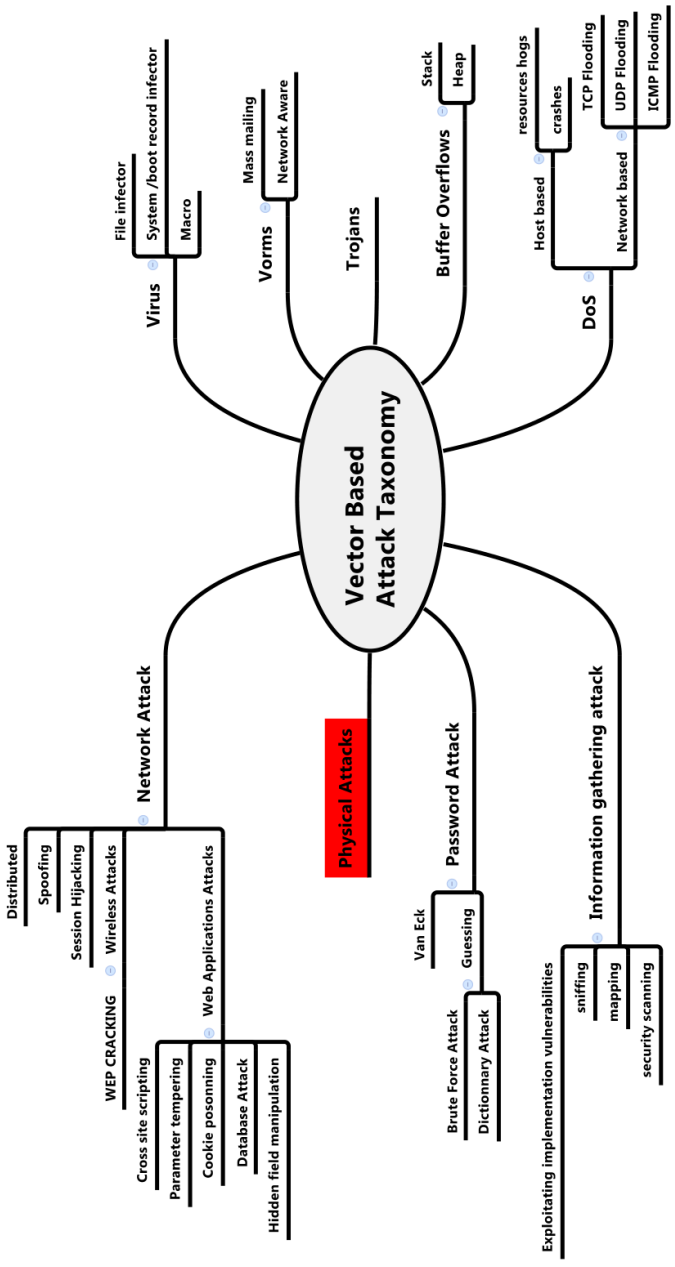


Figure 6. *A vector based attack taxonomy*

Routage Préfixé dans GRAPP&S

Applications à un Système Hiérarchique de Gestion de Données

Thierno Ahmadou DIALLO[*#] - Olivier FLAUZAC[*] -
Luiz Angelo STEFFENEL[*] - Samba N'DIAYE[#]

[*] Département de Mathématique et Informatique
CReSTIC, Université de Reims Champagne-Ardenne, REIMS Cedex, FRANCE
{olivier.flauzac, luiz-angelo.steffenel}@univ-reims.fr
[#] Département Informatique, LMI, Université Cheikh Anta DIOP
5005 Dakar-Fann, SÉNÉGAL
{thierno80.diallo, samba.ndiaye}@ucad.edu.sn

RÉSUMÉ. Nous avons proposé dans nos travaux précédents GRAPP&S (Grid APPlication & Services), une spécification d'un Framework pour le stockage et l'indexation de différents formats de données tels que les fichiers, les flux de données, les requêtes sur les bases de données mais aussi l'accès à des services distants (web services, cloud etc.). Cet article propose un mécanisme de routage préfixé pour la recherche et l'accès aux données de GRAPP&S. En effet, si la recherche d'une information dans les middlewares Pair-à-Pair (P2P) varie selon l'architecture de ceux-ci, le transfert de données dépend généralement d'une connexion directe entre la source et l'intéressé. Le mécanisme de routage que nous proposons dans GRAPP&S permet d'effectuer le transfert des données par le chemin utilisé lors de la recherche, au cas où une connexion directe entre les nœuds n'est pas possible. Ce mécanisme contribue donc à relier des ressources très isolées mais aussi permet d'accroître la sécurité des réseaux, en offrant la possibilité de contrôler l'accès aux ressources.

ABSTRACT. We proposed in our previous work GRAPP&S (Grid Application & Services) a specification of a distributed Framework detached middleware communication (P2P, or other) on which it is deployed. GRAPP&S provides storage and indexing of various data formats such as files, data streams, queries on databases as well as access to remote services (web services, cloud etc.). The data is managed transparently to the user through proxies specific to each type of data. This paper proposes a routing mechanism prefixed for research and access to data GRAPP&S. This access does not depend on a direct connection between the nodes, as in most P2P or other networks. In GRAPP&S, it is always possible to route the data transfer path used when looking at cases where a direct connection between the nodes is not possible.

MOTS-CLÉS : Systèmes Pair à Pair, Routage préfixés, Proxies, Adressage hiérarchique

KEYWORDS : Peer-to-Peer Systems, Prefix Routing, Proxies, Hierarchical Addressing

1. INTRODUCTION

Dans un système P2P, les ressources sont distribuées entre tous les pairs. Afin d'accéder à une ressource, les nœuds doivent d'abord chercher ces ressources, obtenant ainsi les coordonnées des nœuds qui les détiennent. Généralement, une clé identifie une ressource dans un système P2P et, selon la manière dont les systèmes P2P organisent ces clés, les mécanismes de recherche et accès peuvent varier.

Dans les P2P non-structurés, comme par exemple Gnutella [6], l'absence d'une organisation des clés (ou d'un nœud d'index) force l'utilisation d'une méthode par inondation lors de la découverte des ressources. Toutefois, la réponse à une requête de recherche peut emprunter un chemin direct vers le nœud demandeur, si cela est possible (i.e., si aucune contrainte telle qu'un pare-feu n'empêche un tel envoi). Un inconvénient de cette approche est que l'inondation des messages de recherche contribue à limiter l'échelle du réseau. Des alternatives telles que celles proposées par les systèmes comme KaZaA [11], Gnutella0.6 [8] reposent sur des *super-pairs*, des nœuds intermédiaires qui permettent la concentration des requêtes et l'élagage de l'arbre de diffusion. De manière générale, pour N nœuds dans un système P2P non-structuré on a une complexité de recherche de $O(N)$.

Les réseaux P2P structurés tels que Chord [12] et Pastry [10], par contre, sont basés sur les DHT (*Distributed Hash Table*). Dans ce cas, l'algorithme de recherche associe un pair p à une clé de ressource k, de manière à ce que ce pair p soit agisse comme l'index de cette ressource. Ainsi, lorsqu'un nœud q recherche une ressource, il envoie la requête au pair r (parmi la liste de pairs connus à q) avec l'ID le plus proche de k, selon une certaine métrique. Lorsqu'un nœud r reçoit une requête, soit il détient la clé de la ressource et peut renseigner l'adresse où cette ressource est disponible, soit il renvoie le message à un nœud avec un ID plus proche à celui de la clé recherchée. Avec ce mécanisme, la complexité de la recherche dans un réseau P2P structuré de N nœuds est $O(logN)$. Donc, l'avantage d'un P2P structuré est son efficacité dans la recherche, mais il est plus fragile à la volatilité des nœuds, car cela pourrait entraîner des erreurs de table de routage.

Une caractéristique commune à tous les réseaux P2P, structurés ou pas, est qu'ils ont tous un design horizontal, avec un routage à plat (non hiérarchique). Dans ces réseaux, tous les pairs sont identiques dans le sens où tous les pairs utilisent les mêmes règles pour déterminer le routage d'une requête. Cette approche est très différente de celle de l'Internet, où le routage hiérarchique est utilisé.

Cet article propose un mécanisme de routage hiérarchique par préfixes (routage préfixé) pour la localisation des données et services gérés par notre framework GRAPP&S [4, 2, 3]. Avec ce mécanisme, l'accès aux données ne dépend pas d'une connexion directe entre les nœuds, comme dans la plupart des réseaux P2P. Dans GRAPP&S, il est toujours possible d'effectuer le transfert des données par le chemin utilisé lors de la recherche, au cas où une connexion directe entre les nœuds n'est pas possible.

La suite de cet article est organisée comme suit : la Section 2 introduit l'état de l'art concernant le routage dans les réseaux P2P et le routage par préfixes. La Section 3 décrit brièvement les éléments du framework GRAPP&S, alors que les Sections 4 et 5 détaillent respectivement les mécanismes de recherche et d'accès aux données de GRAPP&S. Finalement la Section 6 propose nos conclusions.

2. ETAT DE L'ART

Les auteurs de [7] proposent le routage hiérarchique pour réduire l'information de routage dans les réseaux de large échelle. Cette technique consiste à garder sur chaque nœud une information de routage complète pour un ensemble de nœuds "proches". Ce mécanisme est appliqué dans Gnutella 0.6 [8], où il est introduit un type spécial de pair, les *supers pairs*, qui connaissent les contenus stockés chez d'autres pairs et qui peuvent répondre aux requêtes à leur place. Les supers pairs sont interconnectés par un réseau de niveau supérieur, donc Gnutella0.6 peut être considéré comme un réseau P2P hiérarchique non-structuré. Un autre réseau P2P hiérarchique hybride est présenté dans [9]. Cette proposition combine des méthodes d'inondation et de DHT. Chord est utilisée pour la couche supérieure des super-nœuds stables et les inondations pour la couche inférieure de nœuds instables. En cela, la couche inférieure est robuste et moins d'informations sont maintenues au niveau du super-pair mais, en raison des inondations, le coût de la recherche de niveau inférieur est $O(n)$. Ce système ne s'adapte pas bien si il y'a de nombreux nœuds dans le niveau inférieur.

Les auteurs de [1] ont introduit le routage par préfixes pour minimiser l'information de routage dans les réseaux dynamiques. L'idée du routage par préfixes est d'attribuer à chaque nœud n une étiquette $\alpha(n)$ qui est un mot sur un alphabet Σ contenant au moins deux symboles. Chaque lien est aussi étiqueté par un mot de Σ^* qui est un préfixe de quelques étiquettes de nœuds. Un message destiné au nœud n est transmis sur le lien dont l'étiquette est le plus long préfixe de $\alpha(n)$.

Les auteurs [1] ont montré que tout réseau admet un routage par préfixes et proposent une méthode de construction de fonctions de routage par préfixes. Ces algorithmes ont tous un coût optimal en temps de $O(1)$. L'inconvénient majeur des routages par préfixes est la taille des étiquettes de nœuds qui augmentent linéairement avec la taille du réseau. Pour certains réseaux, la taille de l'adresse de certains nœuds peut dépasser $O(Dlog\Delta)$, où D est le diamètre du réseau, Δ est le degré du réseau.

3. DESCRIPTION DU FRAMEWORK GRAPP&S

Afin de présenter GRAPP&S [4, 2, 3], nous introduisons quelques notations. Une communauté (C_i) est une entité autonome, qui regroupe des nœuds qui peuvent communiquer et qui partagent une propriété définie : même localisation, même autorité d'administration, ou même domaine d'application. Une communauté contient un seul processus *communicator (c)* et au moins un processus *ressource manager (RM)* et un processus *data manager (DM)*, et ces processus sont organisés de façon hiérarchique dans une communauté. La Figure 1 illustre le déploiement d'une communauté de GRAPP&S sur le middleware Pastry.

Le processus (c) joue un rôle essentiellement lié au transport d'informations et à l'interconnexion entre différentes communautés, comme par exemple lors du passage de messages à travers des pare-feux. C'est le point d'entrée de la communauté et assure sa sécurité grâce à l'établissement de *Service-Level Agreements(SLA)* et à la gestion des tables de routage inter-communautés.

Le processus RM assure l'indexation et l'organisation des données dans la communauté. Les RM participent à la recherche de données dans la communauté.

Le processus DM est un proxy qui interagit avec les sources de données variées, tels que les bases de données, les services distants (cloud, serveur mail, FTP, Webdav). Un

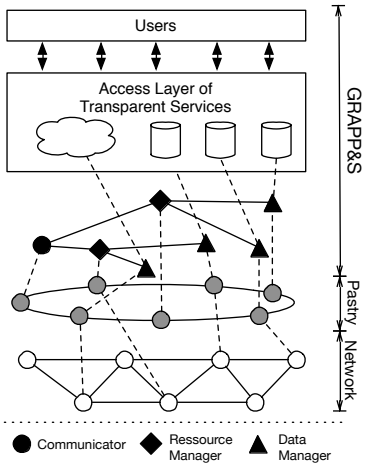


Figure 1. *Illustration de la distribution des nœuds de GRAPP&S sur l'overlay Pastry*

DM est un service qui dispose d'une interface (proxy) adaptée aux différentes sources de données, d'un gestionnaire de requêtes et d'un gestionnaire de communication.

3.1. Adressage hiérarchique

Dans GRAPP&S, chaque nœud a un identifiant (ID) unique. Les adresses IP ou MAC ne sont pas des identifiants suffisamment précis car ils ne permettent pas d'identifier de manière unique les différents nœuds qui peuvent résider dans une même machine. Ainsi, la solution la plus intéressante est celle proposée par JXTA [13], qui utilise une chaine de 128 bits. Chaque nœud dispose ainsi d'une chaîne unique ID_local, sous la forme *"urn :nom-communaute :uuid :chaine-de-bit"*. L'expression de l'adressage hiérarchique se fait par la concaténation des IDs sous forme de préfixe, i.e., l'ID du nœud c_i (ID_{c_i}) est équivalent à son ID_local, l' ID_{RM_i} est formé par ID_{c_i}-ID_{RM_i}, et l' ID_{DM_i} prend la forme ID_{c_i}-ID_{RM_i}-ID_{DM_i} .

L'avantage de l'adressage hiérarchique propre à GRAPP&S est que cela le rend indépendant du modèle d'adressage du réseau $overlay$ sur lequel GRAPP&S est implémenté. En plus l'adressage hiérarchique permet de remonter facilement la structure de GRAPP&S, en définissant les chemins par lesquels transitent les requêtes. Ce qui va empêcher l'inondation des liens de GRAPP&S.

3.2. Méthode de routage de base

Soit T un arbre et une numérotation des sommets de T suivant un DFS [5] dans l'arbre. Pour chaque sommet X d'identifiant Id_X l'adresse de X est constituée par la chaine binaire représentant Id_X concaténé par les chaines binaires des sommets parents de X dans T. L'adresse de chaque sommet X est donc constituée par une chaine binaire $PATH_X$ et d'un entier $lpath_X$ représentant la longueur de la chaine.

Pour tout sommet X de T : soit $Masque_F$ le masque constitué par une chaine binaire de $lpath_X$+8 bits dont les $lpath_X$ premiers bits sont tous à 0 et les 8 derniers bits sont à 1 (par exemple pour un sommet X tel que $lpath_X$= 16, son masque sera $Masque_X$= 00000000. 00000000. 11111111). Si Y est un descendant de X dans T, alors $PATH_X$ est une sous chaîne de $PATH_Y$ et en appliquant un ET logique entre $Masque_X$= 00000000.

00000000. 11111111 et $PATH_Y$ on a le numéro de Y. Si Y n'est pas descendant de X dans T, alors il faut passer par le père de X pour aller en Y. Soit est_parent**(X,Y)** la fonction qui pour tout couple de sommet retourne VRAI ou FAUX suivant que X est parent de Y dans l'arbre T ou pas. L' architecture de GRAPP&S est constituée de trois niveaux, ce qui limite la taille des adresses même dans un réseau de grande taille.

La méthode d'expédition de message dans notre système hiérarchique est donc inspiré de celui proposé par [1]. L'algorithme de routage de base (Algorithme 3), permet la transmission de message entre deux sommets, en connaissant l'identifiant du nœud source et celui du nœud destinataire.

4. RECHERCHE DE DONNÉES

Parmi les fonctionnalités principales de GRAPP&S, il y a la recherche et l'accès aux données. Ce mécanisme de recherche est propre à GRAPP&S et indépendant des mécanismes des overlays utilisés par l'implémentation. Cette section décrit notre algorithme de recherche de données dans une communauté de GRAPP&S. Les différents nœuds qui interviennent dans cette recherche disposent de quelques primitives :

– $Send$ qui permet à un nœud source d'envoyer un message à un nœud destination. Cependant, cette primitive nécessite une connexion directe entre les nœuds, raison pour laquelle elle est associée à la primitive $Route$ (Algorithme 3).

– $Route$ permet a un nœud source de transmettre un message à un nœud quelconque, soit en l'envoyant directement grâce à $Send$, soit en relayant l'information à un nœud avec le mécanisme de routage préfixé. Afin d'obtenir une adresse dans le mécanisme de routage préfixé, on utilise une méthode $getNextHop()$ qui effectue la comparaison des adresses et applique les masques de sous-réseau afin d'obtenir l'adresse du prochain nœud en direction de la destination.

– $Receive$ qui permet de traiter les messages reçus, selon leurs types et selon le rôle joué par le nœud.

– $Recherche_locale$ qui permet à un DM de répondre à une recherche de ressource.

Lors de la recherche, les messages peuvent assumer deux formes :

– message de recherche - ce message a la forme $("req", contenu, source)$

– message de réponse - ce message a la forme $("reply", contenu, source)$

Quand un client cherche une donnée sur GRAPP&S, il entre en contact avec un proxy DM_i, qui envoie une requête Y contenant les caractéristiques de la donnée et le type "**req**". Comme le message n'a pas un destinataire précis, la recherche dans une communauté de GRAPP&S se fait par paliers, de manière à respecter l'organisation hiérarchique du réseau. La procédure de recherche est comme suit :

1) $DM_i \in C_i$ envoie la requête Y a son nœud $RM_i \in C_i$ grâce à $Route()$.

2) RM_i vérifie grâce à la méthode $Recherche_locale$(m) si dans son indexe il y a un voisin DM qui contient la donnée recherchée,

a) Si oui, alors le nœud RM_i retourne au nœud DM_i une liste de nœuds DM qui contiennent l'information recherchée, sous la forme d'un message avec le type "**reply**".

b) Sinon, le nœud RM_i fait suivre la requête à son nœud $c_i \in C_i$ pour une diffusion autres nœuds $RM_k \in C_i$ tel que les $RM_k \neq RM_i$ (Algorithme 5).

- Lorsqu'un un nœud $RM_k \in C_i$ trouve une correspondance, une réponse estampillée "**reply**" sera retournée au nœud DM_i émetteur grâce à $Route()$.

c) Si la communauté C_i est connectée à d'autres communautés, alors le c_i fait suivre la requête selon les SLAs mises en place.

```
m : message ;
role : rôle du nœud (DM, RM, c) ;
m.type : type de message (req | reply | get | data) ;
Procédure Receive(m)
    Si (role=DM) Alors
        Si (m.type=reply) Alors
            m' ← ("get", m.data, local_address)
            Route(m', m.source) ;
        Fin Si
        Si (m.type = get) Alors
            m' ← ("data", data, local_address)
            Route(m', m.source) ;
        Fin Si
    Fin Si
    Si (role=RM) Alors
        Si (m.type=req) Alors
            Si (recherche_locale(m)=FAUX)
            Alors
                Si (origin=child) Alors
                    Route(m, father) ;
                Fin Si
            Fin Si
        Sinon
            Route(m, m.destination) ;
        Fin Si
    Fin Si
    Si (role=c) Alors
        Si (m.type=req) Alors
            Diffusion(m) ;
        Sinon
            Route(m, m.destination) ;
        Fin Si
    Fin Si
Fin
```

Algorithme 1: Traitement des messages selon les rôles des nœuds

```
m : message de recherche ;
m.source : adresse du DM qui a émis le message ;
m' : message de réponse ;
local_address : adresse du nœud local ;
Fonction Recherche_locale(m) : booléen
    listeDM ← RM.Verif_of_RM(m.data)
    Si (listeDM ≠ ∅) Alors
        Pour (chaque DM_k de RM tel que
        DM_k ∈ listeDM) faire
            m'← ("reply", m.data, DM_k)
            Route(m', m.source) ;
        Fin Pour
        Retourner VRAI
    Sinon
        Retourner FAUX
    Fin Si
Fin
```

Algorithme 2: Recherche locale

```
m : message a envoyer à la destination ;
local_address : adresse du nœud local ;
destination : nœud destination ;
add : Adresse d'un nœud ;
Procédure Route(m[, destination])
    Si (destination ≠ ∅) Alors
        Si (canReach (destination)) Alors
            add ← getAdd (destination) ;
            Send(m, add, local_address) ;
        Sinon
            add ← getNextHop (local_address, destination) ;
            Send(m, add, local_address) ;
        Fin Si
    Sinon
        add ← father ;
        Send (m, add, local_address) ;
    Fin Si
Fin
```

Algorithme 3: Routage de base

```
Index_of_RM[0...n] : index du nœud RM ;
X ←{} : liste de DM ;
TypeMime : Type MIME de l'information ;
TypeMimeRec : Critère de recherche ;
Fonction Verif_of_RM(TypeMimeRec) : X ←{}
    Pour (i allant de 0 à n) faire
        Si (Index_of_RM[i].TypeMime=TypeMimeRec)
        Alors
            X ← DM_i ;
        Fin Si
    Fin Pour
    Retourner X ;
Fin
```

Algorithme 4: Vérification de l'index RM

```
m : message a diffuser ;
origin : adresse du RM qui a transmis le message ;
local_address : adresse du nœud local ;

Procédure Diffusion(m, origin)
    Pour (chaque fils RM_k de c_i tel que RM_k ≠ origin) faire
        Route(m, RM_k)
    Fin Pour
Fin
```

Algorithme 5: Diffusion de message aux RMs

5. TRANSFERT DE DONNÉES DANS GRAPP&S

En cas de réussite lors de la recherche, le client (DM_x) obtient l'identifiant du nœud DM_y qui détient la donnée. Pendant l'étape de transfert de données, les messages peuvent assumer deux formes :

– message de demande - ce message a la forme $(\text{"}get\text{"}, contenu, source)$

– message de transfert - ce message a la forme $(\text{"}data\text{"}, contenu, source)$

Dans ce cas, il a deux possibilités pour entrer en contact avec DM_y et récupérer la donnée, soit par une connexion directe, soit par une connexion routée. Dans les deux cas, on fera appel à la primitive $Route()$, qui sera responsable par l'envoi d'un message de type "get". Si la connexion directe est possible, l'envoi se fera par $Send()$, dans le cas contraire il se fera par le mécanisme de routage hiérarchique.

De même manière, lorsqu'il reçoit un message de type "**get**", le nœud qui détient la donnée peut la transmettre avec la primitive $Route()$, grâce à un message de type "**data**".

6. CONCLUSIONS

Dans cet article nous présentons l'une des principales fonctionnalités de GRAPP&S, c'est-à-dire la recherche et l'accès aux données. L'organisation hiérarchique de GRAPP&S et son système d'adressage hiérarchique définissent les chemins par lesquels transitent les requêtes de recherche, ce qui empêche l'inondation des liens du réseau. Comme l'accès aux données de GRAPP&S ne dépend pas d'une connexion directe entre les nœuds, il est toujours possible par routage de rapatrier les données par le chemin utilisé lors de la recherche, au cas où une connexion directe entre les nœuds n'est pas possible.

La prochaine étape de notre travail consiste à développer un prototype de GRAPP&S en s'appuyant sur le overlay Pastry afin de valider les algorithmes et la performance du système.

GRAPP&S servira à connecter les instituts d'enseignement, intéressés par le partage de ressources à travers une mise en commun des données éducatives de chaque institut sous forme de "communauté". Face aux problématiques des solutions de partage basées sur le cloud oú le stockage des données est distant et la vitesse d'accès lente, GRAPP&S

devient une solution décentralisée qui permettra un accès rapide aux ressources du fait de la proximité des données et des consommateurs.

7. Bibliographie

[1] ERWIN M BAKKER, JAN VAN LEEUWEN, AND RICHARD B TAN, « Prefix routing schemes in dynamic networks », *Computer Networks and ISDN Systems,26(4) :403-421,1993.*

[2] T.DIALLO, O.FLAUZAC, L.STEFFENEL, AND S.N'DIAYE, « GrAPP&S, une approche de type Grid et système Pair à Pair », *In Actes du 4e CNRIA.URED, 2012.*

[3] T.DIALLO, O.FLAUZAC, L.STEFFENEL, AND S.N'DIAYE, « GrAPP&S, une Architecture Multi-échelle pour les Données et le Services », *In UBIMOB'13-9éme Journées Francophones Mobilité et Ubiquité,2013*

[4] T.DIALLO, O.FLAUZAC, L.STEFFENEL, S.N'DIAYE, AND Y.DIENG, « GrAPP&S, a Distributed Framework for E-learning resource Sharing », *In Fifth International IEEE EAI Conference on e- Infrastructure and e- Services for Developing Countries(AFRICOMM), Springer, 2014.*

[5] PIERRE FRAIGNIAUD, AND CYRIL GAVOILLE, « Routing in trees », *volume 2076 of Lecture Notes in Computer Science, page 757-772. Springer Berlin Heidelberg, 2001.*

[6] JUSTIN FRANKEL, AND T.PEPPER, « The Gnutella protocol specification v0.4 », *2003.*

[7] LEONARD KLEINROCK, AND FAROUK KAMOUN, « Hierarchical routing for Large Networks », *Computer Networks, 1 :155-174, 1977.*

[8] TOR KLINGBERG, AND RAPHAEL MANFREDI, « The Gnutella protocol specification v0.6 », *Technical specification of the protocol, 2002.*

[9] ZHUO PENG, ZHENHUA DUAN, JIAN-JUN QI, YANG CAO, AND ERTAO LV., « HP2P : A Hybrid Hierarchical P2P Network », *In Digital Society, 2007, ICDS'07,pages 18-, Washington, DC, USA, 2007. IEEE.*

[10] ANTONY ROWSTRON, AND PETER DRUSCHEL, « Pastry : Scalable, Decentralized Object location, and routing for large-scale peer-to-peer Systems. », *In Middleware 2001, pages 329-350. Springer, 2001.*

[11] SEUNGWON SHIN, JAEYEON JUNG, AND HARI BALAKRISHNAN, « Malware Prevalence in the Kazaa file-sharing network », *In Proceedings of the 6th ACM SIGCOMM conference on Internet measurement,pages 333-338. ACM, 2006.*

[12] ION STOICA, ROBERT MORRIS, DAVID KARGER, M FRANS KAASHOEK , AND HARI BALAKRISHNAN, « Chord :A scalable peet-to-peer lookup service for internet applications », *In ACM SIGCOMM Computer Communication Review, volume 31, pages 149-160.ACM,2001.*

[13] BERNARD TRAVERSAT, AHKIL ARORA, MOHAMED ABDELAZIZ, MIKE DUIGOU, CARL HAYWOOD, JEAN CHRISTOPHE HUGLY, ERIC POUYOUL, AND BILL YEAGER, « Project jxta 2.0 Super-peer virtual network », *Sun Microsystem White Paper.Available at www.jxta.org/project/www/docs,92,2003.*

AODV-local : Protocole de routage pour la maintenance locale dans les réseaux MANETs

Traoré Issa*, Kouassi Brou Medard*

*Laboratoire de signaux, Informatique et Télécommunication, à l'Institut de Recherche Mathématiques (IRMA), Université Félix HOUPHOUET BOIGNY, 08 BP 2035 Abidjan 08 Côte d'Ivoire, issa.traore@univ-fhb.edu.ci, traore_ufrmi@yahoo.fr, medardkwasy@yahoo.fr

RÉSUMÉ. Le réseau ad hoc mobile est un réseau sans fil capable de s'organiser sans infrastructure définie préalablement. La mobilité des stations apporte une grande flexibilité au regard des besoins actuels de mobilité des utilisateurs. Cependant, la modification de la topologie du réseau peut causer la rupture d'une route valide. La conception d'un protocole de routage efficient est une des questions les plus importantes dans l'étude des réseaux ad hoc.
Dans cet article nous étudions le protocole AODV. Ce protocole de routage auto stabilisant offre un mécanisme de réparations automatiques lorsque l'itinéraire de la source à la destination est rompu. Nous proposons un mécanisme de réparation efficace nommé AODV-local, basé sur la gestion locale des défaillances constatées lors d'une transmission de données. Les résultats de la simulation démontrent que le protocole AODV-local améliore celui de l'AODV.

Abstract. The mobile ad hoc network is a network without wire able to be organized without infrastructure defined beforehand. The mobility of the stations brings a great flexibility in comparison with the present needs for mobility of the users. However, the modification of the topology of the network can cause the failure of a valid road. The design of a protocol of efficient routing is one of the most significant questions in the study of the ad hoc networks.
In this paper we study the AODV protocol. This protocol of auto stabilizing routing offers an automatic repair mechanism when the route of the source to the destination is broken. We propose an effective repair mechanism named local-AODV, based on local failures management during data transmission. The evaluation results show that the local-AODV protocol improves the AODV one.

Mots-clés. AODV, AODV-local, réseaux ad hoc, réparation d'itinéraire.
Keywords. AODV, local-AODV, ad hoc network, Repair the route.

1. Introduction

Un réseau mobile ad hoc, appelé généralement MANET (Mobile Ad hoc NETwork) (voir [8] et [2]) est constitué d'unités mobiles qui se déplacent dans un territoire quelconque et dont le seul moyen de communication est l'utilisation des interfaces sans fil, sans l'aide d'une infrastructure préexistante ou d'administration centralisée. Les principaux problèmes susceptibles d'être rencontrés dans un environnement mobile et ad-hoc peuvent se résumer par : la modification de la topologie du réseau dans le temps, l'altération des signaux, l'énergie de la station mobile limitée. Avec ces caractéristiques, la conception d'un protocole de routage dans le MANET sera au centre de notre l'étude.

Le protocole AODV (Ad-hoc On Demand Distance Vector) (voir [5] et [8]) est l'un des protocoles les plus utilisés dans les MANET. L'AODV est basé sur l'utilisation de deux mécanismes « Découverte de route » entre stations source et destinataire puis *« Maintenance de route* », en plus du routage *nœud-par-nœud*.

Lorsqu'il y a une défaillance dans la transmission de données sur une route valide, sa réparation est lancée par AODV afin d'assurer la connectivité logique du réseau. Mais parfois la réparation de la route peut échouer ou générer des charges au système, le rendant ainsi inefficace. Cet article analyse la raison de l'échec de la réparation, et propose un protocole améliorant cette maintenance et l'économie d'énergie d'AODV.

2. Le protocole AODV dans les réseaux MANET

2.1. Fonctionnement du protocole AODV

Lorsqu'une station source S veut établir une route vers une destination D pour laquelle aucun chemin n'est connu, il diffuse en broadcast un paquet RREQ (*Route Request, message de demande de route*) (voir [1] et [6]). Si une réponse RREP (*Route Reply, message de réponse à un RREQ*) est reçue par la source, alors l'opération de découverte de route est terminée (voir Figure 1).

Le protocole AODV maintient la route valide de la source à la destination d'une façon distribuée en gardant une table de routage, au niveau de chaque station de transit vers D. Une route est maintenue aussi longtemps qu'elle continue à être active, c'est-à-dire tant que des données transitent entre la source et la destination [4]. Le lien expire quand il n'y a plus de données en transit, et au bout d'un délai appelé ACTIVE_ROUTE_TIMEOUT, le processus s'arrête.

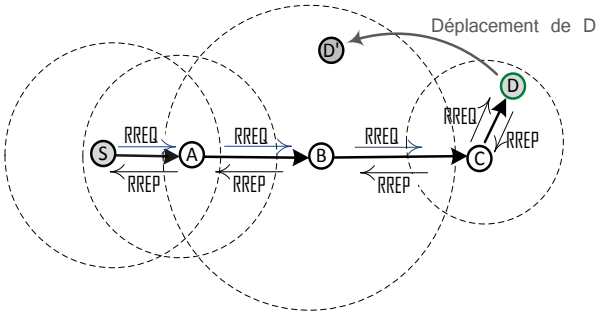


Figure 1. *Construction d'une route valide avec le protocole AODV*

Si la route valide est rompue à cause de la mobilité lors de l'envoie de données, grâce au nœud extrémité le protocole AODV envoie un paquet RERR (*Route Error, message qui signale la perte d'une route*) vers le nœud source pour le prévenir que la destination est désormais injoignable voir Figure 1. Ensuite, les entrées des tables de routage participant à la construction du chemin valide qui sont concernées par la défaillance sont supprimées. Le nœud source recommence (voir [7], [3]) le processus de découverte de route en diffusant en broadcast un paquet RREQ.
Le processus de réparation à la source ainsi décrit est coûteux en terme de durée d'échange, de paquets échangés et d'énergie utilisée dans le processus de transmission de données, de la qualité de service.

3. Réparation de la route

3.1. Réparation local d'une défaillance

Dans cette section, nous proposons une méthode de réparation locale des liens rompus. Pour ce faire, nous proposons des scenarios liés à la topologie des stations.
Dans le cas de la Figure 1, la station D se déplace de la zone C vers la zone B en D'. La route valide [S, A, B, C, D] est rompue. Dans notre approche, la station C envoie un RREQ à ces voisins pour une réparation locale, voir Figure 2.a. Lorsqu'aucun voisin ne répond au RREQ de C, le processus s'arrête après expiration du lien. La station B reçoit le RREQ contenant les adresses IP de la station C et D et le drapeau LOCAL_REPAIR par VRAI. La station B contenant D émet le paquet RREP à C, avec le champ DST_ANSWER par VRAI.
La station C transmet les données conservées dans son cache, destinées à D à la station B qui les livre à D'. La station B envoie un RREP à la source et aux nœuds sur le chemin inverse valide, pour une mise à jour de la table de routage. Les nouveaux paquets de la source, destinés à D seront désormais transmis par le chemin [S, A, B , D'].

3.2. Anticiper une rupture de lien par mobilité

Dans cette section nous nous plaçons dans un environnement de mobilité des stations ayant des zones de communications circulaires, de rayons différents (voir Figure 2.b). La zone de communication de la station C est incluse dans celle de B, on a une configuration '' parapluie''.

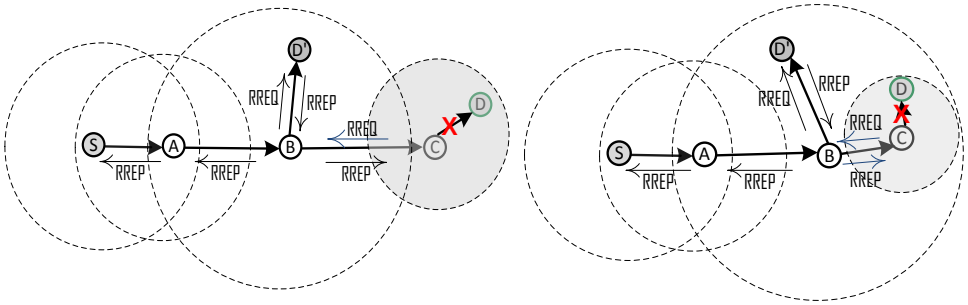


Figure 2. *Maintenance d'une rupture de route.*

La transmission de données de la source S à la destination D se fera en suivant la route [S, A, B, C, D]. La défaillance de chemin surviendra dès que D sortira de la zone de C. Cela va entraîner une réparation depuis la source par le protocole AODV ou une réparation locale AODV-local. Il est possible d'anticiper cette défaillance en prévoyant la position du nœud destinataire D dans le temps.
Dans notre approche on suppose que les nœuds C et D ont des zones de communication (représentées par des cercles en pointillés) incluses dans celles de B. Cependant, lorsque D se déplace de la zone C à la zone B, la route valide [S, A, B, C, D] est rompue automatiquement (elle n'est plus valide pour la transmission de données de S vers D). Dans ce cas (voir Figure 2.b), nous proposons une approche d'anticipation.
En effet, dès que la zone de communication de C est entièrement couverte par celle de B, C envoie un paquet RREP à la source S, indiquant la prise en compte d'une autre route disponible [S, A, B, D']. Le message RREP-ACK [5] modifié est envoyé à la source S pour indiquer une nouvelle route de transmission de données. Pour distinguer les deux genres de RREQ d'AODV et AODV-local en employant un drapeau de Local_ZoneContaining (en gris dans la Figure 3).

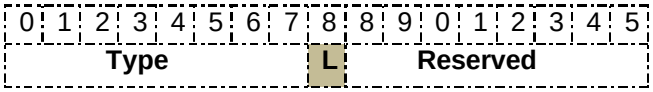


Figure 3. *Message RREP-ACK modifié*

Il est constitué d'une trame de 2 octets. Le premier octet est constitué du champ Type sur 8 bits forcé à 4 indiquant qu'il s'agit d'un message RREP-ACK. Les 8 bits suivants mis à 0 sont réservés pour l'évolution.
La route de la source S à la destination D est mise à jour. On a la route [S, A, B, D'] et il n'y a pas de rupture de lien dûe à la mobilité de D de la zone de communication C vers B.
Cette méthode a l'avantage d'isoler le nœud C dans la transmission des données de S vers D. Par conséquent l'énergie fournie par C pour le maintient de la route est économisée et le risque de collision entre les stations B et C est éliminé.

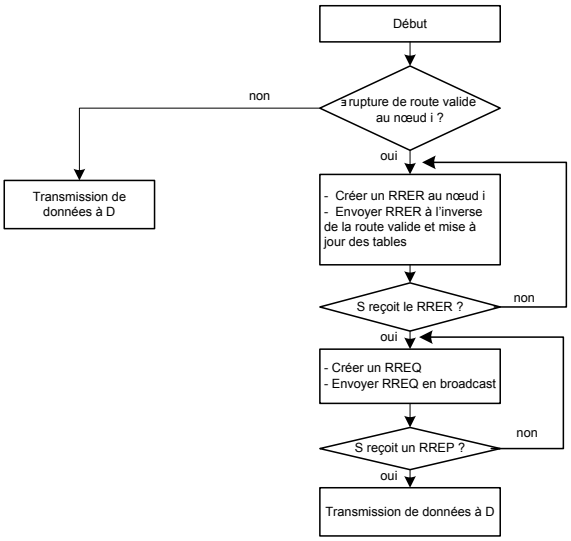


Figure 4. *Algorithme de réparation à la source (AODV)*

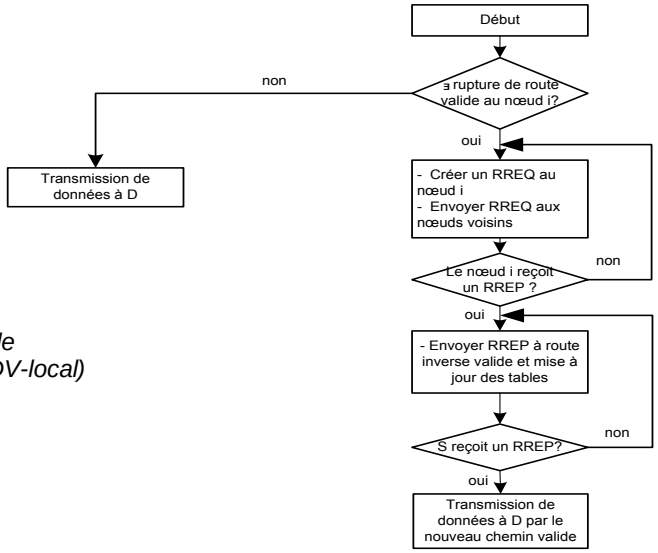


Figure 5. *Algorithme de réparation locale (AODV-local)*

4. Evaluation de notre approche

4.1. Comparaison de l'autoréparation avec AODV et AODV-local

On obtient l'évaluation ci-dessous en utilisant les algorithmes de maintenance (voir Figure 4 et Figure 5 ci-dessus). Les courbes donnent la durée de maintenance d'une rupture en fonction du nombre de nœuds du réseau.

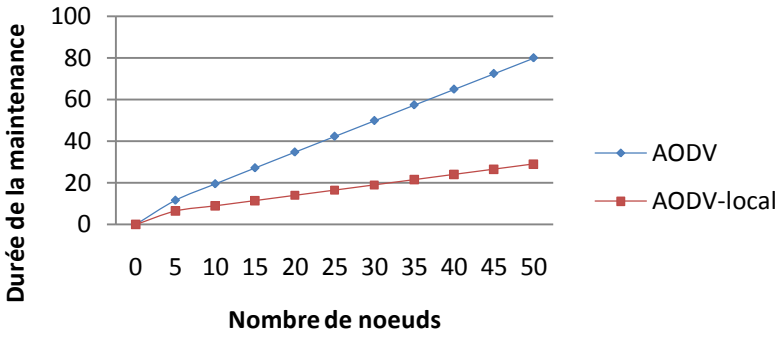


Figure 6. *Durée de maintenance des protocoles AODV et AODV-local*

4.2. Analyse des résultats

L'Analyse du protocole AODV-local montre son efficacité. Notre approche donne une durée de maintenance du système acceptable par rapport au protocole AODV pour les réseaux de grandes tailles. En effet, lorsque la transmission de données est perturbée à cause de la mobilité, le système renvoie automatiquement à un fonctionnement correct.

Conclusion

Dans cet article nous avons proposé une approche d'auto maintenance d'un réseau ad hoc. Dans notre première contribution. Nous nous sommes attachés à la réparation locale d'un lien rompu. Cela réduit le temps de transmission de données de la source à la destination tout en étant efficace.

Notre deuxième contribution s'attache à diminuer le nombre de réparations du système en anticipant sur la mobilité des stations sous certaines conditions. Cela entraine également l'économie d'énergie et moins de collisions à l'intérieur d'une zone de communication contenant d'autres émetteurs.
Les coûts (le délai de réparation, l'énergie, les pertes de données) dans la recherche d'un nouvel itinéraire lors de la transmission de données sont réduits. Ainsi, les demandes d'itinéraires sont plus rares dans le cas des ruptures de lien à cause de la mobilité.
Nous envisageons pour le futur, d'évaluer le taux des paquets livrés avec succès et l'influence négative de la vitesse de déplacement des nœuds après maintenance du réseau avec le protocole AODV-local.

Bibliographies

[1] Ashutosh Lanjewar, Neelesh Gupta. Optimizing Cost, Delay, Packet Loss and Network Load in AODV Routing Protocol, IJCSIS Vol. 11, No. 4, April 2013.
[2] Azzedine Boukerche. algorithms and protocols for wireless and mobile ad hoc networks. Wiley series on parallel And distributed computing, Editor: albert y. Zomaya, ISBN 978-0-470-38358-2
[3] Jyoti Jain, Roopam Gupta. Bandhopadhyay, "On Demand Local Link Repair Algorithm for AODV Protocol "in IJCA Volume 35– No.5, December 2011.
[4] Nagaraju Aitha, Ramachandram Srinadas, A Strategy to Reduce the Control Packet Load of AODV Using Weighted Rough Set Model for MANET. IAJIT, Vol. 8, No. 1, p108-116, January 2011.
[5] C. Perkins, E. Belding-Royer, S. Das: Ad hoc On-Demand Distance Vector (AODV) Routing, Network Working Group, July 2003, ftp://ftp.nordu.net/rfc/rfc3561.txt
[6] E.Ramaraj, V.Mathivanan, Performance Enhancement of AODV Routing Protocol Based on Network Density. IJEIT Volume 1, P37-44, May 2012.
[7] Sandeep, Manveen Singh Chadha, Rambir Joon, "Simulation and Comparison of AODV, DSR and AOMDV Routing Protocols in MANETs", (IJSCE) ISSN: 2231-2307, Volume- 2, Issue-3, July 2012.
[8] Wang, F., Huang, B. and Yang, L. T. (2010). COSR: a reputation-based secure route protocol in MANET. EURASIP Journal on Wireless communications and Networking, (pp. 1-11).

Vers une agrégation intelligente de données à base de clustering auto-stabilisant et d'agents coopératifs dans les RCSF

Mandicou Ba *, Olivier Flauzac *, Rafik Makhloufi ‡,
Florent Nolot * — Ibrahima Niang†

* Université de Reims Champagne-Ardenne
Laboratoire CReSTIC EA 3804 - Équipe SysCom
{mandicou.ba, olivier.flauzac, florent.nolot}@univ-reims.fr

† Université Cheikh Anta Diop
Département de Mathématiques et Informatique
Laboratoire d'Informatique de Dakar (LID)
iniang@ucad.sn

‡ École Nationale des Ponts et Chaussées
Laboratoire CERMICS
Equipe SOWG
makhlour@cermics.enpc.fr

RÉSUMÉ. Dans cet article, en utilisant un schéma efficace de *clustering* auto-stabilisant des RCFS, nous proposons trois scénarios de routage: *(i)* le Routage Sans Agrégation (RSA), *(ii)* le Routage avec Agrégation Partielle (RAP) et *(iii)* le Routage avec agrégation Totale (RAT). Ce dernier, le RAT, intègre un mécanisme intelligent d'agrégation de données à base de système d'agents coopératifs. Pour valider ces trois scénarios, nous évaluons et comparons leurs performances en mesurant le délai de bout en bout, la consommation énergétique et la durée de vie du réseau. Les résultats de simulation sous OMNeT++ montrent que le RSA minimise les délais de communication, le RAP réduit la consommation énergétique et le RAT prolonge la durée de vie des *cluster-heads*.

ABSTRACT. In this paper, using an efficient self-stabilizing clustering algorithm for WSNs, we present three routing approaches : *(i)* non-aggregation scenario, *(ii)* partially-decentralized scenario aggregation and *(iii)* fully-decentralized aggregation scenario. This later integrates an intelligent aggregation process based on multi-agent systems. To validate these three routing approaches, we evaluate and compare its end-to-end delay, energy consumption and network lifetime. Simulation results, under OMNeT++, show that the non-aggregation aggregation scenario provides a better end-to-end delay, the partially-decentralized aggregation scenario reduces the energy consumption and prolongs the network lifetime and fully-decentralized aggregation prolongs cluster-head's lifetime.

MOTS-CLÉS : RCSF, *Clustering* auto-stabilisant, Agrégation, Système multi-agents, OMNeT++.

KEYWORDS : WSNs, Self-stabilizing Clustering, Aggregation, Cooperative Agents, OMNeT++.

1. Introduction

Les Réseaux de Capteurs Sans Fil (RCSF) consistent en un grand nombre de dispositifs appelés capteurs. Ces derniers sont dotés de la capacité de collecter des grandeurs physiques telles que la température, la pression, le pH, etc. dans une zone d'étude. Puis, d'effectuer des traitements sur les données recueillies avant de coopérer entre eux pour les acheminer vers un centre de contrôle appelé station de base (*Base Station* (BS)). Du fait de la taille réduite des capteurs et leur faible de coût de production, les RCSF offrent de nombreuses applications pratiques et parfois sensibles notamment dans le domaine militaire, médical, environnemental etc. [1].

Cependant, dans les RCSF, deux contraintes majeures demeurent : *(i)* la faible ressource énergétique des capteurs et *(ii)* la vulnérabilité aux pannes. D'une part, les communications sont la principale source de consommation énergétique [18]. Pour réduire les communications et donc minimiser la consommation énergétique, une solution consiste à structurer le réseau en *clusters* [10]. D'autre part, les RCSF sont sujets à des pannes diverses : dysfonctionnement d'un des composants d'un capteur (module de captage ou de communication par exemple), modifications topologiques causées par la mobilité des nœuds, etc. [9]. Dans un système distribué comme les RCSF, Johnen et Mekhaldi ont montré dans [12] que l'auto-stabilisation une solution efficace de tolérance aux pannes.

Ainsi, plusieurs approches de *clustering* auto-stabilisantes ont été proposées dans le but d'optimiser les communications et de tolérer les pannes transitoires [2, 7, 8, 11, 13, 15, 16]. Ces dernières peuvent être utilisées pour le routage de l'information dans les RCSF. En outre, dans les RCSF structurés en *clusters*, l'agrégation de données, bien qu'engendrant des délais de communication supplémentaires, est une technique efficace pour optimiser le volume de données acheminées [14, 20]. Or, aucun mécanisme de routage avec agrégation n'a été proposé pour les solutions de *clustering* auto-stabilisantes décrites dans [7, 8, 11, 13, 15, 16]. Ainsi, dans ce papier, en combinant notre schéma de *clustering* auto-stabilisant proposé dans [2] avec un système d'agents coopératifs proposé par Sardouk et *al.*[1] [19], nous proposons une première approche intelligente d'agrégation de données pour l'acheminement de l'information dans les RCSF structurés en *clusters* auto-stabilisants.

Le suite de cet article est organisée comme suit. Dans la Section 2, nous décrivons notre schéma de *clustering*. Ensuite, dans la Section 3, nous présentons l'approche d'agrégation à base d'agents coopératif que nous adoptons. Puis, dans la Section 4, nous évaluons les performances des différentes solutions d'acheminement de données proposées. Enfin, dans la Section 5, nous concluons cet article et présentons quelques perspectives de recherche.

2. SDEAC et travaux connexes

Partant des constatations que les algorithmes de *clustering* auto-stabilisants sur un modèle à états [7, 8, 11] ne sont pas adaptés dans le contexte des RCSF et que les solu-

1. Dans cet article nous fusionnons les travaux décrits [2, 19] qui s'inscrivent dans le cadre du projet régional CPER CapSec ROFICA co-financé par la région de Champagne-Ardenne et les FEDER.

Tableau 1 – Comparaison analytique

	Temps de stabilisation	Mémoire par nœud	Voisinage
SDEAC	$n+2$	$(\Delta_u+1)*\log(2n+k+3)$	1 saut
Datta *et al.* [8]	$O(n)$, $O(n^2)$	$O(\log(n))$	k sauts
Caron *et al.* [7]	$O(n*k)$	$O(log(n)+log(k))$	k+1 saut
Larsson et *al.* [15]	$O(k)$; $O(g*k*\log(n))$	$O(\|G_u^k\|*(\log(n)+\log(k)))$	k sauts

tions sur un modèle à passage messages [13, 15, 16] engendrent d'importantes communications, nous avons proposé SDEAC (self-Stabilizing Distributed Energy-Aware k-hops Clustering) dans [2] dans le but d'optimiser les communications. SDEAC ne nécessite aucune initialisation, construit de *clusters* non-recouvrants de diamètre au plus $2k$, utilise le critère de l'identité maximale pour l'élection des *cluster-heads* et se fonde sur un modèle asynchrone à passage de messages. Partant d'une configuration quelconque et sans occurrence de pannes transitoires, SDEAC auto-organise le réseau en *clusters* en un nombre fini de transitions. La particularité de SDEAC est qu'elle utilise uniquement une connaissance du voisinage à 1 saut (informations locales) pour construire des *clusters* à k sauts contrairement aux solutions [8, 7, 15, 16] qui considèrent un voisinage à k sauts. Nous avons validé SDEAC par preuve formelle dans [2] en montrant qu'une configuration légale est atteinte en au plus $n+2$ transitions. De plus, il requiert $(\Delta_u+1)*\log(2n+k+3)$ bits pour chaque nœud u du réseau où, n la taille du réseau, k le rayon maximal des *clusters* et Δ_u le nombre de voisins de u. Le tableau 1 illustre une comparaison analytique du temps de stabilisation, de l'occupation mémoire et du voisinage de SDEAC avec ceux des solutions [8, 7, 15]. Dans [3], nous avons mené une étude comparative de SDEAC avec la solution décrite dans [16] qui opère dans un modèle identique. Les résultats ont montré que SDEAC réduit la consommation énergétique par un facteur d'au moins 2. Nous avons également proposé une généralisation du critère d'élection des *cluster-heads* dans [5] et évalué son comportement en présence de pannes transitoires dans [4]. Les résultats reflètent que SDEAC est une solution de *clustering* générique. En plus du critère de l'identité maximale, elle peut utiliser le degré ou l'énergie résiduelle des nœuds pour élire les *cluster-heads*. De plus, suite à l'occurrence de pannes, la consommation énergétique lors du *re-clustering* est très inférieure à celle du *clustering*.

Dans la suite, nous présentons trois cas d'utilisation de l'infrastructure SDEAC, dont l'un intégrant un système multi-agents coopératifs, pour l'acheminement de l'information.

3. Agrégation à base d'agents coopératifs

Le scénario d'agrégation totale que nous proposons se fonde sur les systèmes multi-agents (MAS, *Multi-Agent Systems*) [19]. Nous l'intégrons dans un mécanisme de routage pour acheminer les informations collectées par les capteurs vers la BS.

3.1. Scénario d'agrégation

Un agent implémenté sur chaque nœud permet d'utiliser les informations de routage pour établir une vue située locale et de maintenir ainsi une base de connaissance. Chaque agent pourra décider selon une stratégie donnée et d'une manière complètement décentralisée s'il veut coopérer ou non avec un autre agent voisin.

Lorsqu'un capteur collecte une information sur son environnement, son agent décide si celle-ci est importante. Si c'est le cas, il initie l'agrégation en envoyant une demande de coopération à ses voisins directs afin qu'ils puissent participer, s'ils le souhaitent, à la session d'agrégation en cours. Si un agent décide de coopérer, alors il envoie au demandeur les informations collectées par son nœud. Si l'agent qui reçoit la demande de coopération est utilisé comme passerelle par le demandeur, alors il envoie directement une demande de coopération à ses voisins directs en attendant de recevoir l'agrégat calculé par l'agent demandeur. Lorsque le nœud demandeur reçoit les informations de ses voisins directs, il les concatène et élimine les redondances avant d'envoyer le résultat (i.e. l'agrégat) à sa passerelle. Cette dernière fusionne les informations de ses voisins avec l'agrégat reçu, puis envoie le résultat à sa passerelle. Cette procédure se répète jusqu'à ce que les données agrégées atteignent la station de base.

3.2. Coopération entre agents

La stratégie de coopération que nous définissons prend en compte plusieurs paramètres dans le processus de prise de décision. Ces paramètres sont le niveau d'importance des informations collectées ($\mathcal{I}$), le niveau d'énergie résiduelle des capteurs ($\mathcal{E}$), leur position dans le réseau ($\mathcal{P}$) et la densité de celui-ci ($\mathcal{D}$). Par exemple, lorsqu'un nœud ne dispose que d'une petite quantité d'énergie, il peut refuser de participer au routage de certaines informations ou de toutes les informations lorsque son niveau de batterie est critique. Ainsi, il économise son énergie pour ne l'utiliser que dans la capture et la transmission de ses propres informations. Donc, en fonction de la valeur de ces paramètres, chaque agent calcule un coefficient $\mathcal{R}$ qui détermine la pertinence de la coopération afin de décider s'il coopère ou non à l'opération de routage. $\mathcal{R}$ est calculé selon l'équation 1 où w_e, w_d,w_p et w_i sont des coefficients de normalisation.

$$\mathcal{R} = \mathcal{E} * w_e + \frac{1}{\mathcal{D}} * w_d + \mathcal{P} * w_p + \mathcal{I} * w_i \qquad [1]$$

4. Évaluation de performances

Nous évaluons les différents scénarios d'acheminement de l'information proposés par le biais de simulation sous OMNeT++.

4.1. Scénario de routage et environnement de simulation

Pour l'acheminement des données collectées depuis les capteurs jusqu'à la BS, nous proposons trois scénarios de routage. Le premier est le Routage Sans Agrégation (RSA). Dans RSA, les données collectées par les capteurs sont directement envoyées vers la BS via les *cluster-heads*. Comme deuxième scénario, nous proposons un Routage avec Agrégation Partielle où une agrégation des données collectées au niveau de chaque *cluster* est faite par les *cluster-heads* avant d'être routées vers la BS. Enfin, pour le troisième scénario, nous proposons un Routage avec Agrégation Totale (RAT). Le RAT en œuvre une approche décentralisée d'agrégation de données en se fondant sur un système multi-agents décrit ci-dessous et illustré dans la figure 4 de l'annexe 4.

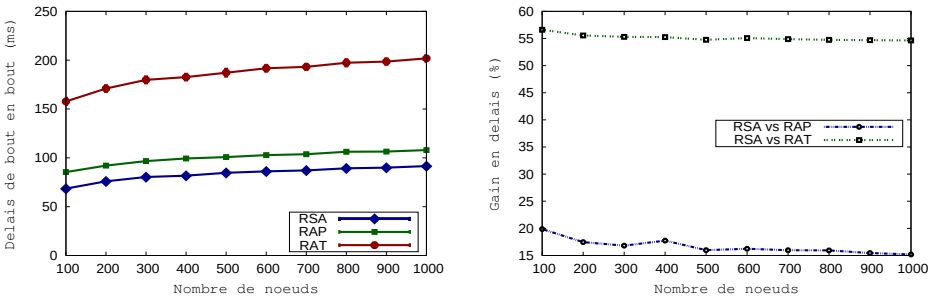
Nous validons ces trois scénarios de routage décrits ci-dessus par simulation sous OMNeT++ [2]. Pour ce faire, nous utilisons les modèles de référence pour représenter la consommation d'énergie et les topologies réseaux (cf. annexe 1).

4.2. Résultats de simulation

Dans cette section, nous présentons les résultats des évaluations des métriques du délai de bout en bout, de la consommation énergétique et de la durée de vie du réseau. Ces trois métriques sont définis dans l'annexe 2. Les différents paramètres utilisés dans les simulations sont présentés dans l'annexe 3.

4.2.1. Délai de bout en bout

Nous entamons les évaluations de performances du RSA, du RAP et du RAT en mesurant leurs délais de bout en bout. Avec les résultats illustrés au niveau de la figure 1, nous considérons un temps de simulation fixé à 1000 secondes et un réseau de taille allant de 100 à 1000 nœuds.



(a) Délais de bout en bout de RSA, RAP et RAT (b) Rapidité de RSA comparé au RAP et RAT

Figure 1 – Délai de bout en bout

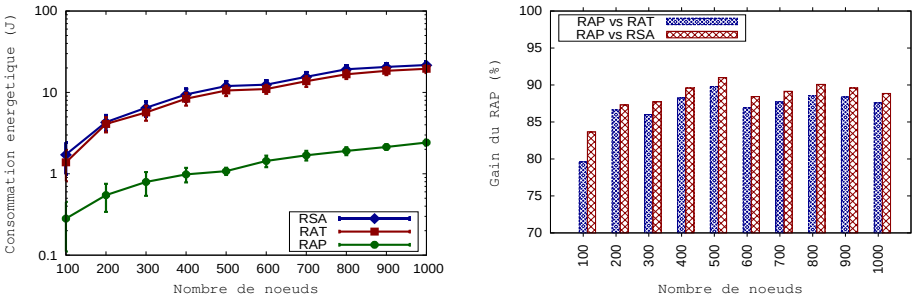
Nous observons une évolution logarithmique des délais de bout en bout en fonction de la taille du réseau. Cela montre que les trois scénarios permettent le passage à l'échelle. Puis, nous remarquons que le RSA présente un meilleur délai suivit du scénario de RAP ensuite arrive en dernière position le RAT. Plus précisément, la figure 1(b) montre que le RSA est plus rapide de 15.18% à 19.85% par rapport au RAP et de 54.64% à 56.61% par rapport au RAT. En effet, dans le RAS, il y a aucune attente. Les données collectées sont routées aussitôt, de proche en proche, jusqu'à la BS via les *cluster-heads*. Alors que dans le RAP, chaque *cluster-head* attend un temps δ_{agreg} (cf. annexe 3) pour procéder à la fusion de toutes les données de son *cluster*. Dans le cas du RAT, à chaque fois qu'un nœud collecte une donnée, une session coopération est initiée avec les nœuds du voisinage. Cela nécessite une attente afin de fusionner toutes les données venant éventuellement du voisinage qui ont accepté de coopérer. Comme ce procédé se répète tout au long du chemin jusqu'à la BS, le RAT est donc 54.64% à 56.61% plus lent que le RSA.

4.2.2. Consommation énergétique

En reprenant les expériences présentées précédemment, nous mesurons les consommations énergétiques des trois scénarios (cf. figure 2(a)). Nous constatons qu'elles suivent

2. `http://www.omnetpp.org`

une évolution logarithmique avec l'augmentation de la taille du réseau ; ce qui montre le passage à l'échelle.



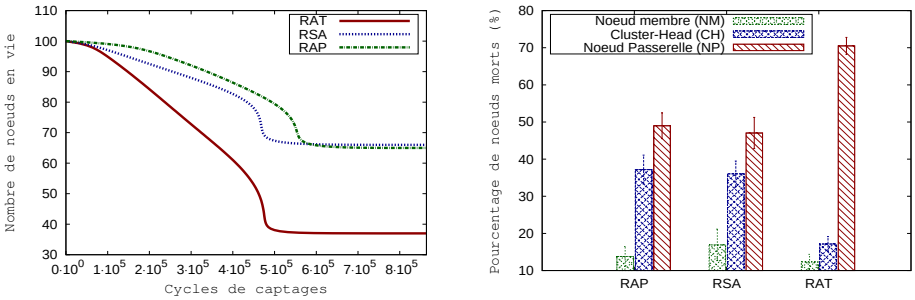
(a) RSA - RAP - RAT (b) RAP vs RSA - RAP vs RAT

Figure 2 – Consommation énergétique totale

Nous observons que le RAP consomme moins d'énergie par rapport aux deux autres scénarios. Plus précisément, La figure 2(b) montre que le RAP réduit l'énergie consommée dans le réseau de 83.67% à 91.01% par rapport au scénario de RSA et de 79.64% à 89.80% par rapport au RAT. L'avantage du RAP est que, comme durant chaque cycle de captages, un seul message contenant toutes les données collectées au sein de chaque *cluster* est envoyé par le *cluster-head* à destination de la BS, la consommation énergétique résultante en est considérablement réduite. Le RSA engendre plus de trafic car toute donnée captée est aussitôt acheminée vers la BS. Logiquement, cela augmente le trafic dans le réseau et entraine une consommation plus élevée en énergie.

4.2.3. Durée de vie du réseau

Pour évaluer la durée de vie du réseau, nous considérons le cas suivant. Nous partons d'un réseau structuré en *clusters* puis nous exécutons les trois scénarios de routage. Nous évaluons d'abord le temps auquel le premier nœud disparait du réseau du fait son épuisement énergétique. Puis, nous cherchons la durée de vie maximale du réseau avant qu'un *re-clustering*, causé par une perte de connexité totale, soit nécessaire. Nous considérons un réseau de taille fixée à 100 nœuds comme dans [10] et à toutes les secondes, chaque capteur collecte une donnée et l'envoie à destination de la BS. La figure 3(a) montre la durée vie des différents scénarios de routage.



(a) Durée de vie en cycles de captages (b) Pourcentage nœuds morts en fonction des statuts

Figure 3 – Durée de vie du réseau

Intéressons nous d'abord au temps qui s'écoule jusqu'à ce que le premier nœud disparait du réseau pour chaque Scénario. Comme nous avons fixé une période de captages à 1 seconde afin de stimuler le réseau au maximum, le premier nœud disparait après 41h56min (151018 cycles) dans le scénario du RAP, 17h41min dans le RSA et 15h42min dans le RAT. Nous constatons ainsi que le premier nœud disparait plus rapidement dans le RAT puis le RSA et le RAP. Ceci est causé par les échanges de messages nécessaires pour la coopération entre les agents dans le RAT. Donc, en considérant que le réseau est non-fonctionnel dès la disparition du premier nœud, il serait nécessaire d'effectuer un *re-clustering* à ces instants.

Supposons que le réseau reste toujours fonctionnel afin d'évaluer la durée de vie maximale que nous pouvons avoir jusqu'à la perte de connexité totale. Celle-ci est matérialisée par les courbes qui restent constantes et ne décroissent plus. Nous constatons qu'elle intervient dès la disparition d'environ 35% des nœuds du réseau dans le RAP et RSA. Dans le RAT, elle est observée à partir de la disparition d'environ 63% de nœuds du réseau. En effet, d'après la figure 3(b), la perte de connexité totale dans le RAP et le RSA est causée par la disparition d'environ 37% des *cluster-heads* du réseau. Dans le RAT, environ 17% des *cluster-heads* ont disparu à la perte de connexité totale. Nous obtenons donc la durée de vie maximale dans le RAT avant qu'un *re-clustering* ne soit nécessaire. En effet, dans le RAT, les *cluster-heads* qui coordonnent les communications sont ménagés au détriment des autres nœuds qui travaillent le plus. Nous pouvons également noter que dans le RAP, l'agrégation partielle au niveau des *cluster-heads* réduit les messages qui transitent dans le réseau. Donc, il prolonge la durée de maximale comparé au RSA.

5. Conclusion et perspectives

Dans cet article, en utilisant un schéma efficace de *clustering* auto-stabilisant, nous avons proposé trois scénarios de routage pour l'acheminement de l'information dans les RCSF : *(i)* le Routage Sans Agrégation (RSA), *(ii)* le Routage avec Agrégation Partielle et *(iii)* le Routage avec Agrégation totale (RAT). Ce dernier, le RAT, intègre un mécanisme intelligent d'agrégation de données à base de système d'agents coopératifs.

Pour valider ces scénarios, nous avons évalué et comparé leurs performances en mesurant le délai de bout en bout, la consommation énergétique et la durée de vie du réseau. Les résultats de simulation sous OMNeT++ ont montré que le RSA minimise les délais de communication, le RAP réduit la consommation énergétique totale et le RAT prolonge la durée de vie des *cluster-heads*.

Dans nos futurs travaux, comptons orienter nos recherches vers deux axes. *(i)* Comparer les approches que nous mis en œuvre avec d'autres solutions de la littérature. *(ii)* Mener une étude de cas de nos solutions dans la plateforme *IoT-LAB* [3].

6. Bibliographie

[1] I. F. Akyildiz, W. Su, Y. Sankarasubramaniam, and E. Cayirci. Wireless Sensor Networks : a survey. *Computer Networks*, pp. 393–422, 2002.

[2] M. Ba, O. Flauzac, B Haggar, F. Nolot, and I. Niang. Self-Stabilizing k-hops Clustering

3. https ://www.iot-lab.info

Algorithm for Wireless Ad Hoc Networks. In 7th ACM IMCOM, pp. 1–10, 2013. **Best Paper Award**.

[3] M. Ba, O. Flauzac, R. Makhloufi, F. Nolot, and I. Niang. Comparison Between Self-Stabilizing cCustering Algorithms in Message-Passing Model. In 9th ICAS, pp. 27–32, 2013.

[4] M. Ba, O. Flauzac, R. Makhloufi, F. Nolot, and I. Niang. Fault-Tolerant and Energy-Efficient Generic Clustering Protocol for Heterogeneous WSNs. J. Net. Serv., 231–245, 2013.

[5] M. Ba, O. Flauzac, R. Makhloufi, F. Nolot, and I. Niang. Evaluation Study of Self-Stabilizing Cluster-Head Election Criteria in WSNs. In 7th CTRQ, pp. 64-69, 2013. **Best Paper Award**.

[6] S. Balamurugan, S. Saraswathi, and A. Mullaivendhan. Delay Sensitive Optimal Anycast Technique to Maximize Lifetime in Asynchronous WSNs. J. Proc. Eng., 3351 – 3361, 2012.

[7] E. Caron, A. Datta, B. Depardon, and L. Larmore. A Self-Stabilizing k-Clustering Algorithm for Weighted Graphs. J. Parallel Distrib. Comput., pp. 1159–1173, 2010.

[8] A. Datta, S. Devismes, and L. Larmore. A Self-Stabilizing O(n)-Round k-Clustering Algorithm. In 28th IEEE SRDS, pp. 147–155, 2009.

[9] X. Han, X. Cao, E. Lloyd, and C. Shen. Fault-Tolerant Relay Node Placement in Heterogeneous Wireless Sensor Networks. IEEE Trans on Mobile Comp, 643–656, 2010.

[10] W. Heinzelman, A. Chandrakasan, and H. Balakrishnan. Energy-Efficient Communication Protocol for Wireless Microsensor Networks. In the 33rd IEEE HICSS, pp. 8020–8013, 2000.

[11] C. Johnen and L. Nguyen. Robust Self-Stabilizing Weight-Based Clustering Algorithm. *Theoretical Computer Science*, pages 581–594, 2009.

[12] C. Johnen and F. Mekhaldi. Self-Stabilization Versus Robust Self-Stabilization for Clustering in Ad-Hoc Network. In the 17th Euro-Par, pp. 117–129, 2011.

[13] J. Kuroiwa, Y. Yamauchi, W. Sun, and M. Ito. A Self-Stabilizing Algorithm for Stable Clustering in Mobile Ad-Hoc networks. In NTMS, pp. 1–7, 2011.

[14] T. Lambrou and C. Panayiotou. A Survey on Routing Techniques Supporting Mobility in Sensor Networks. In 5th MSN, pp. 78–85, 2009.

[15] A. Larsson and P. Tsigas. A Self-Stabilizing (k,r)-Clustering Algorithm with Multiple Paths for Wireless Ad-hoc Networks. In 31st IEEE ICDCS, pp. 353–362, 2011.

[16] N. Mitton, E. Fleury, I. Guerin L., and S. Tixeuil. Self-Stabilization in Self-Organized Multihop Wireless Networks. In ICDCSW, pp. 909–915, 2005.

[17] T. Padmavathy and M. Chitra. Extending the Network Lifetime of Wireless Sensor Networks using Residual Energy Extraction - Hybrid Scheduling Algorithm. IEEE/ACM Trans. Netw. 98–106, 2010.

[18] G. Pottie and W. J Kaiser. Wireless integrated network sensors. Communications of the ACM, pp. 51–58, 2000.

[19] A. Sardouk, R. Rahim-Amoud, L. Merghem-Boulahia, and D. Gaïti. Power-aware agent-solution for information communication in wsn. Telecommun Sys, pp. 329–338, 2011.

[20] Y. Wen, T. Anderson, and D Powers. On Energy-Efficient Aggregation Routing and Scheduling in IEEE 802.15.4-Based WSNs. Wirel. Com. Mob. Comput., 232–253, 2012.

Annexe 1 : Modèle de réseaux et Modèle énergétique

Pour les topologies réseaux, comme utilisé dans [16], nous considérons des topologies quelconques dont la génération suit une loi de Poisson d'intensité constante ($\lambda > 0$). Le paramètre λ représente alors le degré moyen du réseau. Afin de modéliser la consommation énergétique des capteurs, nous nous fondons sur le modèle de référence proposé par Heinzelman et *al.* dans [10]. Chaque nœud consomme une quantité d'énergie égale à E_{Tx} lorsqu'il transmet un message de l bits sur une distance de d mètres. Comme le montre l'équation 2, lorsque la distance dépasse un certain seuil, le modèle de consommation d'énergie change car le capteur consomme plus d'énergie.

$$E_{Tx}(l,d) = \begin{cases} l * E_{elec} + l * \varepsilon_{fs} * d^2, & \text{si } d < d_0; \\ \\ l * E_{elec} + l * \varepsilon_{mp} * d^4, & \text{si } d \geq d_0. \end{cases} \quad [2]$$

Lorsqu'un nœud reçoit un message, il consomme la quantité d'énergie E_{Rx} décrite dans l'équation 3.

$$E_{Rx}(l) = l * E_{elec} \quad [3]$$

Les paramètres des équations 2 et 3 sont donnés dans le tableau 2.

Paramètre	définition	Unité
E_{elec}	Énergie pour faire marcher la radio	$50nJ/bit$
ε_{fs}	Modèle d'espace libre de l'amplificateur de l'émetteur	$10pJ/bit/m^2$
ε_{mp}	Modèle multi-path de l'amplificateur de l'émetteur	$0.0013\,pJ/bit/m^4$
l	Taille d'un message	2000 bits
d_0	Seuil de distance	$\sqrt{\varepsilon_{fs}/\varepsilon_{mp}}$

Tableau 2 – Paramètres du module radio utilisés

Annexe 2 : Métriques d'évaluation

Délai de bout en bout

Le délai de bout en bout est défini comme étant le temps d'acheminement de l'information depuis un capteur source jusqu'à la BS [6].

Plusieurs facteurs influent sur ce délai. Nous avons le temps de propagation (δ_{prop}) qui est le temps nécessaire pour la transmission du message entre deux nœuds. Le temps de traitement (δ_{trait}) qui représente le temps nécessaire à un nœud pour réceptionner un message (démodulation), faire le traitement requis (récupérer l'adresse de destination et chercher la route dans le table de routage) puis retransmettre (modulation) vers la destination. Et le temps d'agrégation δ_{agreg} représente le temps d'attente pour fusionner les données. En fonction de ces différents facteurs et du nombre liens de communication $\mathcal{N}$ qui est égal à $\alpha + 1$ avec α le nombre de nœuds traversés par un message, le délai de bout en bout pour chaque message délivré à la BS est calculé comme suit :

$$\Delta T = \mathcal{N} * (\delta_{prop} + \delta_{trait} + \delta_{agreg}) \quad [4]$$

Dans le RSA, δ_{agreg} est nul car aucun nœud n'effectue d'agrégation. Pour le scénario de RAP, chaque *cluster-head* va attendre δ_{agreg} pour agréger les données de son *cluster*. Et pour le scénario de RAT, tout nœud attend un temps δ_{agreg} pour la coopération avec ses voisins. Les valeurs des paramètres δ_{prop}, δ_{trait} et δ_{agreg} sont données dans le tableau 3 de l'annexe 3. Dans chaque scénarios, nous supposons que le temps de propagation, le temps de traitement et le temps d'agrégation sont identiques sur tous les nœuds réseau.

Consommation énergétique totale

Nous calculons la consommation énergétique totale sur la base du modèle énergétique de Heinzelman et *al.* [10] (cf. Équations 2 et 3) suit :

$$\mathcal{E}_{totale} = \sum_{i=0}^{n-1} \mathcal{M}_i^{env} * E_{Tx}(l,d) + \sum_{i=0}^{n-1} \mathcal{M}_i^{rec} * E_{Rx}(l) \qquad [5]$$

La consommation énergétique totale dépend fortement des communications c'est à dire des échanges de messages dans le réseau. En d'autres termes, plus il y a d'échanges de messages dans le réseau, plus la consommation énergétique est importante. En effet, comme la consommation énergétique pour les traitements CPU et les opérations de captage est très négligeable comparé à celle des communications (envois/réceptions de messages), elle est négligée dans le calcul de $\mathcal{E}_{totale}$ [10].

Dans l'équation 5, $\mathcal{M}_i^{env}$ et $\mathcal{M}_i^{rec}$ désignent respectivement le nombre totale de messages envoyé et reçu par un capteurs i. $E_{Tx}(l,d)$ et $E_{Rx}(l)$ sont calculés respectivement à partir des équations 2 et 3 de Heinzelman et *al.* [10].

Durée de vie du réseau

La durée de vie du réseau est définie comme étant le temps qui s'écoule ou le nombre de cycles de captages depuis le déploiement des nœuds jusqu'au moment où le réseau devient non-fonctionnel [17].

Le réseau est considéré comme non-fonctionnel selon les spécificités de l'application pour laquelle il a été déployé. Pour certaines applications critiques, le réseau est considéré comme non-fonctionnel dès la mort du premier nœud dans le réseau. Un nœud u est considéré comme mort dès l'épuisement de son énergie ($\mathcal{E}_u^{disp} = 0$). Dans ce cas, le nœud ne peut plus émettre ni réceptionner de messages. Pour d'autres applications, le réseau est considéré comme non-fonctionnel à partir de la mort d'un certain pourcentage de nœuds. Le réseau peut également être considéré comme non-fonctionnel dès la perte de la connexité totale, c'est-à-dire à partir du moment où la BS n'est plus atteignable depuis n'importe quel nœud du réseau.

Nous évaluons la durée de vie du réseau dans chacun des trois scénario de routage (RSA, RAP et RAT) en mesurant d'abord le temps qui s'écoule et le nombre de cycles de captages depuis le déploiement des nœuds jusqu'à ce que le premier nœud meurt (($\mathcal{E}_u^{disp} = 0$)). Ensuite, nous évaluons la durée de vie maximale du réseau jusqu'à la perte de connexité totale. L'idée est d'évaluer le nombre de nœuds i dont l'épuisement totale de la batterie peut conduire à une perte de connexité.

Annexe 3 : Paramètres de simulation

Dans la stratégie de coopération des agents, nous attribuons équitablement un poids de 0.25 à chacun des critères pour le calcul du coefficient de pertinence de la coopération. Pour favoriser un ou plusieurs critère (s) au détriment des autres, il est possible de jouer sur la valeur du poids qui leurs sont attribués. Nous fixons le seuil de pertinence $\mathcal{R}$ dans l'intervalle $[0.5; 0.99]$. Dès qu'un agent calcule une valeur de pertinence comprise dans cette intervalle, alors il décide de coopérer. Nous avons fixé cette intervalle assez large dans le but de simuler le réseau au maximum favorisant ainsi le plus d'échanges possibles et de considérer au mieux des conditions extrêmes de consommation énergétique. Pour cette même raison, nous avons fixé l'intervalle de captages à une (1) seconde.

	Paramètres	Valeur
Constantes	Taille d'un message	2000 bits
	Portée radio	100 mètres
	Modèle de graphe	Distribution de Poisson
	Nombre de simulations pour chaque taille du réseau	100
	Intervalle de confiance	99%
	Paramètre k	2
	Degré moyen du réseau	6
	Intervalle de captage τ_s	1 s
	Délais de propagation δ_{prop}	0.3 μ_s
	Délais de traitement δ_{trait}	15.36 ms
	Délais d'agrégation δ_{agreg}	40 ms
	Poids pour la stratégie des agents (w_e, w_p, w_d, w_i)	0.25
Variables	Énergie initiale	{1,2,3} Joules
	Seuil de Pertinence $\mathcal{R}$	$[0.5; 0.99]$
	Nombre de nœuds	[100,1000]
	Temps de simulation $\mathcal{T}$	$1000s$, 10 jours

Tableau 3 – Paramètres de simulation pour l'évaluation des scénarios de routage

Dans le but de considérer un RCSF hétérogène avec des nœuds dotés d'une faible capacité énergétique, nous attribuons à chaque nœud une valeur énergétique initiale prise aléatoirement à 1, 2 ou 3 joules. Pour étudier le passage à l'échelle, nous considérons des réseaux de taille allant de 100 à 1000 nœuds par pas de 100.

Pour évaluer le délai de bout en bout et la consommation énergétique nous considérons un temps de simulation de 1000 secondes qui est la valeur la plus utilisée dans le littérature. Pour mesurer la durée du vie du réseau, nous fixons un temps de 10 jours dans les simulations. Ceci dans l'optique de laisser un temps suffisamment long pour qu'un certain nombre de nœuds puissent épuiser totalement leur énergie.

Pour le délai de propagation δ_{prop} et de traitement δ_{trait}, nous utilisons respectivement les valeurs 0.3 μs et 15.36 ms telles que définies dans la norme $802.15.4$ proposée par

Taks Group (TG4) [4]. Pour le délai d'agrégation δ_{agreg}, nous utilisons la valeur de 40 ms [19].

Nous supposons le scénario suivant dans nos simulations. Nous avons un réseaux de capteurs où les nœuds sont équipés d'un capteur de température. Ainsi, durant la période d'observation considérée (temps de simulation), à toutes les secondes (cycle de captages), tous les nœuds recueillent la température environnant et l'envoie à destination de la BS.

Annexe 4 : Schématisation de notre mécanisme d'agrégation à base de système multi-agents

La figure 4 illustre l'exemple d'un nœud source d'identité 35 du **Cluster 40** qui détecte un événement important, demande à ses voisins directs 0, 15 et 17 de coopérer, agrège les données reçues et les siennes puis envoie l'agrégat qui en résulte à son nœud de passage d'identité 17. Dans cet exemple, le nœud 46 du **cluster 51** décide de ne pas coopérer étant donnée sa position critique (voisin direct de la BS et passerelle) et ses réserves d'énergie qui s'épuisent vite à cause de son emplacement.

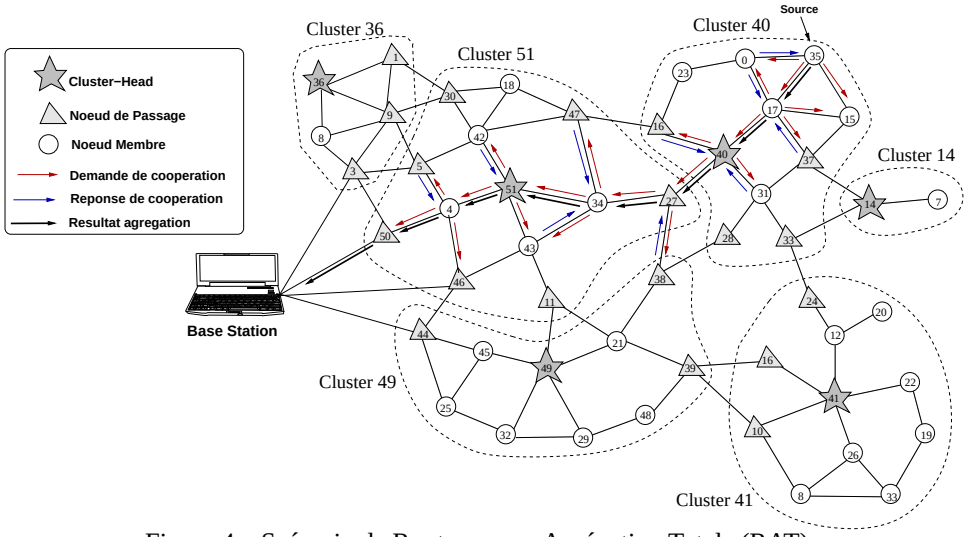


Figure 4 – Scénario de Routage avec Agrégation Totale (RAT)

4. http://www.ieee802.org/15/pub/TG4.html

Mesh Router Nodes placement in Rural Wireless Mesh Networks

Jean Louis Fendji Kedieng Ebongue*, Christopher Thron**, Jean Michel Nlong*, Karl-Heinz Rodiger***

*The University of Ngaoundéré
CAMEROON

lfendji@univ-ndere.cm, jmnlong@univ-ndere.cm

** Texas A&M University Central Texas

USA

thron@ct.tamus.edu

*** Universität Bremen

GERMANY

roediger@informatik.uni-bremen.de

RÉSUMÉ. Le problème de placement de nœud routeur dans les réseaux maillés sans fil est connu comme étant NP difficile. Dans ce papier, le problème est adressé sous une contrainte de modèle de réseau adapté aux zones rurales où nous observons généralement une population clairsemée à faible densité. Nous considérons premièrement la zone initiale comme étant décomposée en zones élémentaires qui peuvent être optionnelles en couverture ou non, et où on peut placer un nœud ou non. Nous proposons par la suite un algorithme basé sur l'approche du Metropolis pour assurer la couverture. L'évaluation de l'algorithme proposé sur une instance de réseau a donné un pourcentage de couverture proche de 100 avec un nombre de routeur optimal.

ABSTRACT. The problem of placement of mesh router nodes in Wireless Mesh Networks is known to be a NP hard problem. In this paper, the problem is addressed under a constraint of network model tied to rural regions where we usually observe low density and sparse population. We consider the area to cover as decomposed into a set of elementary areas which can be required or optional in terms of coverage and where a node can be placed or not. We propose an effective algorithm to ensure the coverage. This algorithm is based on metropolis approach. We evaluated the proposed algorithm on an instance network. A close to 100 percent coverage with an optimal number of routers showed the efficiency of our approach for the mesh router node placement problem.

MOTS-CLÉS : Réseaux maillés sans fil, Placement de nœud routeur maillé, Metropolis.

KEYWORDS: Metropolis, Wireless Mesh Networks, Mesh router node placement.

1. Introduction

Wireless Mesh Networks (WMNs) [1] are composed of mesh nodes connected in a mesh topology. This kind of network based on WiFi technology is an appealing solution to bridge the digital divide observed between rural and urban regions. Especially in developing countries, WMNs can play a crucial role in the national development; since rural activities like farming and agriculture still remain the pillars of the economy in these countries. The success of this kind of network is due to the low cost of the Wifi technology when comparing to other (especially WiMax) and the continuous capacity improvement of this technology in terms of throughput and coverage. WMN in rural region is usually composed of one gateway which connects the network to Internet, and a set of mesh routers (MRs) and mesh clients. Similar to normal routers, MRs incorporate some functionality to support mesh networking.

The performance in terms of connectivity and coverage of a WMN relies on an optimal placement of MRs. In rural regions, especially in developing countries, a real concern when designing such a network is the overall cost. By its nature, the problem of mesh node placement requires a multi objective approach; since it is a NP-hard combinatorial optimization problem which cannot be solved in polynomial time. Usually these objectives seem to be contradictory like: minimising the number of MR while keeping or extending the coverage.

In this paper, we address the problem under a constrained network model tied to rural regions where we usually observe low density and sparse population. We first decompose the area to cover into elementary areas which can be required (school, hospital…) or optional (farm, road…) in terms of coverage and where a node can be placed or not. The objectives here are: (1) to minimise the number or MR and the coverage of optional areas; (2) to maximise the coverage of required areas. We firstly define the network model and provide a formulation of the placement problem in rural region. Afterwards, we propose an effective heuristic to obtain a close to optimal coverage of required areas using a minimal number of router. The algorithm is based on metropolis approach. Finally, we evaluate the proposed algorithm on an instance network using Scilab 5.4.0. A close to 100 percent coverage with a minimal number of routers shows the efficiency of our approach for the mesh router node placement problem.

The rest of the paper is organised as follows: In section 2, we briefly present the previous work in the literature. In section 3, we give the network model and a formulation for the placement problem. The simulated annealing approach for this problem is described in section 4. In section 5, we present the experimental setup to evaluate our approach and discuss the results. We finally conclude the paper in section 6.

2. Related Work

The most of work in WMN planning done in rural regions could be considered as partial design since they depend on existing gateway(s).

The mesh router node placement is a crucial aspect of the network design and it depends on the topology of the region. According to the network model and the problem statement, different approaches have been proposed to solve the problem of node placement in WMN. Since this problem is known to be hard [2], search techniques and meta-heuristic are usually used [3, 4, 5, 6, 7]. The region to be covered, usually called the universe, can be considered as continuous (a whole region), discrete (a set of predefined positions) or network (undirected weighted graph).

In [3], the mesh nodes placement problem is tackled using annealing approach. It considers the version of the mesh node placement problem where: given a 2D area where to distribute a number of MR nodes and a number of mesh client nodes of fixed positions (of an arbitrary distribution) they have to find a location assignment for the MRs that maximizes the network connectivity and client coverage.

In [4], the authors study efficient MR placement in WMN. Their MR placement problem is the determination of a minimum set of positions among the candidate positions in such a way that the MRs situated in these positions cover the given region.

Previous works in mesh node placement usually addressed urban region models with a dense population and a whole region to cover.

3. Network Model and Problem Statement

3.1. Network Model

In rural region, there is no need to cover a whole region. A given region is usually composed of sparse areas of interest (IA) where the signal must be spread (like a market, a school, a hospital…); optional area (OA) where the signal can be spread or not (great farms for example) and where we can place a node and finally prohibiting area (PA) where a node cannot be placed (a lake or a road). The network usually contains only one gateway (IGW) generally fixed and connected to Internet by Satellite. We consider routers with omni-directional antenna and assume them to have the same coverage so that a router can be represented by a circle.

To be more realistic, the area to cover is modelled as a two-dimensional irregular form in a two-dimension coordinate plane. We consider the smallest rectangle that can contain the irregular form. Therefore, we assume that this rectangle is decomposed in small square forms called elementary area (EA) in other to obtain a grid. Hence, we obtain a

set of elementary area of interest (IEA) and a set of prohibitive elementary area (PEA). Thinking like this, we can define different two-dimensional matrices to characterise each EA. Let consider the matrices: Cover defining whether an EA requires coverage or not; and Place whether in an EA we can place a node. Therefore, an EA at position (x, y) can be characterised by (1), (2) and (3):

$$Cover(x,y) = \begin{cases} 0 \rightarrow coverage\ not\ required \\ 1 \rightarrow coverage\ required \end{cases} \quad (1)$$

$$Place(x,y) = \begin{cases} 0 \rightarrow cannot\ place\ a\ node \\ 1 \rightarrow can\ place\ a\ node \end{cases} \quad (2)$$

$$CoverDepth(x,y) = \begin{cases} 0 \rightarrow no\ coverage \\ x \rightarrow covered\ by\ x\ routers \end{cases} \quad (3)$$

Figure 1 illustrates the result of a decomposition of a region into a set of EA.

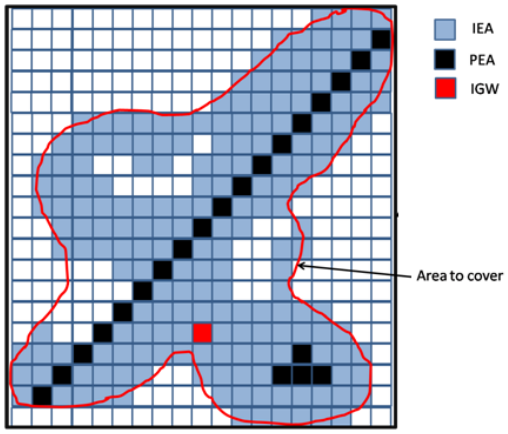


Figure1: An example of region decomposed in EA

The population is not so dense like in urban region; thus, we consider a uniform repartition of clients, which means each EAI has the same number of client. We consider routers to have the same radius (r). This radius is expressed in number of EA. r= 4 means that the radius stretches over 4 EAs.

Let p an EA at position (x, y). If a MR is located in p, then the set of EA cover by this MR is given by (4).

$$\forall (x,y), x^2 + y^2 < r^2 \quad (4)$$

3.2. Problem Statement

The main concern when deploying WMN in a rural region is the overall cost. This cost is influenced by the number of MR. The more the region to cover is big, the more we need router and the cost is increased. So to minimise cost, we need to cover only areas of interest. Therefore, the MR placement problem in rural regions can be described as the determination of minimum set of positions which maximises the coverage of required areas minimises the coverage of optional areas while minimising the number of MRs.

4. Metropolis approach

4.1. Algorithm

Metropolis algorithm is a meta-heuristic designed to solve global optimization problems by finding a good approximation to the global optimum. Metropolis algorithm is a specialisation of simulated annealing algorithm with a non-variant temperature. A pseudo code for metropolis algorithm is the following:

```
Set T
S := Initial Solution()
V := Evaluate(S)
while (stopping condition not met) do
        St := Generate(S)
        Vt := Evaluate(St)
        if Accept(V,St,T ) then
                S:= St
                V := Vt
        end if
end while
return S
```

T is the temperature, S the solution, St the temporary solution, V the value of the fitness function and Vt the temporary value of V.

4.2. Particularisation of the algorithm

4.2.1. Algorithm parameters

Initialisation: The first step is to determine the number of router for a given region. The minimum number of router is given by (5).

Because this minimal number cannot ensure the coverage and the connectivity of the required areas (since routers should overlap), we use an initial number of routers given by (6).

$$\boldsymbol{nr_{min} = \lceil \sum Cover\ (x, y)\ \ / (r^2 * 3.14) \rceil} \quad \boldsymbol{(5)}$$

$$\boldsymbol{nr_{min} < nr_{init} < 2 * nr_{min}} \quad \boldsymbol{(6)}$$

During this phase, routers are place randomly in the region only on areas of interest. For each router we randomly select an EA. we check if Cover(EA)=1 and Place(EA)=1 then the current router can be placed there. Otherwise, we continue by selecting and EA. The initialisation ends when all routers are placed with Cover(EAi)=1 and Place(EAi)=1.

Movement: We define a set of movement and we move only one router at the same time. The movement is randomly selected. A movement from EAi to EAj is accepted if the Cover(EAj)=1.

Fitness function: The evaluation of fitness function consists to count the number of covered IEA. This is done by (7) after the initialisation. To be more efficient we calculate only the change in the coverage. Since we move only one router at the same time, we consider the EAs of this router which are concerned by the movement.

$$f = \sum sign(CoverDepth. * Cover) \quad (7)$$

$$f_{i+1} = f_i + \Delta f_{i \to i+1} \quad (8)$$

Acceptability criteria: The main difference between Metropolis and Hill Climbing is that even if $\Delta f_{i \to i+1}$ is negative, the movement is accepted with a certain probability influenced by the temperature T (9) with x a random number such as 0< x <1.

$$rand(x) < exp(T * \Delta f_{i \to i+1}) \quad (9)$$

Stopping condition: If the value of the fitness function does not improve after a certain number of iteration (nbtostop), we supposed having reached the optimal.

4.2.2. The optimal number of router

After ensuring a desire percentage of coverage, the next objective is to minimise the number of MR while keeping this percentage. We will remove one router each time and perform movements with the rest. If the desired coverage percentage is satisfied, we continue to remove until it goes down the threshold. Therefore, we consider the previous number and placement of router to be optimal. To remove a router, three strategies can be used: (1) Remove circle with minimum single-coverage; (2) Remove circle with minimum coverage and (3) Remove circle with maximum over-coverage.

5. Experimental results

To evaluate our proposed algorithm, we consider a grid of 200x200 with r=8. The unity is the size of an EA. If size(EA)=20m, the grid will 4Km x 4km=16km² and the radius r=160m which is realistic. The other parameters are T=0.1, nbtostop=500, nr_{Init}=1.4*nr_{min}. We randomly generate a region with areas of interest and prohibitive areas. Figure 2 shows the initial area to cover. White cells represent areas of interest. Figure 3 illustrates a placement for the optimal number of MR. Blue cells are covered by one router, red cells are covered by two routers and white cells by three.

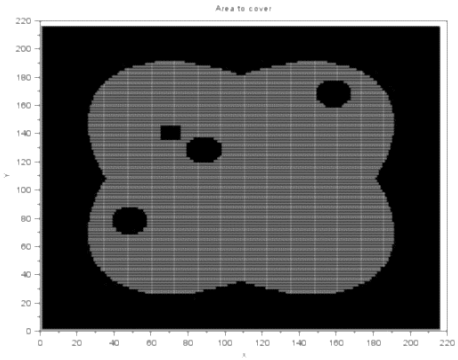


Figure 2: Random initial area to cover

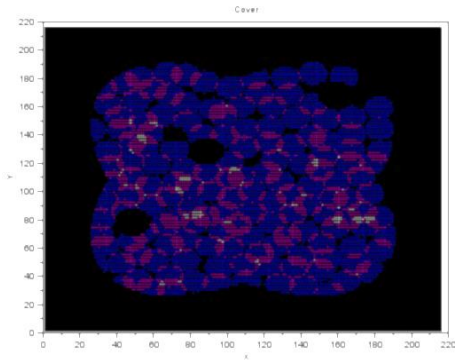


Figure 3: Placement with nr_{opt} MRs

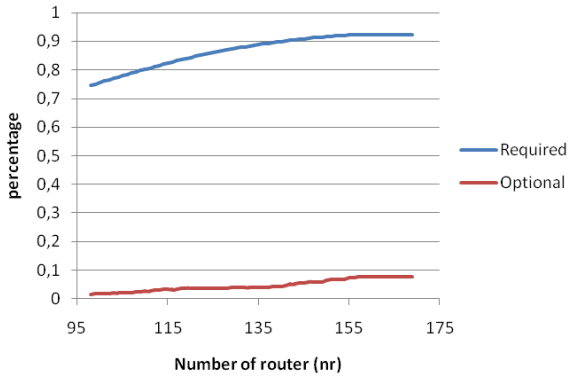


Figure 4: Percentage of coverage

We observe from Figure 4 that the maximal number is nr_{max}=1.33*nr_{min}, with a percentage of required coverage between 0.92 and 0.95 and optional coverage <0.08. The percentage cannot longer increase beyond this maximal number of routers. We also observe an optimal number of mesh router nr_{opt}=1.25*nr_{min}, while

considering $\Delta percentage(nr_{max} \rightarrow nr_{opt}) < 0.01$. In this case, optional coverage is <0.07. With the nr_{min}, we obtain a percentage of required coverage ≅ 0.84 and optional coverage <0.04.

6. Conclusion and future work

This paper has presented a metropolis approach for mesh router node placement in rural WMN. Experimental results showed the efficiency of our approach to solve the problem of MR placement in rural areas while determining an optimal number of MRs. In fact, we obtained a required coverage between 0.92 and 0.95 and an optional coverage less than 0.08. The optimal number of MR is nr_{opt}=1.25*nr_{min}.

In this work, we did not consider cases where an area of interest is disjointed from others; because this kind of situation usually results in a separated mesh network topologies. So, besides improving the algorithm in order to obtain a percentage very close to 100, we will investigate on the case of disjointed areas of interest.

7. Bibliography

[1] I. F. Akyildiz, X. Wang, and W. Wang. Wireless mesh networks: a survey. Computer Networks 47(4) (2005), 445-487.

[2] E. Amaldi, A. Capone, M. Cesana, I. Filippini, F. Malucelli. Optimization models and methods for planning wireless mesh networks. Computer Networks 52 (2008) 2159-2171.

[3] Xhafa, F., A. Barolli, C. Sánchez, L. Barolli. A simulated annealing algorithm for router nodes placement problem in Wireless Mesh Networks. Simulation Modelling Practice and Theory, In Press, 2010.

[4] J. Wang, B. Xie, K. Cai and D.P. Agrawal. Efficient Mesh Router Placement in Wireless Mesh Networks, MASS 2007, Pisa, Italy (2007).

[5] Xhafa, F., C. Sanchez, and . L. Barolli, Genetic Algorithms for Efficient Placement of Router Nodes in Wireless Mesh Networks in Advanced Information Networking and Applications (AINA), 2010 24th IEEE International Conference on p. 465-472.

[6] Xhafa, F., C. Sanchez, and . L. Barolli, Ad Hoc and Neighborhood Search Methods for Placement of Mesh Routers in Wireless Mesh Networks Distributed Computing Systems Workshops, 2009. ICDCS Workshops '09. 29th IEEE International Conference on p. 400-405.

[7] De Marco, G, MOGAMESH: A multi-objective algorithm for node placement in wireless mesh networks based on genetic algorithms, in Wireless Communication Systems, 2009. ISWCS 2009. 6th International Symposium on p. 388 – 392.

BigBio: Utiliser les techniques de gestion du Big data pour les données de la Biodiversité

Ndiouma Bame[1 2] — Hubert Naacke[2] — Idrissa Sarr [1] — Samba Ndiaye[1]

[1] Département de mathématique-informatique, Université Cheikh Anta Diop, Dakar, SENEGAL
prénom.nom@ucad.edu.sn

[2] Sorbonne Universités, UPMC Univ Paris 06, LIP6, Paris, France
prenom.nom@lip6.fr

RÉSUMÉ. Le phénomène de Big data est de plus en plus perçu comme l'un des grands défis informatiques de la décennie en cours. Les perspectives du traitement des Big data sont énormes et concernent des domaines telles que la génomique, les changements climatiques, la gestion des réseaux énergétiques complexes et l'écologie. C'est dans ce contexte que la gestion des données du GBIF, qui vise à fédérer et partager les données de biodiversité à l'échelle mondiale, devient un problème crucial à résoudre avec efficacité. Dans nos précédents travaux, nous avons proposé des solutions permettant de décentraliser l'architecture du GBIF et daccroître l'expressivité des requêtes sur les données du GBIF. Cependant, le problème du passage à l'échelle n'ayant pas été pris en compte, nous l'abordons ici. Dans cette perspective, nous proposons une solution centrée autour de deux aspects : 1) une infrastructure de type cloud permettant de fédérer une quantité croissante de ressources, 2) un modèle de fragmentation et de réplication dynamique tirant profit des spécificités et du mode d'utilisation des données de biodiversité. Nous avons implémenté et simulé notre approche d'optimisation de requêtes et avons mesuré les performances et les résultats obtenus sont prometteurs.

ABSTRACT. The phenomenon of Big data is increasingly seen as one of the major challenges of this decade in both computer science and information system. The Big data issues are multiple and cover areas such as genomics, climate change, management of complex energy systems and ecology. Therefore, the management of the data of the biodiversity stored and shared through the GBIF portal is becoming a paramount issue. In our previous works, we proposed a non-invasive and decentralized architecture for processing GBIF queries over a cloud infrastructure. However, such solutions did not take into account the scalability issue that is crucial in the realm of Big data and which we tackle below. In this respect, we rely on a cloud-based infrastructure in order to partition and replicate data while leveraging on the user access patterns. We assess our solution via a prototype implementation and results obtained through experiments show the effectiveness of our solution.

MOTS-CLÉS : masses de données, répartition dynamique de données, cloud computing, modèle de coût, traitement de requête,GBIF.

KEYWORDS : big data, dynamic data distribution, cloud computing, cost model, query processing, GBIF.

1. Introduction

Le Global Biodiversity Information Facility (GBIF) est un projet international visant à fédérer et partager les données de biodiversité à l'échelle mondiale. Sa base de données est alimentée continuellement par ses correspondants nationaux. La quantité de données est passée de 163 millions d'enregistrements à 430 millions en février 2014 [10]. Le volume important, la variété (du gêne à l'écosystème) et la croissance rapide (des données mobilisées) des données de biodiversité les classent dans le domaine du big data. Le but du GBIF est de permettre le partage des données de la biodiversité à l'échelle planétaire tout en facilitant leur évolution en termes de taille et de type. Malheureusement, l'architecture actuelle du GBIF ne permet pas d'atteindre cet objectif car, en dehors d'être centralisée, elle ne supporte pas une grande variété de requêtes utiles à l'analyse des données de biodiversité. Dans nos précédents travaux [4, 5], nous avons proposé des solutions permettant de décentraliser l'accès aux données du GBIF et d'accroître l'expressivité des requêtes. Cependant, le problème du passage à l'échelle qui est au cœur du big data n'a pas été pris en compte. Dans cette perspective, nous proposons une solution centrée autour de deux aspects :
(i) une infrastructure de type cloud permettant de fédérer une quantité croissante de ressources aussi bien pour le stockage que pour le calcul [1, 6, 3, 12] ;
(ii) un modèle de fragmentation et de réplication dynamique, tirant profit de la structure des données de biodiversité et de leur mode d'utilisation [8]. En effet, la plupart des analyses spécifient des critères délimitant une zone géographique, une plage de temps et un ensemble de nœuds de la hiérarchie taxinomique. Par conséquent, il devient intéressant de concevoir un mécanisme de fragmentation/réplication qui s'adapte aux requêtes d'analyse de l'utilisateur afin, d'une part, de répliquer davantage les données fréquemment sollicitées et, d'autre part, d'ajuster le grain de fragmentation à celui de l'analyse. En outre, puisqu'une réplication totale de la base du GBIF est quasi impossible à cause de sa taille, la stratégie de la fragmentation semble être une solution viable.

A notre connaissance, les solutions existantes les plus avancées pour l'analyse de données à large échelle (Shark [11], Tenzing [7] et AsterixDB [2]), n e permettent ni d'adapter le degré de réplication des données ni de gérer une fragmentation hiérarchique. De plus, ces solutions supposent que toutes les ressources existantes sont disponibles pour une requête, ce qui n'est pas souvent le cas lorsque de nombreux utilisateurs sollicitent conjointement les mêmes ressources. Les solutions basées sur MapReduce et Hadoop n'offrent pas de bonnes performances lorsque la quantité de données traitées par une requête est petite. En outre, elles utilisent une fonction de hachage globale qui décide de l'emplacement futur de chaque fragment. De ce fait, elles ne s'adaptent pas pour un modèle de répartition de données à la demande que nous comptons proposer pour l'analyse des données de la biodiversité. Plus précisément, nous envisageons une solution avec une fonction de coût dynamique permettant de savoir les meilleurs fragments à utiliser et/ou à créer pour résoudre une requête.

La section 2 présente notre proposition d'architecture décentralisée. La section 3 montre notre stratégie de répartition et réplication des données à la demande. La section 4 présente notre modèle de coût dynamique. La section 5 montre la validation expérimentale, la section 6 conclue.

2. Architecture modulaire

Nous détaillons les composants du service de requête présenté en [5]. L'intérêt de cette nouvelle

architecture est d'assurer le passage à l'échelle des traitements. La figure 1 montre les principaux composants et leurs interactions.

– **Le gestionnaire des accès au GBIF (GBIF Access Manager)** coordonne les accès au GBIF pour lire les nouveaux fragments et gérer leur mise à jour.

– L'**index local (Local index)** maintient les informations de localisation de chaque fragment qu'un site local héberge et traite.

– L'**index global** maintient les informations de localisation de tous les fragments.

– Le **gestionnaire des requêtes utilisateurs (User Manager)** sert d'interface aux utilisateurs. Il analyse, optimise et coordonne les requêtes.

– Le **gestionnaire locale (Local Manager)** gère l'exécution des requêtes pour une base de données locale.

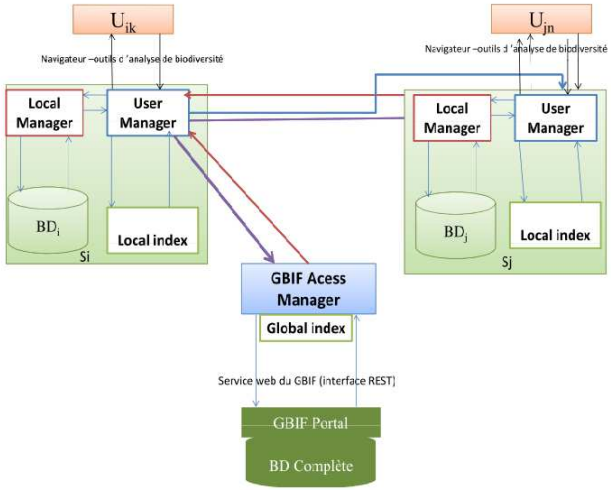


Figure 1. *Architecture modulaire pour traiter les requêtes*

3. Fragmentation et répartition dynamique des données

L'objectif de notre stratégie de distribution des données est de garantir leur disponibilité même si les capacités de stockage des sites seraient limitées. Pour cela, nous fragmentons les données en fonctions de la nature des demandes, les plaçons sur les sites où les demandes ont été soumises et répliquons celles qui sont le plus sollicitées dans les requêtes. L'analyses de données de biodiversité a la particularité de combiner des éléments des dimensions taxinomique, géographique et temporelle. En outre, les données de biodiversité ont une organisation hiérarchique selon ces dimensions. Nous exploitons cette particularité des analyses et la structure hiérarchique des données pour partitionner les données du GBIF.

3.1. Fragmentation hiérarchique des données de biodiversité

Les données de biodiversité ont une structure hiérarchique selon les dimensions taxinomique, géographique et temporelle. Les dimensions taxinomique et géographique sont les plus fréquemment utilisées dans les analyses de données de biodiversité (extinction, distribution, migration, co-occurrence, modélisation de niche écologique d'une espèce, d'un genre, d'une famille dans une zone géographique (région, pays, continents). La classification taxinomique présente une structure hiérarchique dans laquelle un ensemble d'occurrence compose une espèce (ou sous-espèce) qui avec d'autres espèces forment un genre appartenant à une famille. Le processus se poursuit jusqu'à l'écosystème. De la même façon, les données géographiques présentent une organisation hiérarchique où chaque point d'observation fait parti d'une zone qui appartient à une région d'un pays. Un ensemble de pays forme un continent. L'ensemble des continents forme le globe. En termes de maillage, un ensemble de petits rectangles (ou mailles) délimité chacun par des longitudes minimale et maximale et des latitudes maximale et minimale forme une maille plus large et ainsi de suite.
Ainsi, nous définissons un fragment traité par une requête comme étant le résultat de la conjonction des prédicats portant sur ces deux dimensions. Les autres prédicats ignorés dans le processus de fragmentation pourront être appliqués au fragment en question lors du traitement de la requête. Un fragment est défini par la conjonction de nœuds dans la hiérarchie des dimensions taxinomique et géographique. Cette structure hiérarchique des fragments permet de constater une relation de spécialisation/généralisation. Ce qui fait que bien que deux fragments n'aient pas les mêmes prédicats de définition, ils peuvent avoir une relation d'inclusion où le fragment le plus général inclut le plus spécifique. De ce fait, le premier peut être utilisé pour des traitements sur le fragment spécifique. Ce qui favorise la réutilisation des fragments.

3.2. Réplication des fragments à la demande

Pour déterminer les fragments à répliquer, nous nous basons sur les prédicats des requêtes qui sont soumises à partir du site concerné. Une telle réplication à la demande, permet de minimiser les coûts de communication avec le GBIF tout en favorisant le parallélisme des accès et des traitements. Un fragment qui n'est pas encore disponible dans les sites locaux, sera placé au premier site où une requête l'invoquant a été soumise. Des réplications de fragments d'un site local vers un autre peuvent se produire au cours de l'exécution d'une requête. En effet, pour les plans d'exécution qui nécessitent que toutes les données soient en un seul endroit, les fragments nécessaires qui ne se trouvent pas dans le site coordinateur seront transférés vers celui-ci où ils seront insérés (répliqués). Ces fragments pourront être utilisés lors des traitements des prochaines requêtes. Nous verrons en détail ce mécanisme de réplication de fragment au cours du traitement dans la section 4.

4. Traitement des requêtes : modèle de coût dynamique

Le coût d'une requête dépend de plusieurs paramètres : localisation des données, le choix de la réplique à traiter (parmi plusieurs autres répliques du même fragment), le coût de transfert, les charges et performances des nœuds. La réduction du coût d'une requête répartie résulte d'un mécanisme efficace d'optimisation qui prend en compte tous les paramètres susceptibles de l'affecter. Dans cette section, notre objectif consiste à traiter une requête rapidement, quelles que soient la capacité et la charge du site où elle a été soumise. Ce qui revient à minimiser le temps de réponse de

chaque requête. Le contexte de notre solution présente la particularité que toutes les données sont initialement sur un seul site, le portail GBIF. De ce fait, notre stratégie de traitement de requêtes contrôle aussi la distribution des données à travers les sites locaux. Intuitivement, nous devons atteindre un état tel que tous les sites participent autant au traitement des requêtes. Cela peut nécessiter de répliquer certaines données accédées fréquemment. Remarquons qu'il n'est pas souhaitable de répliquer toutes les données sur chaque site, car un site ne dispose pas de capacités de stockage suffisantes pour stocker l'ensemble de la base, et car le surcoût d'ajouter des données dans un site est très élevé ce qui pénalisera le traitement des requêtes pendant la période d'ajout des données. La stratégie que nous proposons tend à répliquer partiellement les données selon les principes suivants :
- Si une donnée n'existe pas parmi les sites, alors importer la donnée depuis le portail GBIF.
- Le site désigné pour traiter une requête est celui dont le coût estimé est minimal, sauf exception décrite ci-dessous.
- Si un site demeure faiblement utilisé par rapport aux autres sites, alors il sera désigné en priorité pour traiter les requêtes dont les données se situent sur le site le plus utilisé. Cela implique un surcoût temporaire pour ajouter des données qui sera amorti rapidement grâce au bénéfice apporté sur le temps d'exécution des requêtes.
Par la suite, nous montrons la manière dont les sites locaux collaborent lors du traitement des requêtes et détaillons notre stratégie d'optimisation qui a pour but de réduire le temps de réponse.

4.1. Mécanisme d'exécution de requêtes

La figure 2 illustre les étapes d'exécution d'une requête. A la réception d'une requête utilisateur, le User Manager (noté UM) analyse la requête pour déterminer les fragments à accéder, en considérant aussi les fragments pouvant inclure d'autres fragments. Il détermine les localisations des fragments impliqués, en consultant l'index local (ou global si nécessaire). Puis il détermine un plan optimal décrivant les opérations et les fragments à accéder sur chaque site. Le UM (noté QUM) qui a reçu, analysé et optimisé la requête peut transmettre le plan à un autre UM désigné pour coordonner le traitement (et noté CUM). Celui-ci envoie les sous-requêtes correspondantes au Local Manager (LM) de chaque site impliqué et/ou invoque les services web pour télécharger les fragments qui existent uniquement sur le portail du GBIF. A la réception de tous les résultats partiels, le CUM les insère dans la base locale (réplication) et soumet la requête complète au LM du même site. A la fin de l'exécution, il reçoit le résultat final du LM et le retourne directement à l'utilisateur.

Nous avons complété l'exécution des requêtes avec un mécanisme de ré-ordonnancement des requêtes visant à éviter qu'un LM devant traiter une requête ne soit inactif pendant l'attente des données provenant des sites distants. Le LM estime sa durée d'attente (D) et choisi de traiter une prochaine requête (parmi celles qu'il a reçues) dont le temps de traitement estimé est inférieur à D. De la même façon, le CUM peut recevoir d'autres requêtes issues des utilisateurs ou des voisins pour analyser, optimiser et/ou coordonner leurs traitements. Ce qui permet de « paralléliser localement » et d'éviter les éventuels blocages entre les sites afin d'exploiter au mieux les ressources disponibles. En outre, toute requête qui nécessite un accès à la base du GBIF est traitée (coordonnée) par le site où elle a été soumise. Ceci permet de placer initialement les données les fragments du GBIF dans les sites où ils sont demandés.

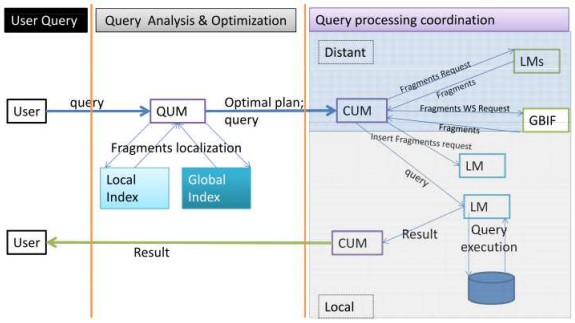


Figure 2. *Principe de traitement de requête*

4.2. Optimisation basée sur le coût

Le processus d'optimisation prend en entrées la requête utilisateur (opérations et données), les localisations (et leurs caractéristiques) de chaque fragment (et réplique). Il explore plusieurs plans possibles pour l'exécution de la requête, envisageant que chaque site soit le coordinateur de la requête. Parmi les plans explorés, il détermine le plan optimal (i.e., de coût minimal) pour le traitement de la requête. L'exécution du plan de moindre coût doit permettre de réduire le temps de réponse des requêtes, ce que nous vérifierons expérimentalement.

Algorithme de génération des plans candidats

Pour chaque site S du système, considérer que S sera le coordinateur et construire un nouveau plan candidat P déterminé comme suit. Pour chaque fragment F de la requête, tel que F n'existe pas sur S, déterminer le site le plus rapide pour transférer (i.e., répliquer) F vers S. Pour cela, recenser d'abord les sites stockant au moins un fragment. Pour chaque paire <fragment ,site> recensée, estimer le coût de transfert (attente + envoi) vers S afin d'ordonner les paires par coût croissant. Finalement, sélectionner en priorité les paires de moindre coût. Tenir compte du fait que les transferts de plusieurs fragments depuis un même site s'effectuent en séquence et ajuster le coût en conséquence. Nous précisons que l'exploration de toutes les combinaisons possibles de paires <fragments, site> n'est pas faisable dans notre contexte à cause de l'explosion du nombre de combinaisons. Puis, estimer le coût total de P, et retenir le candidat de moindre coût parmi les P générés. Afin de répartir équitablement la charge de traitement des requêtes entre tous les sites, bien que certains fragments soient davantage sollicités que d'autres par les requêtes. Nous contrôlons quels sites peuvent se porter candidats pour coordonner une requête. Pour cela, nous imbriquons la procédure de génération du plan d'exécution dans l'alternative suivante : s'il existe au moins un site beaucoup moins chargé que les autres alors choisir le coordinateur parmi les sites beaucoup moins chargés que les autres ; sinon choisir le coordinateur parmi tous les sites.

5. Validation expérimentale

Les principaux objectifs de la validation sont : (i) de montrer la faisabilité de notre approche pour la réplication à la demande et le modèle de coût dynamique en implémentant les fonctions

de transfert, de traitement et d'optimisation de requête, (ii) de montrer que notre approche offre de meilleures performances que les deux approches suivantes. La première approche, que nous appelons MiniTrans, minimise les transferts en désignant comme coordinateur le site disposant de la plus grande quantité de donnée. La deuxième approche, que nous appelons SelfCoord, désigne comme coordinateur le site ayant reçu la requête. Notre stratégie devrait offrir de meilleurs temps de réponse que MiniTrans et SelfCoord, puisque le temps de réponse d'une requête dépend des paramètres de performance et de charge des sites impliqués et de la localisation. Or aucun des deux autres approches n'intègres ces paramètres ensemble. En effet, SelfCoord ignore la capacité de calcul et la charge du coordinateur. MiniTrans, ne permet pas répliquer suffisamment les fragments très fréquemment accédés.

5.1. Méthodes et outils

Nos expériences consistent à mesurer les temps de réponse pour notre stratégie de traitement de requêtes. Ces temps sont ensuite comparés avec les temps de réponse obtenus avec les stratégies MiniTrans et SelfCoord. Nous avons implémenté avec l'outil de simulation Simjava [9] le comportement des utilisateurs, des sites locaux, du portail GBIF ainsi que toutes les interactions entre les participants. Notre système est composé de 13 machines : une machine représente le GBIF et les 12 autres correspondent aux sites locaux. Les nombres (k) et capacités (c) des machines par rapport au site de référence sont : (k, c)= (2 , 0.25), (2 , 0.5), (4 , 1), (2 , 2) , (2 , 4). Les capacités des liens entre les sites locaux varient entre 5 et 15 unités de temps pour le transfert d'un fragment. Sur chaque site local, nous avons instancié un User Manager, un Local Manager. Nous avons implémenté l'algorithme qui calcule l'ensemble des plans candidats pour le traitement d'une requête et l'algorithme basé sur la fonction d'estimation du coût d'un plan, qui détermine le plan optimal pour son traitement. Nous avons aussi implémenté la coordination entre les participants pour le traitement réparti d'une requête. Chaque site local dispose d'un SGBD pour le traitement effectif d'une requête ou d'une sous-requête.
Nous avons généré un jeu de données de 340 fragments qui est placé initialement sur le portail du GBIF. Autrement dit, les sites locaux ne contiennent initialement aucun fragment. Puis les fragments sont répliqués dynamiquement à la demande vers les sites locaux, en fonction des requêtes posées par les utilisateurs. Un utilisateur pose une séquence de requêtes tant que dure l'expérience. Il attend d'obtenir le résultat d'une requête avant de poser la suivante. Une requête accède six fragments en moyenne. Le nombre d'utilisateur pour une expérience est 36. Nous exécutons une expérience pour chaque approche (Minitrans, SelfCoord et notre approche).

5.2. Résultats obtenus

Nous avons récapitulé dans le tableau 3 ci-dessous les résultats de nos expériences. Ces résultats indiquent aussi le temps de réponse moyen et le temps de réponse plafond pour 90 % des requêtes de chaque expérience. Le premier constat est que la stratégie MiniTrans présente les plus mauvais temps de réponse (temps de réponse moyen = 1337 unités) qui sont largement élevés par rapport à notre approche et l'approche SelfCoord. Ceci s'explique par le fait que les données sont répliquées à la demande vers un petit nombre de sites. Ces derniers accumulent de plus en plus de données, sans partage avec les autres. De ce fait, comme le traitement de la requête est envoyé vers le site qui contient la plus grande portion de données impliquées, alors presque tous les traitements sont transférés vers ces sites. Ce qui augmente davantage leurs charges ainsi que le temps d'attente d'une

requête au moment où d'autres sites demeurent libres. Ces résultats montrent également que notre approche offre de meilleurs temps de réponse que l'approche SelfCoord à la fois pour les temps de réponse moyens (134 unités contre 213 unités) que pour les temps de réponse plafond pour 90 % des requêtes (307 unités contre 432 unités). L'efficacité de notre approche relève du mécanisme d'optimisation basée à la fois sur les charges et les capacités des différents nœuds et les coûts de transferts. En fait, SelfCoord ne considère ni la charge et/ou les capacités des sites, même si elle converge comme notre approche vers une situation où les données nécessaires au traitement d'une requête sont toutes disponibles dans le site coordinateur (pas de transfert). En conclusion, le

Approche	Temps réponse moyen	Temps de réponse pour un plafond de 90 % des requêtes de l'expérience
SelfCoord	213	432
Notre Approche	**134**	**307**
Minitrans	1337	2580

Figure 3. *Récapitulatif des temps de réponse*

plan optimal pour l'exécution efficace d'une requête dépend à la fois des charges et capacités des différents qui disposent de données impliquées et le choix du coordinateur où les données doivent être transférées. En effet le choix du coordinateur est capital pour à la réduire les temps d'attente et de transfert et bénéficier de capacités qui accélère le calcul.

6. Conclusions et perspectives

Cet article aborde, d'une part, la répartition et la réplication à la demande de données de biodiversité d'un entrepôt vers un ensemble de machines et d'autre part, le mécanisme de traitement et d'optimisation de requête à travers ce système. Nous avons proposé une architecture modulaire et décentralisée pour augmenter les fonctionnalités et la réactivité du système. Par la suite, nous avons présenté une stratégie de répartition de données du portail vers les sites locaux. Pour cela, nous avons fragmenté les données en exploitant la structure hiérarchique des données de biodiversité et la nature des requêtes de biodiversité qui s'intéressent principalement aux dimensions taxinomique et géographique. La réplication de ces fragments vers les sites locaux se fait à la demande en fonction des prédicats des requêtes. Nous avons également présenté un mécanisme d'exécution de requête qui s'adapte au contexte de répartition des données à la demande et avons proposé une approche d'optimisation des traitements de requêtes basée sur le coût. Enfin, nous avons implémenté et simulé notre approche d'optimisation de requête et avons mesuré les performances et les résultats sont prometteurs.
Les perspectives sont d'étudier les possibilités d'intégrer des données importantes pour les analyses d'autres sources telles les données environnementales, géographiques, satellitaires, imageries, etc. Cela permettrait d'augmenter les possibilités d'exploitation des données du GBIF.

Références

[1] D. J. Abadi. Data Management in the Cloud : Limitations and Opportunities. *IEEE Data Eng. Bull.*, 32(1), 2009.

[2] S. Alsubaiee et al. ASTERIX : An Open Source System for Big Data Management and Analysis. *PVLDB*, 5(12) :1898–1901, 2012.

[3] K. Bajda-Pawlikowski et al. Efficient processing of data warehousing queries in a split execution environment. In *ACM SIGMOD*, pages 1165–1176, 2011.

[4] N. Bame, H. Naacke, I. Sarr, and S Ndiaye. Architecture répartie à large échelle pour le traitement parallèle de requête de biodiversité. In *African Conf. on Research in Computer Science and Applied Mathematics (CARI)*, pages 143–150, 2012.

[5] N. Bame, H. Naacke, I. Sarr, and S Ndiaye. Algorithmes de traitement de requêtes de biodiversité dans un environnement distribué. *ARIMA*, page to appear, 2014.

[6] M. Brantner et al. Building a database on S3. In *ACM Intl Conf. on Management of Data (SIGMOD)*, pages 251–264, 2008.

[7] B. Chattopadhyay et al. Tenzing A SQL Implementation On The MapReduce Framework. In *PVLDB*, pages 1318–1327, 2011.

[8] GBIF. Gbif data use case.

[9] Fred Howell and Ross Mcnab. simjava : A discrete event simulation library for java. In *Intl Conf. on Web-Based Modeling and Simulation*, pages 51–56, 1998.

[10] GBIF Secretary. Gbif data portal, gbif web site, 2014.

[11] Reynold S. Xin et al. Shark : SQL and rich analytics at scale. In *ACM Intl Conf. on Management of Data (SIGMOD)*, pages 13–24, 2013.

[12] Jing Zhao, Xiangmei Hu, and Xiaofeng Meng. ESQP : an efficient SQL query processing for cloud data management. In *CIKM Intl Workshop on Cloud Data Management (CloudDB)*, pages 1–8, 2010.

A. Estimation du coût d'une requête

Nous estimons le temps de réponse d'un plan en fonction des temps d'attente aux sites impliqués, de transfert et de traitement. En d'autres termes, on tient compte à la fois des charges (nombre de traitement en attente) et des capacités (CPU, mémoire) de chaque site et des capacités des liens entre les différents sites. Pour un traitement local, le temps d'une requête dépend de son type (opérations et quantité de données), des performances du site et de la charge. Pour ce qui concerne le temps de transfert, nous considérons le temps d'attente qu'un site peut faire avant de traiter sa sous-requête et transférer son résultat et le temps de transfert de ce résultat. Le premier dépend du nombre et des types des requêtes en attente au site qui doit transférer ses données et des capacités de celui-ci. Le second dépend des capacités du lien de communication et la quantité de données à transférer. Dans notre estimation du temps total des transferts, nous tenons compte des attentes parallèles au niveau des sites (distants et local) et considérons que la réception des données est parallèle et que l'insertion des données reçues correspond à des traitements de requête de *I* (pour Insert). On suppose que tous les fragments transférés ont la même taille. Le tableau ci-dessous montre les notations utilisées dans notre estimation et leurs descriptions.

Symbole	Description
N_i^k	nombre de requêtes de type k en attente au site S_i
S_l	Site de référence pour estimer les capacités de calcul des autres sites
T_{ml}^k	temps moyen de traitement local d'une requête de type k au site S_l
P_i	Rapport des capacités du site de référence sur celles du site S_i: $P_i = T_{ml}^k / T_{mi}^k$
T_{ai}	temps d'attente au site S_i : $T_{ai} = \sum_k (N_i^k * T_{ml}^k) / P_i$
T_{mi}^k	temps moyen de traitement local d'une requête de type k au site S_i
T_{ti}^k	Temps de traitement local d'une requête de type k au site i, $T_{ti}^k = Tm_l^k / P_i$
T_{trj}^i	temps de transfert d'un fragment du site S_i vers le site S_i
T_{sj}	Temps de sélection d'un fragment au site S_i . $T_{sj} = T_{mj}^s = Tm_l^s / P_j$
NF	Nombre de fragments distants nécessaire au traitement de la requête

Figure 4. *Description des notations utilisées*

En supposant que S_i est le site coordinateur du traitement de la requête et S_j un site devant transférer des fragments vers S_i, le temps de réponse d'une requête est :

$T_{ri} = MAX(T_{ai}, MAX(T_{aj} + T_{sj} + T_{trj}^i)) + NF * T_{mi}^I + T_{ti}^k$

Ce modèle de coût montre que le temps de réponse d'une requête distribué, dépend à la fois, des charges de tous les sites impliqués (T_{ai}, T_{aj}) , des différents débits entre les sites impliqués et le site coordinateur (T_{trj}^i) et des performances de chaque site (P_j, P_i). Pour le cas particulier d'un traitement local (absence de transferts), elle montre que le coût dépend de la charge locale (T_{ai}) et de la capacité (P_i) du site. En particulier, ce coût est respectivement proportionnel et inversement proportionnel à la charge et aux capacités du site. Il tient également compte du cas où un accès GBIF est nécessaire. Dans ce cas, le portail GBIF correspond à un site S_j de la formule. La prise en compte de tous les paramètres pouvant influencer le coût de la requête permet de déterminer le plan optimal. L'objectif étant de minimiser le temps de réponse de la requête, le plan optimal correspond au plan candidat pour lequel la valeur de T_{ri} est minimale. Cette estimation présente l'avantage de tenir compte de tous les paramètres qui doivent être considérés dans le traitement d'une requête

dans un environnement distribué hétérogène où les capacités des nœuds, des liens et charges ne sont pas identiques.

B. Courbes d'évolution des temps de réponse

B.1. Approche SelfCoord



Figure 5. *Temps de réponse de l'approche SelfCoord*

B.2. Notre Approche

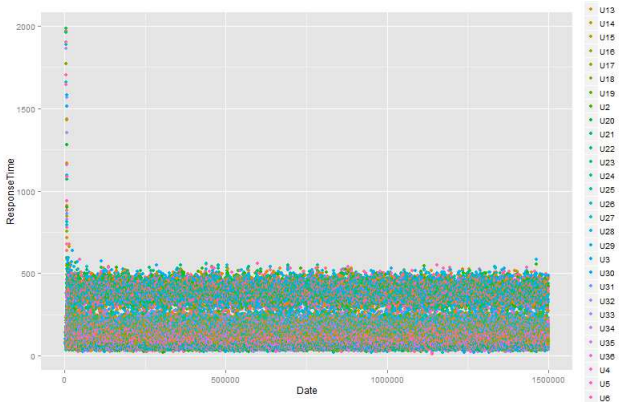


Figure 6. *Temps de réponse de notre approche*

B.3. Approche MiniTrans

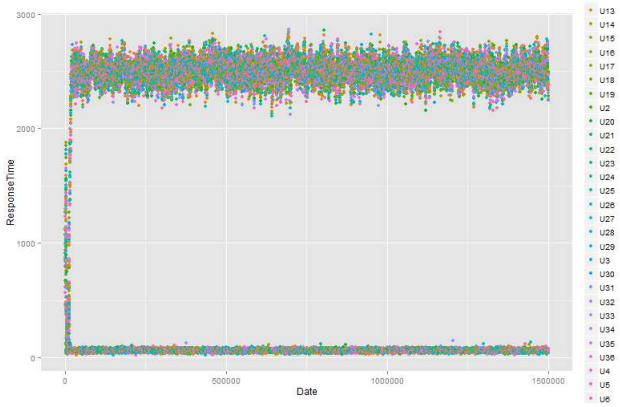


Figure 7. *Temps de réponse de l'approche MiniTrans*

Une grammaire pour l'auto-scénarisation des contenus d'apprentissage

Armel NGATCHUI, Bernabé BATCHAKUI, Claude TANGHA.

Equipe ALOCO/LIRIMA, ENSP, Yaoundé, Cameroun

(armeleu, bbatchakui, ctangha)@gmail.com

RESUME. Dans le cadre des projets de formation en ligne, la scénarisation des contenus est l'une des étapes les plus coûteuses en temps et en ressources humaines. La contribution de cet article est de proposer une représentation formelle et structurée des contenus d'apprentissage dans le but de faciliter ultérieurement, leur auto-scénarisation, leur intégration et leur réutilisation par les auteurs de contenus au sein des environnements de formation en ligne. Cet article exploite la notion de contenu structuré initiée par xMoodle et reprise par l'extension de VeSMEL mise en œuvre pour la manipulation des contenus d'apprentissage dans le m-Learning.

ABSTRACT. In the projects of online training, the process of scripting of contents is one of the most expensive steps in time and human resources. The purpose of this paper is to provide a formal and structured representation of learning content in order to facilitate their self-scripting process, their integration and their reuse by the authors of content within online learning environments. This paper uses the concept of structured content initiated by xMoodle and recovered by VeSMEL for handling learning contents in mobile learning.

MOTS-CLES: Formation en ligne, contenus d'apprentissage structuré, auto-scénarisation.
KEYWORDS: Online training, structured contents, self-scripting of contents.

1. Introduction

Le Campus virtuel REFPEED **[6]** (Réseau Francophone des Pays d'Europe de l'Est d'Enseignement à Distance) définit la scénarisation des contenus comme étant un travail de conception et de création qui revient à modifier les contenus déjà existants sous une forme traditionnelle (Word, PDF…) afin de les adapter à un support de diffusion en ligne. Ainsi, ce qui est utilisé lors d'un exercice en présentiel doit souvent être retravaillé pour pouvoir faire l'objet d'une activité en ligne.

Dans le cadre de la formation en ligne, les auteurs de contenus sont les principaux acteurs du processus de scénarisation. Pour scénariser des contenus aux formats *.DOC* ou *.PDF*, ils sont souvent aux prises à des copier/coller permanents. Cependant, face au besoin grandissant de massification des formations traitant des milliers de pages de documents pour des milliers d'apprenants, les méthodes de scénarisation artisanales ne semblent plus être adaptées. Dans un tel contexte, il s'avère capital de réduire la charge de travail des auteurs en automatisant le processus de scénarisation des contenus. Imaginons un scénario où un auteur soumet à un système d'auto-scénarisation un contenu au format '*.DOC*' en spécifiant le standard de sorti requis (SCORM par exemple). Après transformation, le système génère un fichier dans le standard souhaité par l'auteur. Ce dernier n'aura plus que quelques ajustements à faire sur la forme du support avant de l'intégrer à son environnement de formation en ligne.

La concrétisation d'un tel scénario demande la maîtrise de la structure interne des contenus d'apprentissage.

La question sous-jacente est donc la suivante : comment établir une représentation formelle de la structure des contenus d'apprentissage en vue de préparer leur auto-scénarisation ?

Pour apporter une réponse à cette problématique, nous envisageons dans un premier temps d'analyser la structure et les composantes d'un contenu pédagogique numérique et ensuite de proposer une grammaire pour les contenus d'apprentissage structurés.

La grammaire des contenus structurés permettra d'identifier les documents auto-scénarisables (dits bien formés) de ceux qui ne le sont pas. Ces derniers pourront être retransmis aux auteurs pour correction.

Le présent article est composé de cinq points, en dehors de l'introduction. Le premier point présente l'état de l'art des solutions de scénarisation. Le deuxième point porte sur la description du modèle de contenus structuré. Le troisième point est réservé à l'implémentation du modèle, le quatrième point aux résultats et le cinquième point est la conclusion et quelques perspectives.

2. Etat de l'art

2.1. Le e-Learning

Le e-Learning est un sous-ensemble de la FOAD (Formation Ouverte et A Distance) qui s'appuie sur les réseaux électroniques. Il s'agit de tout dispositif de formation qui utilise un réseau local, étendu ou Internet pour diffuser, interagir ou communiquer **[4]**.

2.2. Contenu structuré

Un contenu structuré est une réunion d'unités de connaissances (encore appelées « notions »), enrichies par des métadonnées et des scripts qui définissent des stratégies d'accès et de parcours. Chacune des notions constituant le contenu structuré est un objet d'apprentissage au format XML, granulaire, évolutif et comportant le moins de bruit possible, pouvant augmenter la charge cognitive des apprenants **[1]**.

2.3. La scénarisation des contenus

La scénarisation des contenus est une opération qui permet de donner un sens à la structure des contenus par la détermination de l'ordonnancement des concepts que doit aborder l'apprenant dans son processus de formation **[5]** .

2.4. Les modèles de description et de représentation des contenus pédagogiques

En ingénierie documentaire, la plupart des modèles de représentation des contenus sont basés sur l'approche de séparation entre la structure logique et la structure physique des contenus. Cette approche permet d'envisager l'interopérabilité, qui est une condition fondamentale pour le traitement de grands volumes de contenus. Les projets tels que PolyTeX **[3]** et EduML **[3]** sont fondés sur cette approche.

Le projet PolyTex est relatif à LaTeX, tandis que EduML a su tirer profit du standard XML pour décrire les contenus pédagogiques à travers une mise en œuvre pertinente de l'indexation, à l'aide de métadonnées standardisées, permettant la localisation de l'information et un découpage fin en unités sémantiques relativement décontextualisées. L'introduction du standard XML en ingénierie documentaire et pédagogique a également permis d'envisager la réutilisation des contenus produits dans des contextes matériels et organisationnels multiples. Les standards tels que LOM et SCORM permettent aussi de définir un ensemble de métadonnées permettant de décrire tout contenu pédagogique numérique.

Par ailleurs le modèle SP/UL (Schéma pédagogique/Unité logique) est une autre solution permettant de représenter des contenus pédagogiques sur un support numérique dans une logique d'industrialisation, selon les principes de séparation de fond et de forme et de séparation de contenus et de scénario **[3]**.

Quant au modèle de contenus utilisé par VeSMEL **[4],** il a pour objectif d'exploiter des contenus aux formats *.DOC* ou *.PDF* à travers le protocole VeSMP **[4]**. En effet, les ressources d'apprentissage aux formats *.DOC* et *.PDF* sont transformées dans un format intermédiaire (XML) avant d'être segmentées et décontextualiseés en notions granulaires. C'est l'information extraite des notions obtenues qui est transmise à travers le réseau GSM pour être servie aux utilisateurs sous la forme du SMS.

2.5. Limites des solutions existantes et opportunités

La plupart des solutions existantes résolvent un besoin lié à l'ingénierie documentaire, donc perdent un peu le caractère pédagogique indispensable en formation en ligne. D'autre part, certaines solutions relatives aux contenus pédagogiques ne facilitent pas la tâche aux auteurs (LOM (Learning Object Metadata) et SCORM (Sharable Content Object Reference Model)), tandis que d'autres ne prennent pas suffisamment en compte les besoins de réutilisation (SP/UL) **[3]** ou d'auto-scénarisation (EduML). Cependant, en se basant sur la notion de « *contenu structuré*» introduite par xMoodle **[1]** et reprise par VeSMEL **[5]**, il serait possible d'établir une représentation formelle des contenus d'apprentissage qui permettrait une meilleure compréhension de leur structure et ainsi faciliterait la mise en œuvre des processus d'auto-scénarisation et la réutilisation des segments d'unités de connaissance par les auteurs de contenus pour la formation en ligne.

3. Représentation des contenus d'apprentissage

3.1. L'algèbre des contenus

La structuration des contenus, telle qu'elle a été mise en œuvre dans VeSMEL **[5]** reprend déjà la notion d'algèbre de contenus **[1]**. En effet, l'algèbre des contenus stipule que : Quelque soit un contenu, il est toujours possible de le structurer en parties, chapitres, paragraphes et notions. Soit *C* un contenu, *PT* l'ensemble des parties de *C*, *CH* l'ensemble des chapitres de *PT*, *PR* l'ensemble des paragraphes de *CH* et *N* l'ensemble des notions de *PR*. *C* peut s'écrire :

$$C = \bigcup_{i=1}^{n1} PT_i; \quad PT = \bigcup_{j=1}^{n2} CH_j; \quad CH = \bigcup_{k=1}^{n3} PR_k; \quad PR = \bigcup_{l=1}^{n4} N_l; \quad i,j,k,l,n1,n2,n3,n4 \in N$$

n1 représente le nombre total de parties de ***C*** ; ***n2*** : le nombre total de chapitres de ***PT*** ; ***n3*** : le nombre total de paragraphes de ***CH*** et ***n4*** est le nombre total de parties de ***PR***.

Ainsi, tout contenu peut être vu comme la réunion de toutes les notions le constituant.

$$C = \bigcup_{i=1}^{n1}\left(\bigcup_{j=1}^{n2}\left(\bigcup_{k=1}^{n3}\left(\bigcup_{l=1}^{n4} Nijkl\right)\right)\right), \quad C\ est\ la\ réunion\ de\ toutes\ les\ notions$$

$$\bigcup\ (symbolise\ la\ reunion\ au\ sens\ des\ ensembles)$$

Une *notion* **[1]** ou unité de connaissance est définie comme étant le plus petit segment de connaissance à acquérir par l'apprenant, contenant le moins de bruit possible qui puisse influencer négativement sa charge cognitive.

3.2. Structure des contenus d'apprentissage

De l'algèbre des contenus, on peut déduire la structure présentée à la figure 1.

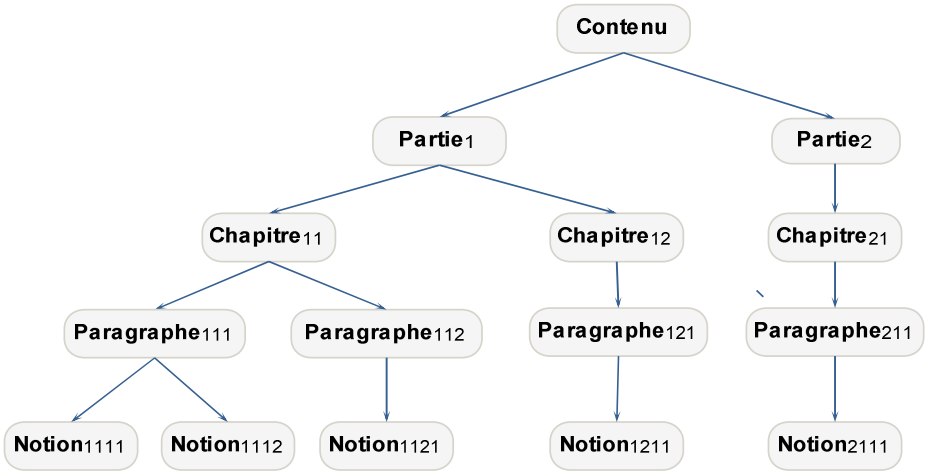


Figure 1 : Exemple de structure simpliste d'un contenu d'apprentissage

En effet, les contenus d'apprentissage peuvent être représentés à l'aide d'arbres (équilibrés ou pas), avec des niveaux de profondeurs différents. Les entités « Paragraphes » peuvent contenir des sections de profondeur variable : 1, 2…N.

Les notions sont en général constituées de « Textes », d' « Images », de « Listes » et de « Tableaux ».

3.3. Grammaire des contenus d'apprentissage structurés

La grammaire $G = \langle \sum, X, P, C_o \rangle$, permet de décrire les contenus d'apprentissage. $\sum$ est l'ensemble des terminaux, X est l'ensemble des non terminaux, C_o est l'axiome et P l'ensemble des règles de production. Posons :

$C_O\ (Contenu), P_t\ (Partie),\ C_h\ (Chapitre),\ P_r\ (Paragraphe), N_O\ (Notion)$

$T_e\ (Texte), I_g(Image),\ L_i(Liste),\ T_a(Tableau)$. La grammaire des contenus peut être définie comme suit :

$\sum$ = {"<titre>", "</titre>", "<texte>", "</texte>", "http://", "
", "
", "
", "
", "<table>", "</table>", "<tr>", "</tr>", "<th>", "</th>"} ;

$X = \{C_o, P_t, C_h, P_r, S_c, N_o\}$;

$P = \{$

$C_0 \rightarrow (\ P_t |\ C_h\ | P_r\ | N_0)^+$
$P_t \rightarrow (\ C_h \mid P_r \mid N_0)^+$
$C_h \rightarrow (P_r \mid N_0)^+$
$P_r \rightarrow (\ S_c \mid N_0)^+$
$S_c \rightarrow (S_c^* N_0^+ \mid N_0^+ S_c^*)$
$N_0 \rightarrow (\ T_e \mid I_g \mid L_i \mid T_a)^+$
$T_e \rightarrow "< texte >"\backslash w\ "</texte>"$
$I_g \rightarrow "http://"\backslash w$
$L_i \rightarrow "< ul >"("< li >"\backslash w"
")^+ "
"$
$T_a \rightarrow "< table >"("< tr >"("< th >"\backslash w"</th>")^+"</tr>")^+"</table>"$

$\}$;

3.4. Les contenus d'apprentissage bien formés (*CBF*)

Soit $\boldsymbol{L_G}$ le langage engendré par la grammaire des contenus $\boldsymbol{G}$ ci-dessus. On dira qu'un contenu $\boldsymbol{C}$ est ***CBF*** (Contenu Bien Formé) si et seulement si $\boldsymbol{C} \in \boldsymbol{L_G}$. Tout contenu ***CBF*** pourra subir une auto-scénarisation. Par contre, les contenus dits « ***non CBF*** » seront retransmis aux auteurs pour correction.

4. Implémentation

Les contenus d'apprentissage dans un format numérique *.DOC* ou *.PDF* sont convertis dans le format standard XML grâce au module « *parseur* » qui assure la séparation entre le fond et la forme des contenus. Les fichiers XML générés par le module « *parseur* » sont automatiquement analysés grâce au module « *CBF Analyser* ».

Ce dernier implémente la grammaire des contenus d'apprentissage qui a été implémentée au travers d'une DTD. La DTD du « *CBF Analyser* » est utilisée pour analyser la structure des contenus et pour valider les contenus CBF (Bien formés). Tout contenu bien formé est automatiquement traité par le moteur de segmentation qui le décompose en unités d'apprentissage élémentaires appelées « *notions* » et génère les fichiers de description en garantissant ainsi leur réutilisation par les auteurs de contenus. Par ailleurs, les contenus dits « *non CBF* » (mal formés) sont retournés à l'auteur avec des notifications sur l'objet du rejet.

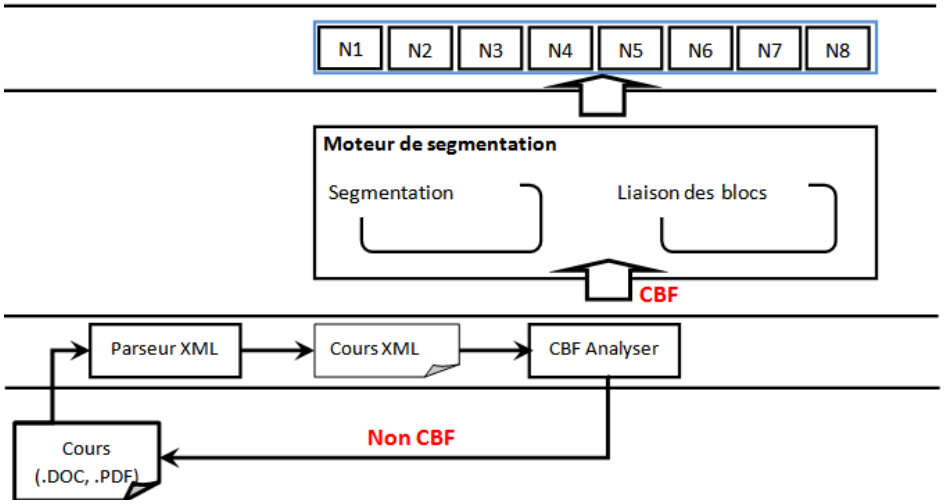


Figure 2: Architecture du module de structuration des contenus d'apprentissage

5. Résultats et discussion

Les résultats issus de ces travaux ont été mis en œuvre dans le cadre du projet e-Learning SABC par l'équipe ALOCO du LIRIMA (Laboratoire International de Recherche en Informatique et en Mathématiques Appliquée). Notre solution a permis aux auteurs d'auto-scénariser plus de 300 documents numériques aux formats *.DOC* et *.PDF* en moins de 3 heures. Nous avons pu remarquer que plus de 32% des documents numériques étaient « *non CBF* ». Ces derniers ont subi quelques corrections avant d'être traités automatiquement.

Dans le cadre de ce projet, la maîtrise de la structure des contenus d'apprentissage a bel et bien permis de réduire la charge de travail des auteurs en automatisant le processus de scénarisation des contenus et en offrant la possibilité de réutiliser des segments de contenus (*notions*) lors de la conception de nouveaux contenus de formation en ligne.

6. Conclusion et perspectives

L'objectif initial de ce travail était de réduire la charge de travail des auteurs face au besoin grandissant de massification des formations en ligne. Nous avons proposé une représentation formelle et structurée des contenus d'apprentissage, pour faciliter leur auto-scénarisation et leur réutilisation au sein des plateformes de formation en ligne.

En perspective, nous envisageons dans un premier temps d'étendre l'analyse des contenus bien formés à l'aide du modèle XML Schema plutôt qu'une DTD. Ensuite, nous tirerons parti de la maîtrise de la structure des contenus d'apprentissage pour faciliter la mise en œuvre de contenus auto-adaptatifs et répondre ainsi au besoin de flexibilité des apprentissages en formation à distance, principal objet de nos travaux.

7. Bibliographie

[1] Bernabé BATCHAKUI, Claude TANGHA, Roger NKAMBOU, Thomas DJOTIO. « ***xMoodle2.0 : Une perspective pour la diminution de la charge cognitive de l'apprenant dans la plateforme Moodle »***.; LIMMS : ENSP, Cameroun et LGDAC : Université de Québec, Canada. CARI 2010

[2] Bernabé BATCHAKUI, Thomas DJOTIO, Claude TANGHA. « ***VeSMEL: a novel approach for distance management of e-Learning platforms »*** . iJET-International Journal of Emerging Technologies in Learning (iJET), Vol 6 (2011), Special Issue : IEEE EDUCON2011, pp 20-24. 2011.

[3] Stephane CROZAT, Pierre TRIGANO. « ***Structuration et scénarisation de documents pédagogiques numériques dans une logique de massification*** ». UMR CNRS 6599, Université de Technologie de Compiègne. 2000.

[4] Bernabé BATCHAKUI, Thomas DJOTIO, Armel NGATCHUI, Claude TANGHA. « ***Extension de VeSMEL pour la manipulation des contenus dans le m-Learning*** ». Ecole Nationale Supérieure Polytechnique de Yaoundé 1. 2012.

[5] Sylvie CHABERT. « ***Composition Automatique de Documents Hypermédia Adaptatifs à partir d'Ontologies et de Requêtes Intentionnelles de l'Utilisateur*** ». Thèse pour obtention du grade de Docteur de l'Université Montpellier II, Avril 2007.

[6] http://refpeed.net/dokeos/courses/FLE3/document/part3/p_3_42. Site web en ligne, consulté en Décembre 2013.

Towards a Multi-Model Software Platform for Crops Growth Simulation

Dieu Donné OKALAS OSSAMI

PhD, Part-time lecturer at Université des Sciences et Technique de Masuku, Franceville/Gabon
e-Tumba Project Leader
R&D team associate, ITK company (France)
contact@etumba.com

Latyr SENGHOR

Software Engineer
e-Tumba Project Leader
R&D team associate, ITK company
contact@etumba.com

RÉSUMÉ. Cet article propose une nouvelle génération d'Outils d'Aide à la Décision (OAD) agricole qui s'appuient sur une plate-forme multi-modèles et sur une architecture client/serveur. Cette plateforme vise à fournir de nouveaux services (a) dans le domaine de la simulation dynamique en temps réel de la croissance des plantes et (b) dans l'aide au pilotage de l'irrigation en Afrique subsaharienne. Il s'agit de fournir une aide à la décision tant au niveau de l'exploitation que de la culture elle-même. Le but final est de proposer un ensemble d'outils à partir duquel un ou une combinaison de modèles de différentes techniques (empirique, fonctionnelle, mécaniste) peut être sélectionnée pour aborder avec succès certains problèmes qui ne peuvent l'être par un seul outil. Avec un tel outil, les conseillers agricoles sont en mesure d'aider les petits exploitants agricoles dans le choix du scnario le mieux adapté pour leur exploitation et pour leurs cultures afin de réduire les risques climatiques, améliorer la qualité et augmenter la production. Dans notre recherche, différents modèles de simulation agronomique sont intégrés dans une plateforme unique suivant une architecture client/serveur. Nous introduisons les concepts qui constituent la base théorique de notre approche tels que: (a) le contexte de simulation, (b) la sélection de modèles, (c) la coordination de modèles.

ABSTRACT. This paper proposes a new generation of agricultural Decision Support Tools (DST) that leverages a multi-models platform and client/server technology to allow for new possibilities in the areas of dynamic real-time crops growth simulation and irrigation decision support in sub-saharan africa. The goal is to equip farm advisors, with a single powerfull farm and crop-level decision support tool from which one or a combination of models or scenario can be selected to successfully address some problems that can not be tackled by one tool or one scenario alone. With such a tool, farm advisors are able to assisting smallholder farmers in selecting appropriate options for reducing climate risks, improving crop productivity and products quality. In our research, we take various models for crops growth simulation and integrate them into one single platform using components based technology in a client/server architecture. We introduce major concepts that form the theoretically basis our framework: (a) simulation-context, (b) model selection, (c) model coordination.

MOTS-CLÉS : modèle, simulation, agriculture, outil aide à la décision, OAD, plateforme, multi-modèle

KEYWORDS : model, simulation, agriculture, decision support tools, DST, platform, multi-model

1. Introduction

1.1. The context

Over the past decade, the rapid growth of the population, food insecurity, intensive pressure on land, and economic crises have highlighted Subsaharan Africa leaders the urgent need to encourage smallholder farmers towards sustainable agriculture, the moderated use and preservation of natural resources such as water, the protection of the environment and biodiversity as well as improvement of agricultural product quality. The end objective is two folds :

1) Ensure food security by increasing agricultural production with fewer resources while reinvigorating rural economies.

2) Enable smallholder farmers and agro-industries not only to produce more, but also to produce better to become strong enough for facing the global competition of imported products and thus enhancing their life conditions.

This clearly means that smallholder farmers have to fully match the market demands and enhance product quality, while preserving the environment. The achievement of such challenges is a non-trivial task and implies a change of the paradigm. With the new environmental challenges they are now confronted with, they must adopt new behaviors to which they have not or may not have adequate knowledge and related technology.
The great potential of Decision Support Systems (DSS) has been recognized by many researchers [4, 1, 5, 3] and can help in the improvement and the emergence of a sustainable Agriculture in Subsaharan Africa. They provide tools, like computer models, that can assist farmers and policy makers make better decisions, since agricultural and economic systems are highly complex with enormous variability. Farmers and policy makers need to capture and interpret a vast amount of information before making any decisions regarding future activities. Therefore, the use of DSS helps in using computer based-technologies, data, knowledge and models to complete a large and complex decision process tasks, giving emphasis to structural and even if to semi-structured and unstructured decisions [1, 2].
DSS have been widely applied since the eighties in several agriculture activities from plantation to harvesting. Although there is a wide range of DSS available, their wide usage is limited and not so tangible in Subsaharan Africa. This is a consequence of the difficulty to find one existing tool which matches exactly the diverse demands of smallholder farmers. On the one hand, the cost and time required for the development of site-specific recommendations are very prohibitive. Moreover, the construction of adaptors of existing tools can be costly in particular when built from scratch. Consequently, if neither the adaptation of existing tools nor the development of site-specific recommendations is not easily realizable in terms of costs and of technical challenges, it is interesting to explore new more flexible approaches that plead in favour of the development of problem-oriented frameworks that requires a set of existing agricultural simulation models from which one or a combination of simulation models from various sciences (empirical, functional, mechanistic) can be selected to successfully address some problems that can not be tackled by one particular tool alone, without adding new simulation rules and strategies, without the need to have strong IT experience or agronomic knowledge.
This paper presents our work towards the development of a multi-model software platform for crops growth simulation, denoted by *e-Tumba*. It aims at assessing farm and crop-level

decisions used by the farm advisers for assisting non educated smallholder farmers in selecting appropriate options for reducing climate risks, improving crop productivity and products quality. In our work, we take various models for crops growth simulation and we integrate them into one single platform using components based technology[11, 12, 13] in a client/server architecture. We address major issues such as a) simulation-context, b) model selection, c) model coordination. They form the theoretically basis our framework.

1.2. The structure of the paper

The structure of the paper is as follows. In section 2 we rapidly review some basic concepts of the approach used in this paper. It also introduces the notion of multi-models platform and presents the client/server architecture used in our work. Section 3 introduces our approach towards the development of a multi-model software platform. Section 4 gives a briefs description of the intend operational workflow that shows how the platform will be deploied. Finally, in Section 5 we summarize our work and provide future directions to be taken. Section 6.1 is the appendix. It illustrates the first developments carried out on the research presented here. It also highlights some issues that can raise when dealing with solutions provided by third parties, which are models providers in our case.

2. Basic concepts of the approach

In this section, we introduce the basic concepts that form the fundations of our work.

2.1. Multi-Model Platform

In the our research, a multi-models platform is seen as a generic and complex software system that should be modelled so as to be capable of integrating different models to simulate processes of various crops species. To make the platform performant and user-friendly, a graphical user interfaces should be developped for the configuration of the simultation engine, display of the simulation results and visual analysis. Simulation results should be exploited anytime and anywhere, even in rural areas without needing sophisticated IT infrastructure.

2.2. A Client/Server based architecture

For the above purposes, we consider a component-based system that consists of three parts : a) the client component or simply the *client*, b) the simulation processing component, simply denoted by *server* and the infrastructure that provides communication channels between the *client* and the *server* shown in Figure 1.

The *client* runs on an Internet ready mobile device and interacts with the server through the interfaces. The communication infrastructure maps the interfaces used by the *client* to those of the *server*. The *server* provides multiple sets of functionalities and each set of functionalities corresponds to the simulation services modelled by each individual simulation model. These services are grouped into components and can be accessed by the *client*.

By doing so, raw data and process modules or process functions are implemented at the server level whereas the graphical user interfaces are implemented at the client level and depicted at runtime according to the simultation results.

In the following, the refer to model to denote agricultural simulation model.

3. The approach

In this section, we first provide an overview of our approach to develop a multi-model framework for interactive agricultural crops growth simulation. We then illustrate the approach with our prototype in the appendix.

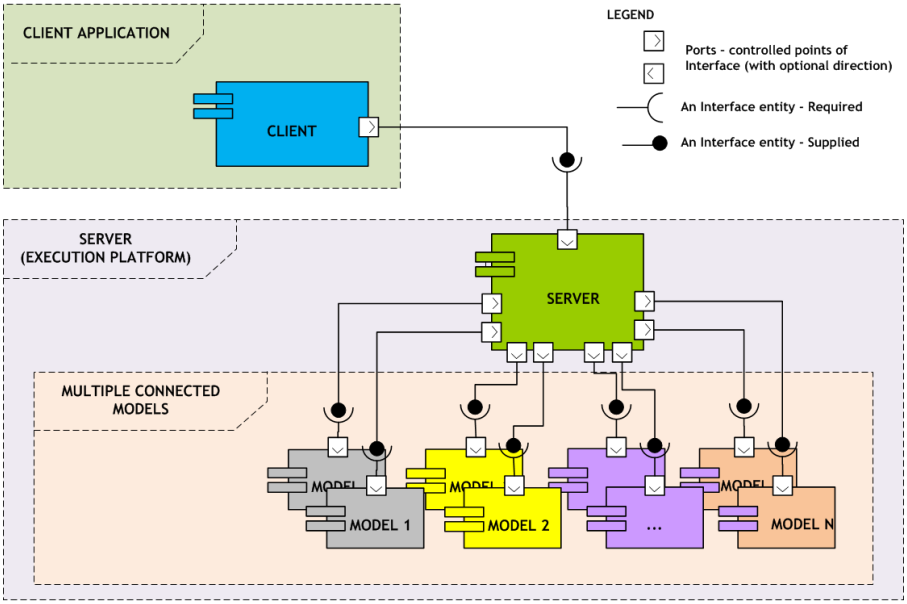


Figure 1. *e-Tumba : The General Architecture*

To develop the multi-model software platform for agricultural crops growth simulation, we use an approach that separates the representation part from the processing (computation) part. In this approach, a remote simulation processing server computes simulations on the basis of context information received from the *client*.

The *server* gathers context information that facilitates further computations without requiring access to some database records. This is to improve the performance and to reduce bandwith occupancy.

The *client* integrates intelligent control strategies and it queries simulation context data to drive the analysis and to depict the plant development in 3 dimensional space. Plant development representation is controlled by internal functions corresponding to time in their life cycle as generated by the *server*. The simulation results raised by the *server* are sent to the *client* as raw data. The corresponding 3D representations, charts, graphics, reports, user guidance are built in rela time by the *client* with help of pre-specified plant geometry. Each graphical representation is accompanied by recommendations in text format

3.1. Simulation context

In our research, a simulation-context is defined as input data required by each individual model to contribute to the performance of unified or independent tasks.

One important issue of our problem domain is the concurrent execution of different simulation models which may iteratively require context information at runtime from the environment via their interfaces. The type of required context information is made available by the model provider with the simulation model. This summary information serves as starting point for selecting information the *client* application has to send to the *server* to instantiate appropriate models.

The general requirements concerning simulation context are modelled in the UML [7] class diagram of Figure 2. In this figure, a simulation is performed on a given context and may involve many simulation models, which can follow different objectives modelled as roles *model* (see Figure 2), and a model may have arbitrarily many interfaces, playing the role of provided or required interfaces.

This clearly means that from the same context as shown in Figure 1, a *client* can run different simulation models on one or several cultivations concurrently to achieve different objectives. For example, running a crop water requirements simulation model [8], while simulating the energy and masstransfer processes carried on the soil water-plant atmosphere continuum for rice, etc.

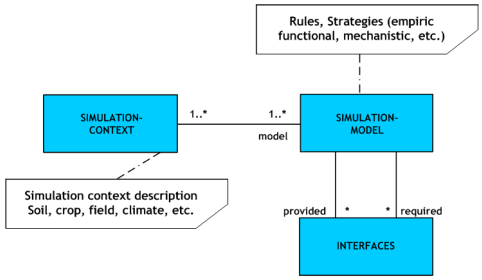


Figure 2. *e-Tumba : Models interfaces*

As a model user, we view the simulation models as context-dependent simulation processors because the *client* application provides the context from which the *server* computes simulations. Capturing the context is thus very important because the *client* is concerned with only those configurations or aspects that are relevant to a particular farmer. This clearly means that low quality context will result in approximative or incorrect results.

3.2. Model selection strategy

The second issue of our multi-model framework is to use the information of the simulation context in order to identify the best suited models to be instantiated to find the solution of the problem. The context control supposes the following three steps a) context validation, b) model selection, c) model instantiation.

The strategy and associated model selection takes into account a finite set of model independent strategies that imply the following control operations over the simulation-context (input parameters) : equal (==), not equal (<>), less than (<=)..., greater than..., etc. The automatic simualtion model selection is not yet solved in our work. A first solution being implemented is to check all the possibilities and to select the least expensive model (time, resources)accepting the maximum of specified input parameters.
Each simulation model must have a context on which it is applied. The simulation-context must be specified by the user (i.e farm advisers) and the model selection depends on the context. If a parameter mandatory to a model to run properly is not specified by the simulation context this model is not taken into account.

3.3. Model coordination

Intuitively, individual simulation models are used in a common simulation process because they may be in some sense related to each other. The problem is now to circumscribe the relationship among models participating in a simulation process. The simulation context binding clustering encapsulates models that share the same input data to operate. In the following, we propose the *simulation time* concept shown as the computation time between two consecutive computations in which the relation between participating models is determined by the current context information provided to them by the client application. As a consequence, the computation time steps depend, of course, on the context and the simulated processes which typically range from minutes or hours, etc.. Hence a precise, unambiguous specification of the models coordination issue is needed. This can be expressed as follows :
Given the initial *Simulation-Context* at the model's provided interface, the following strategy is defined to coordinate models at run time while not at simulation end :
Do{

1) Read simulation context from client's interfaces.

2) Check newly read context at client control mechanisms and forward it to the simulation processing server.

3) Read simulation context from server's interfaces.

4) Compute simulation step with new context for the next time step.

5) Provide newly computed simulation results at the client's interfaces.

6) Depict the plant development in 3 dimensional space and highlight conclusions.
} while not at simulation end

To keep performances acceptable, we build farmer's profile by backtracking the simulation context history and understanding farmer's experience in order to best calibrate each model.This prevents permanent connections between the client and the server that could result in network congestion and lead to the interruption of service in rural areas with a narrow Internet bandwidth. Similarly, the client keep track of some data not involved in the simulation process in a local database to avoid pushing a huge amount of data to the server.

4. The Operational workflow

4.1. A centralized platform

The operating scenario our multi-model software platform can be summarized as follows (cf. Figure 3). Automated weather stations equiped with sensors are installed at the center of the agricultural area, to collect real time information on soil/weather characteristics for the entire village or distric. This is to provide high quality inputs data our core platform needs to issue simulation queries to connected simulation models. These information related to crop, soil and micro-environment, collected by sensors, is sent to a remote central server (the core platform) using the cellular network. The central server relies on :

– An automated Frequently Asked Questions database which is able to handle general and generic queries. Responses are sent back to requesters through simple SMS, voice or email.

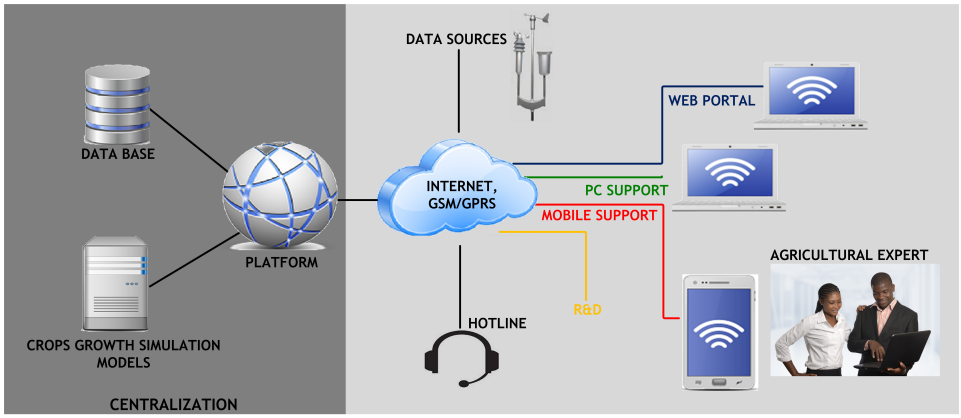


Figure 3. *e-Tumba : Workflow overview*

– Its models manager for specific or sophisticated questions that cannot be answered automatically. The models manager selects the best suited set of available models, able to treat the demand. A notification is simultaneously forwarded to a designated expert equiped with a mobile device (Smartphones or tablet) with GSM/Internet access. The expert interacts with the platform to make simulations, analyse results and provide advisories to the farmer remotely or onsite face to face.

Another strength of e-Tumba is its adaptability to technician with no strong background who can for example, capture an image of the crops and request advice from the platform or from a remote pool of experts. Moreover, the platform is capable of providing personalized advice on weeds, pesticides, insecticides, disease, soil, weather, water management, market price, government policies, financial aspects, transportation, and other topics, very specifically for each crop and each farmer. The platform also uses farmer feedback to validate to consolidate it's knowledge base and to help in improving the efficiency of models.

4.2. A Platform supporting mobile based-services

The e-Tumba platform includes mobile based services. Mobile-based agricultural Decision Support Systems (DSS) and information service is a giant leap of e-Tumba towards becoming an epitome of complete Agricultural DSS and information system. This new venture, which offers a plethora of high added value services, could very well be positioned as a right tool for information dissemination that leverages on the modern technology. e-Tumba disseminates the information through various mobile-based services like SMS based information services, voice based Agricultural advisory services, and videos though the mobile, etc.

4.2.1. Why mobile based agricultural services in Subsaharan Africa ?

Mobile or smart phones is becoming an essential device for all types of users irrespective of the age group. In Africa mobile technology has unleashed a paradigm shift in the communication medium to reach out to the masses. As per statistics, Senegal is one of the countries in the African continent where the mobile penetration is very high with a growth rate of 7% each year. In a small central African country, Gabon, the penetration rate of mobile phone is over 100%. To tap this vast potential medium, e- Tumba has intro-

duced several mobile based services via SMS (PUSH and PULL), voice and video based services to the farming community.

5. Conclusion

In this paper we have described requirements and the basic concepts towards the development of a multi-model framework for crops growth simulation. The framework supports the integration of various agricultural simulation models from various sciences and providers to perform integrative simulations. Applying the framework to subsaharan Africa agriculture land provides several advantages :

– Encourage smallholder farmers towards sustainable agriculture.

– Moderate the use and preserve natural resources such as water.

– Protect the environment and the biodiversity, while reinvigorating rural economies.

– Improve agricultural products quality.

– Etc.

For futur work, we will continue improving the prototype under development by connecting more models of major crops. These crops are for example : soybean, maize, rice. They have been selected as they constitute good alternatives to existing, traditionally cultivated, major field crops in Subsaharan Africa agricultural land.
Furthermore, despite Sub-Saharan Africa's high potential for agriculture is an internationally established fact, the agriculture sector is still facing significant challenges, we need to include in our investigations. Some of these challenges are :

1) Farming Life Cycle : Steps a farmer performs and what information is required at each step ?

2) Information Dissemination : Farmers typically face following challenges in receiving timely and personalized information. How can the information be automatically disseminated to farmers at the right moment, when they need it, including in isolated and marginal locations with low levels of technology ?

3) Farmers revenue : How to make all this economically viable for all stakeholders (technology providers and farmers) ?

6. APPENDIX

6.1. The prototype

Figure 4 depicts the GUI of the mobile client part of e-Tumba platform. The prototype uses simulation models of the company ITK [10] on dummy data and knowledge of one major field crops, the cotton[9]. In the current version, several simulations can run concurrently. The data exchange between models at run time is not yet supported. The system is accessed

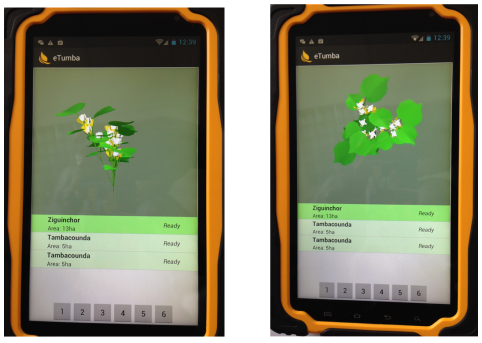


Figure 4. *Mobile 3D Simulation of cotton*

through an Android based tablet.

In order to maintain good functionality and compatibility with most of data generated by differents simulation models, running on the processing server, standard java technologies available on Android Platform have been used to draw simulation results in 3D using openGL libraries. Note that this prototype is still under development and doesn't include several functionalities.

The prototype includes a desktop application running on windows based workstation, see Figure 5. In this version, cotton has many output screens. The system can display at the same time a window where you can see the plant growing, another window showing the root system, and other windows with graphs of stress indicators or plant yield components.

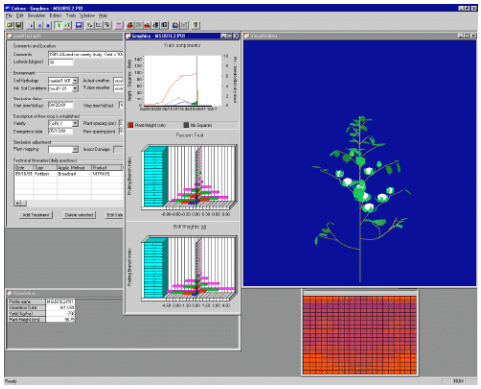


Figure 5. *Workstation Representation of cotton*

6.2. Realization of the prototype

The realization of the e-Tumba multi-models platform required complex programming techniques. To make the platform generic, we have followed a component ased programming approach. According to the principles of object-orented design, Java modules and classes were programmed for plant growth simulation as well as relevant input, output and user interfaces. The client was developed as an Android application with a basic user-friendly graphical interface runing on an Android based Tablet. To draw plant growth, the plant geometry of cotton has been used to reflect the cotton model at our disposal. The progam is currently very basic and needs improvements. The server side has been left unchanged, as delivered by the model supplier (iTK). It has been simulated with dummy data.

6.3. Issues in using models of various providers

Typical issues that raise when using third-party models can be seen from two perspectives : (a) the models provider perspective and (b) the models user perspective.

(a) The models provider perspective addresses the issues that are of interest to the provider of the models such as model's performance and reliability, implementation choices, etc.

(b) The models user perspective, in contrast, addresses, the simulation context, model selection, model coordination, communication and results drawing issues from the results pertaining to the solution of the problem. These items are not always taken into account by the model provider. The use has to implement the adaptations he needs. This is the main challenge we faced. Most of existing models run as standone applications. Bringing

them to operate in a client/server manner is not easy.

Another factor that distinguishes the issues that are pertinent in the two perspectives is the availability of the source code of the simulation models : the models providers have access to the source code, whereas e-Tumba developpers typically may not. In this paper, we assume that the different simulation models are available in terms of APIs and executables, as well as metadata, initialisation data and other data which is required to run the model. We also assume that these models have been already checked and are ready to be used in real production.
Since our work consists of developing a common frame for crops growth simulation by connecting various models, possibly of different providers, e-Tumba is seen as a model user. Therefore our multi-model software platform requires to solve models' user related technical issues described in previous sections : the simulation-context, the model selection and the model coordination. The networking infrastructure is left out of the scope of this paper.

7. Bibliographie

[1] KEATING, B.A., MCCOWN R.L., « Advances in Farming Systems Analysis and Intervention. Agricultural Systems », , 70 : 555-579, 2001.

[2] YIALOURIS, C., KOLLIAS, V., LORENTZOS, N., KALIVAS, D., SIDERIDIS, A., « An Integrated Expert GIS for Soil Suitability and Evaluation. », *Journal of Geographic Information and Decision Analysis*, 1 : 90-100, 1997.

[3] YIALOURIS C. P., AND SIDERIDIS, A. B., « An Expert System for Tomato Diseases », *Compututers and Electonics in Agriculture*, 14 : 61-76, 1996.

[4] JONES, J.W., TSUJI, G.Y., HOOGENBOOM, G., HUNT, L.A., THORNTON, P.K., WILKENS, P.W., IMAMURA, D.T., BOWEN, W.T., SINGH, U., « Decision Support System for Agrotechnology Transfer. », *Tsuji, G.Y., Hoogenboom, G., Thornton, P.K. (Eds.), Understanding Options for Agricultural Production. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht*, pp. 157-177, 1998.

[5] SEGRERA, S., PONCE-HERNANDEZ, R., ARCIA, J., « Evolution of Decision Support System Architectures : Applications for Land Planning and Management in Cuba. », *Journal of Computer Science and Technology.*, 3, 40-46, 2003.

[6] TRAORE, SEYDOU B., « T.E. Struif Bontkes, M.C.S. Wopereis (Eds.), Decision Support Tools for Smallholder Agriculture in Sub-Saharan Africa. A Practical Guide. », *Agricultural Systems. International Center for Soil Fertility and Agricultural Development (IFDC), Muscle Shoals, AL, USA, and Technical Centre for Agricultural and Rural Cooperation (CTA), Wageningen, The Netherlands*, vol. 3, n° 86 : 349-350, 2005.

[7] RUMBAUGH, J., I. JACOBSON, AND G. BOOCH, « The Unified Modeling Language Reference Manual, 2nd edition. », *Pearson Education, Inc.*, 2005.

[8] GUAUS, A. ; BSAIBES, A. ; CARTAILLER, T. ; PRIEUR, C. ; LEBON, E. ; GERARD , F. ; JALLAS, E, « A model-driven decision support system for vineyard water status management : a time-dependent sensitivity analysis. », *9th European Conference on Precision Agriculture (2013-07-07-2013-07-11) Lleida (ESP). In : Precision agriculture '13. Wageningen (NLD) : Wageningen Academic Publishers.*, pp.451-457, 2013.

[9] THANISAWANYANGKURA S., SINOQUET H., RIVET P., CRETENET M., JALLAS E, « Leaf orientation and sunlit leaf area distribution in cotton. », *Agricultural and Forest Meteorology.*, 86 : 1-15, 1997.

[10] ITK, « http ://itkweb.com/ ?lang=en. ».

[11] G. T. HEINEMAN, I. CRNKOVIC, H. W. SCHMIDT, J. A. STAFFORD, C. A. SZYPERSKI, K. C. WALLNAU, « Component-Based Software Engineering. », *8th International Symposium, CBSE. LNCS Springer*, 3489, 2005.

[12] C. SZYPERSKI, « Component Software : Beyond Object-Oriented Programming. », *Addison Wesley Publishing Company.*, 1997.

[13] H. APPERLY, G. BOOCH, W. T. COUNCILL, M. GRISS, G. T. HEINEMAN, I. JACOBSON, S. LATCHEM, B. MCGIBBON, D. NORRIS, J. POULIN, « The Near-Term Future of Component-Based Software Engineering. », *Chapter 43 in G. T. Heineman and W. T. Councill, Editors, Component-Based Software Engineering : Putting the Pieces Together, Addison-Wesley, Boston, MA.*, pp. 753-774, 2001.

Forward kinematics modeling of CBHA

Achille Melingui*, Rochdi Merzouki*, Jean Bosco Mbede**

* LAGIS, UMR CNRS 8219
University of Lille 1, Polytech' Lille
59655 avenue Langevin, Villeneuve d'Ascq
FRANCE
achille.melingui@etudiant.univ-lille1.fr, rochdi.merzouki@polytech-lille.fr

** Department of Electrical Engineering and Telecommunications
University of Yaounde 1 P. O. Box: 8390 Yaounde
CAMEROON
mbede@neuf.fr

ABSTRACT. The Compact Bionic Handling Assistant (CBHA) manipulator inspired by elephant trunk is a class of continuum manipulators, with pneumatic actuation and compliant gripper. Continuum robots are subjected to a set of nonlinearities and uncertainties making difficult the design of an accurate analytical model that can be used to develop control strategies. In addition, the CBHA manipulator includes the problem of actuation range and non-stationary behaviors. In such scenarios, learning-based approaches become suitable tools to capture un-modeled nonlinear behaviors of continuum robots. In this paper, the type-2 fuzzy logic is used to approximate the forward kinematics model (FKM) of the CBHA manipulator. Fuzzy rule generating algorithm proposed by Wang and Mendel (WM) is extended to the type-2 fuzzy logic for fuzzy rules generating. The results obtained using a set of 729 samples demonstrate the efficiency of the proposed approach.

RÉSUMÉ. Le manipulateur Bionic compact inspiré par la trompe d'éléphant est une classe des manipulateurs continus, avec un actionnement pneumatique et une pince compliante. Les robots continus sont soumis à des non-linéarités et incertitudes qui rendent difficile la conception d'un modèle analytique précis pouvant être utilisé pour l'élaboration des lois de commande. En outre, le manipulateur CBHA inclue les problèmes de plage d'actionnement et des comportements non stationnaires. Dans de tels cas, les approches basées sur l'apprentissage deviennent des outils adéquats pour modéliser les comportements non linéaires et non modélisés de ces derniers. Dans cet article, la logique floue de type-2 est utilisée pour calculer le modèle cinématique directe du manipulateur bionic. L'algorithme de génération de règles floues proposé par Wang et Mendel est étendu à la logique floue de type-2 pour générer des règles floues linguistiques. Les résultats obtenus sur un ensemble de 729 échantillons démontrent l'efficacité de l'approche proposée.

KEYWORDS : CBHA, Continuum robots, Type-2 Fuzzy logic, Forward kinematics

MOTS-CLÉS : CBHA, robots continus, Logique floue de type-2, Cinematique directe

1. Introduction

Continuum robots present some features (flexibility, redundancy,...) which can be exploited for obstacle avoidance, singularities elimination, and as well as for smooth motion tasks achieving. Their modeling can be carried out with the continuum mechanic approach. Therefore, their kinematic equations can be solved by using integral resolutions, which are time consuming for autonomous navigation systems.

By considering a more detailed model of material physics and bending processes, an analytic method based on the Euler Bernoulli beam and Lagrange equations, was proposed for kinematics and dynamics modeling of continuum robots [1]. However, the models obtained do not provide closed-form solutions. In [2], [3], the authors have investigated the use of hyper redundant rigid link models. A section kinematic is built connecting several 3-DOF parallel mechanisms in series. Afterwards, these section kinematics are combined with the manipulator arm kinematics as an open chain model. However, it is difficult to relate the CBHA links as a rigid-link model which often gives imprecise results [4]. In [5], the authors have focused on the continuum deformation of the entire robot arm section. They used circular shape functions to describe all possible deformations of the section. However, an examining of the physics of flexible structures demonstrates that continuum trunks bend with constant curvature, forming an arc of a circle, only in the absence of external forces [6]. Jones et al. [7] have pointed out the central problem of circular approaches through a numerical investigation. The difficulty occurs when one or more sections of the trunk do not bend, in which case the bending radius of the trunk section becomes infinite. This gives rise to two problems [7]: The numerical evaluation of the kinematics at this point, and the evaluation near the limiting case of a straight section. The authors only deal with the straight positions, but they do not apply if a section is not bent. Godage et al. [8] have prevented this problem by choosing a more general class of functions. Their model successfully describes elongation, but encounters estimation problems in a high-dimensional parameters.

Fuzzy logic approach, inspired from the human being, has an important characteristic in the way it deals with various situations without a model of the environment; such that it has become a popular approach for nonlinear function approximation [9]. However, traditional type-1 FLC using precise type-1 fuzzy sets cannot fully handle the uncertainties present in nonlinear dynamic systems [10]. They face many sources of uncertainties and imprecision (inputs FLC uncertainties, control action uncertainties, linguistic uncertainties) [10]. Higher order FLS, such as the interval type-2 FLS, have been shown to be suitable to deal with these uncertainties [10]. This ability is explained by the fact that an interval type-2 can be seen to possess an uncountable number of type-1 fuzzy sets. The performances of the latter are strongly related to fuzzy rule base, which is usually given by experts. However, the evaluation of linguistic rules becomes difficult for high dimen-

sional systems. A combination of expert experience with the sampled input-output data pairs of the system becomes a suitable alternative in such cases. In this work, the generating fuzzy rules algorithm proposed by Wang et al. [11] is extended to type-2 FL for fuzzy rules generating. The contribution of this work can be summarized in two points: the extension of the WM algorithm to the type-2 FL; and the development of an accurate FKM of the CBHA.

The paper is organized as follows: Section 2 presents the forward kinematics problem formulation, while Section 3 recalls the concepts of the type-2 fuzzy logic. Section 4 develops a modified version of the WM algorithm, and Section 5 describes the design of the type-2 fuzzy logic controller. Section 6 presents the results obtained, and finally Section 7 gives conclusions.

2. Forward kinematics problem formulation

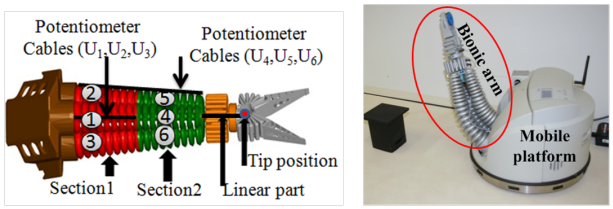


Figure 1. *RobotinoXT mobile bionic manipulator*

The CBHA manipulator depicted in Figure 1 is attached to an omnidirectional mobile robot platform called Robotino to form the RobotinoXT. It comprises two main segments, each with three pneumatic-actuated bellows. A ball-joint as wrist, controlled using two actuators, and two compliant jaws constituting the gripper, controlled by one actuator. Each actuator can be controlled separately. The venting of the backbone tubes allows one to reset its shape; and a compressed air supply leads to its expansion. The bionic trunk consists of nine sensors; six wire-potentiometers, installed on the surface of each flexible backbone tubes to measure their actual elongations. Two sensors are used for the rotating part and the last one to detect the state of the gripper.

Nowadays, the CBHA placed on the Robotino mobile robot platform is controlled in an open-loop configuration using a joystick interface. The problem is to keep this control autonomous, and in the closed-loop scheme. This paper8 focuses on an essential subsystem, i.e. the forward kinematics model (FKM). The latter gives the relationship between the tube-lengths and the Cartesian coordinates of the tip of the CBHA. We developed the FKM of the two jointed segments (red and green segments of the Figure 1), so that the tube-lengths and the Cartesian coordinates are respectively used as inputs and

outputs of the interval type-2 FLC. Note that, frictions and hysteresis related to CBHA structure can cause largely different postures when applying the same pressure several times (non-stationary behavior). Hence, pressure does not provide reliable information about the robot position and movement in space, reaching solely concerns the geometric information (length-sensors). This geometric information (length-sensor values) can be controlled by dynamically adjusting the pressure in each actuator.

3. Type-2 Fuzzy Logic concepts

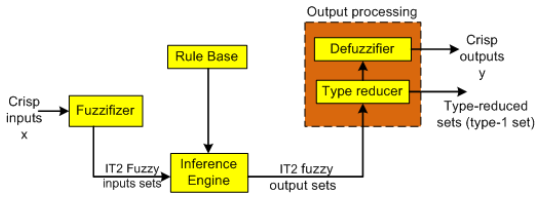


Figure 2. *Type-2 fuzzy logic controller*

The concept of type-2 fuzzy was introduced by Zadeh [12] as an extension of type-1 fuzzy sets. While a type-1 fuzzy set noted A is characterized by a type-1 MF $\mu_A(x)$ (i.e the membership grade is a crisp number in $[0,1]$), where $x \in X$ and $\mu_A(x) \in [0,1]$, a general type-2 set noted $\tilde{A}$ is characterized by a type-2 MF $\mu_{\tilde{A}}(x,u)$, where $x \in X$ and $u \in J_x \subseteq [0,1]$, i.e.,

$$\tilde{A} = \{((x,u),(\mu_{\tilde{A}}(x,u)))|\forall x \in X, \forall u \in J_x \subseteq [0,1]\} \quad (1)$$

In which $\mu_{\tilde{A}}(x,u) \in [0,1]$. $\tilde{A}$ can also be expressed as follow [10]:

$$\tilde{A} = \int_{x\in X}\int_{u\in J_x} \mu_{\tilde{A}}(x,u)/u(x,u), J_x \subseteq [0,1] \quad (2)$$

Where$\int\int$ denotes union overall admissible x and u. For discrete universes discourse, $\int$ is replaced by $\sum$. J_x is called the primary membership of x in $\tilde{A}$. At each value of x says $x = x'$, the 2-D plane, whose axes are u and $\mu_{\tilde{A}}(x',u)$ is called a vertical slice of $\mu_{\tilde{A}}(x,u)$ [10]. $\mu_{\tilde{A}}(x = x',u)$can be represented for each $x \in X$ and $\forall u \in J_x \subseteq [0,1]$ as:

$$\mu_{\tilde{A}}(x = x',u) \equiv \mu_{\tilde{A}}(x') = \int_{u\in J_{x'}} f_{x'}(u)/u, J_{x'} \subseteq [0,1] \quad (3)$$

In which $0 \leq f_{x'}(u) \leq 1$. $\mu_{\tilde{A}}(x)$ is referred as a secondary MF; it is a type-1 fuzzy set. When the secondary MF's is type-1 interval sets, where $f_x(u)$, we call the type-2 set an

interval type-2 set. Figure 2 shows the schematic diagram of an IT2FLS; it is similar to T1FL, the major difference being that at least one of the FS in the rule base is an IT2FLS. Hence, the outputs of the inference engine are IT2FS, and a type-reducer is needed to convert them into a type-1 FS before the defuzzification process [10].

4. Extended Wang and Mendel algorithm

Thanks to its simplicity and performances, WM algorithm [11] has been widely used for fuzzy rule generating. It uses the type-1 fuzzy sets, and the sample input-output data pairs obtained from the problem to solve for fuzzy rules generating. We extend this approach to type-2 FL. The algorithm proceeds in 5 steps:

– Step 1: A fuzzy partition of the input and output variables: The partition of the input and output variables into fuzzy regions is obtained from the expert information or by a normalization of input and output space variables. Find a precise membership function using the type-1 fuzzy set is a challenging task; it is usually obtained after several trials. Type-2 fuzzy sets become suitable where it is difficult to determine an exact and precise membership function.

– Step2: Generate a candidate linguistic rule from a given data pair: Consider a type-2 FLS with P inputs, $x_1 \in \tilde{X}_1, x_2 \in \tilde{X}_2, ..., x_P \in \tilde{X}_P$, and M outputs, $y_1 \in \tilde{y}_1, y_2 \in \tilde{Y}_2, ..., y_M \in \tilde{Y}_M$, a candidate linguistic rule (rule R^n) is expressed by:

$$IF\, x_1\, is\, \tilde{X}_1\, and\, x_2\, is\, \tilde{X}_2, ..., x_p\, is\, \tilde{X}_P\, THEN\, y_1\, is\, \tilde{Y}_1\, and\, y_2\, is\, \tilde{Y}_2, ..., y_p\, is\, \tilde{Y}_P \quad (4)$$

The process consists to determine the degree of a given data pair in the different fuzzy regions and assigning this data pair to the region of maximum degree.

– Step3: Assign an important degree to each rule: The degree associated to linguistic rule is obtained as follows:

$$G(R^n) = [\underline{\mu}_{\tilde{X}_1^n}(x_1) \times ... \times \underline{\mu}_{\tilde{X}_P^n}(x_P) \times \underline{\mu}_{\tilde{Y}_1^n}(y_1) \times ... \times \underline{\mu}_{\tilde{Y}_M^n}(y_M),$$
$$\overline{\mu}_{\tilde{X}_1^n}(x_1) \times ... \times \overline{\mu}_{\tilde{X}_P^n}(x_P) \times \overline{\mu}_{\tilde{Y}_1^n}(y_1) \times ... \times \overline{\mu}_{\tilde{Y}_M^n}(y_M)] \quad (5)$$

Where $\underline{\mu}_{\tilde{X}_i^n}$ and $\overline{\mu}_{\tilde{X}_i^n}$ are respectively the lower and the upper membership grades, and $\times$ the multiplication operator.

– Step4: Create a combined fuzzy rule base: n this step, the candidates fuzzy rule are regrouped by similarity (same antecedent part). All the single candidate linguistic rules are validated, while the candidate linguistic rule with a maximum degree is validated in the case of more candidates linguistic rules.

– Step 5: Determine the consequent variables based on the combined fuzzy rule base: Type-reduction proposed by Karnik and Mendel (KM) [21] is performed to eval-

uate the left end point $y_l(x)$ and the right endpoint $y_r(x)$. Finally, the output values are obtained by taking the average of end points $y_l(x)$ and $y_r(x)$.

5. Type-2 Fuzzy Logic Controller Design

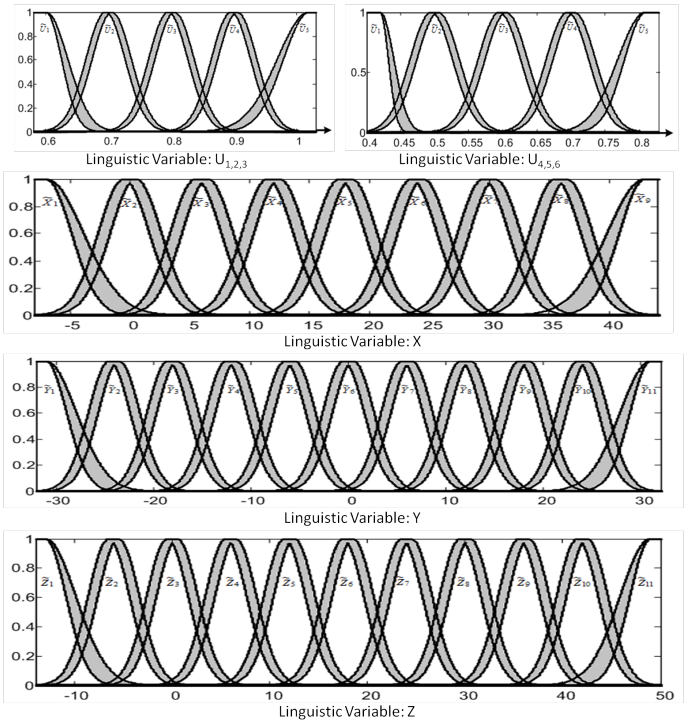


Figure 3. *Type-2 Membership functions*

The interval type-2 FLC comprises 6 inputs (the voltages provided by 6 wire-potentiometers) and 3 outputs (the tip position of the CBHA). To build the database, the tip position of arm is evaluated experimentally by means of a trilateration system [13]. We get a total of 4096 samples. We use the type-2 fuzzy sets (Gaussian interval type-2 membership functions Figure 3) for the inputs and outputs of the controller to model and handle the uncertainties and to deal with the difficulty associated with determining the exact membership functions [10]. The range parameters are determined by taking the physical constraints of the CBHA into consideration. The length-sensors (wire-potentiometers) are divided into two groups. The first group measures the elongations of both sections, while the second only

measures the elongations of the second section. The inputs $(p_1, p_2, p_3, p_4, p_5, p_6)$ of interval type-2 FLC are modeled by five linguistic terms $(\tilde{U}_1, \tilde{U}_2, \tilde{U}_3, \tilde{U}_4, \tilde{U}_5, \tilde{U}_6)$. The output X is modeled by nine linguistic terms $(\tilde{X}_1, \tilde{X}_2, \tilde{X}_3, \tilde{X}_4, \tilde{X}_5, \tilde{X}_6, \tilde{X}_7, \tilde{X}_8, \tilde{X}_9)$, the output Y is modeled by eleven linguistic terms $(\tilde{Y}_1, \tilde{Y}_2, \tilde{Y}_3, \tilde{Y}_4, \tilde{Y}_5, \tilde{Y}_6, \tilde{Y}_7, \tilde{Y}_8, \tilde{Y}_9, \tilde{Y}_{10}, \tilde{Y}_{11})$, and the output Z is modeled by eleven linguistic terms

$(\tilde{Z}_1, \tilde{Z}_2, \tilde{Z}_3, \tilde{Z}_4, \tilde{Z}_5, \tilde{Z}_6, \tilde{Z}_7, \tilde{Z}_8, \tilde{Z}_9, \tilde{Z}_{10}, \tilde{Z}_{11})$. By using the extended WU algorithm, we get a total of 158 fuzzy rules (see annex). The first rule of the table is expressed by:

$$IF\ p_1\ is\ \tilde{U}_4\ and\ p_2\ is\ \tilde{U}_3\ and\ p_3\ is\ \tilde{U}_2\ and\ p_4\ is\ \tilde{U}_4\ and\ p_5\ is\ \tilde{U}_3\ and\ p_6\ is\ \tilde{U}_3$$

$$THEN\ X\ is\ \tilde{X}_8\ and\ Y\ is\ \tilde{Y}_6\ and\ Z\ is\ \tilde{Z}_5 \tag{6}$$

6. Results and Discussions

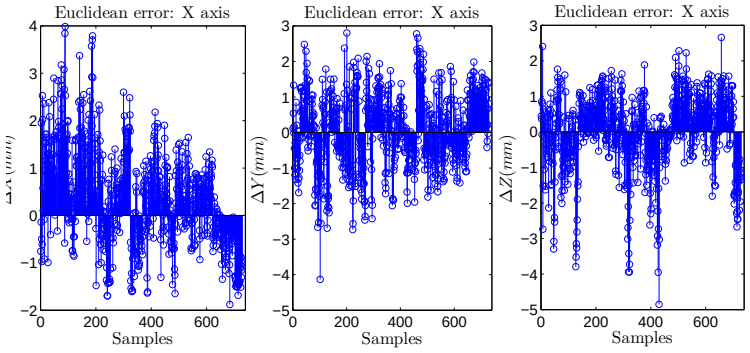


Figure 4. *Results obtained from 729 samples: Associated Euclidean errors*

The results obtained from a set of 729 sample data pairs are represented in Figure 4. They depict the Euclidean error between the desired and predicted tip positions of the CBHA in X, Y and Z axes. We note a Euclidean error of about $\pm 4mm$. The results are satisfactory given the complexity of the system. A comparison with existing works [13] shows the superiority of the proposed approach with respect to the model-based approach [14] (Euclidean error of about $\pm 9mm$). However, we get practically the same performance obtained with the method based on neural networks [13](Euclidean error of about $\pm 4.2mm$). The type-2 FL-based approach remains robust in terms of uncertainties with respect to neural-networks-based methods.

8

7. Conclusions

In this paper, the type-2 FLC is used to solve the forward kinematics problem of the CBHA manipulator. In the proposed approach, the extended WM algorithm is used for fuzzy rules generating. The type-2 FLC is validated using a set of 729 samples. We have shown that, by using an interval type-2 FLC, it is possible for a given set of potentiometer voltages to approximate the tip position of the CBHA with a good degree of accuracy, while dealing with uncertainties. In future work, we plan to add a layer of neurons at the output of interval type-2 FLC to improve the performances.

8. References

[1] B. He, and Z. Wang et al., "An Analytic Method for the Kinematics and Dynamics of a Multiple-Backbone Continuum Robot", *Int. J. of Advanced R. Sys.*, vol. 10, num. 1, 2013.

[2] T. Mahl, and A. E. Mayer et al., "A variable curvature modeling approach for kinematic control of continuum manipulators", *In American Control Conference*,2013.

[3] R. J. Webster, and B. A. Jones, "Design and kinematic modeling of constant curvature continuum robots: A review", *The Int. Journal of Robotics Research*, vol. 29, num. 13, 2010.

[4] B. A. Jones , and I. D. Walker, "Kinematics for multisection continuum robots", *Robotics, IEEE Transactions on*, vol. 22, num. 1, 2006.

[5] M. Rolf, and J. J. Steil, "Constant curvature continuum kinematics as fast approximate model for the bionic handling assistant", *in IROS, 2012 IEEE/RSJ Int. Conf. on*, 2012.

[6] I. A. Gravagne, and C. D. Rahn et al.,"Large defection dynamics and control for planar continuum robots", *IEEE/ASME Transactions on Mechatronics*, num. 17, 2011.

[7] A. Jones, and Walker I. D., "Limiting-case analysis of continuum trunk kinematics", *in ICRA 2002, IEEE*, 2002.

[8] I. S. Godage, and D. T Branson . et al., "Shape function-based kinematics and dynamics for variable length continuum robotic arms", *In Icra*,2011.

[9] L. X. Wang, "Fuzzy systems are universal approximators", *In Fuzzy Systems*, 1991.

[10] J. Mendel , "Uncertain Rule-Based Fuzzy Logic Systems: Introduction and New Directions", *Upper Saddle River, NJ: Prentice-Hall.*, 2001.

[11] L. X. Wang, and J. M. Mendel, "Generating fuzzy rules by learning from examples", *Systems, Man and Cybernetics, IEEE Transactions on*, vol. 22, num. 6, 1992.

[12] L. A. Zadeh, "The concept of a linguistic variable and its application to approximate reasoning", *Information sciences*, vol. 8, num. 3, 1975.

[13] A. Melingui, and C. Escande et al., "qualitative approach for forward kinematic modeling of a compact bionic handling assistant trunk", *accepted at 19th W. C. of IFAC*, 2014.

[14] C. Escande, and P. M. Pathak et al., "Geometric modeling of multisection bionic manipulator: Experimental validation on RobotinoXT", *ROBIO, IEEE conf.*,2012.

9

Table 1. *Annex: Fuzzy rule Base*

1	U4	U3	U2	U4	U3	U3	X8	Y6	Z5
2	U4	U3	U2	U4	U3	U4	X8	Y6	Z5
3	U4	U3	U2	U3	U2	U4	X8	Y5	Z6
4	U4	U3	U2	U3	U3	U4	X8	Y6	Z6
5	U4	U3	U2	U3	U4	U3	X8	Y7	Z6
6	U3	U3	U2	U3	U4	U4	X7	Y6	Z7
7	U4	U3	U2	U4	U2	U4	X8	Y5	Z5
8	U3	U3	U2	U4	U3	U4	X8	Y5	Z6
9	U3	U3	U2	U4	U4	U3	X8	Y7	Z6
10	U3	U3	U2	U3	U3	U4	X8	Y6	Z7
11	U3	U3	U2	U4	U2	U3	X8	Y6	Z4
12	U3	U3	U2	U4	U2	U4	X8	Y5	Z5
13	U3	U3	U2	U4	U3	U3	X8	Y6	Z6
14	U3	U3	U3	U3	U3	U4	X6	Y3	Z8
15	U3	U3	U3	U3	U2	U4	X6	Y2	Z7
16	U3	U3	U3	U3	U2	U5	X5	Y2	Z7
17	U3	U3	U3	U2	U3	U5	X5	Y3	Z8
18	U3	U3	U3	U3	U4	U4	X6	Y4	Z8
19	U3	U3	U3	U2	U4	U4	X6	Y4	Z9
20	U3	U3	U3	U2	U3	U4	X5	Y3	Z9
21	U3	U3	U3	U4	U2	U4	X7	Y3	Z6
22	U3	U3	U3	U4	U3	U3	X7	Y4	Z7
23	U3	U3	U3	U4	U3	U4	X7	Y4	Z7
24	U3	U3	U4	U3	U2	U5	X4	Y2	Z7
25	U3	U3	U4	U2	U2	U5	X3	Y2	Z7
26	U3	U3	U4	U2	U3	U5	X3	Y2	Z8
27	U3	U3	U4	U2	U3	U4	X3	Y3	Z9
28	U3	U3	U4	U3	U3	U4	X5	Y2	Z8
29	U3	U3	U4	U3	U2	U4	X5	Y2	Z7
30	U3	U4	U2	U3	U4	U3	X6	Y9	Z7
31	U3	U4	U2	U3	U4	U4	X6	Y8	Z9
32	U3	U4	U2	U2	U4	U4	X5	Y9	Z9
33	U3	U4	U2	U2	U4	U3	X5	Y10	Z8
34	U3	U4	U2	U4	U4	U3	X6	Y9	Z7
35	U3	U4	U2	U3	U3	U4	X6	Y8	Z8
36	U3	U4	U2	U4	U3	U3	X7	Y8	Z7
37	U3	U4	U2	U4	U4	U2	X6	Y10	Z6
38	U3	U4	U3	U3	U4	U4	X5	Y7	Z10
39	U3	U4	U3	U2	U3	U4	X5	Y6	Z10
40	U3	U4	U3	U2	U4	U4	X4	Y7	Z10
41	U3	U4	U3	U3	U3	U4	X5	Y6	Z10
42	U3	U4	U3	U2	U4	U3	X5	Y7	Z10
43	U3	U4	U3	U4	U3	U4	X6	Y6	Z9
44	U3	U3	U3	U3	U3	U3	X6	Y6	Z9
45	U3	U3	U3	U3	U4	U3	X6	Y7	Z9
46	U3	U3	U4	U2	U4	U4	X3	Y4	Z10
47	U3	U3	U4	U2	U4	U5	X2	Y4	Z9
48	U2	U3	U4	U1	U4	U5	X2	Y3	Z9
49	U2	U3	U4	U2	U2	U5	X3	Y2	Z8
50	U2	U3	U4	U2	U3	U5	X3	Y3	Z9

10

Table 2. *Annex: Fuzzy rule Base*

51	U2	U3	U4	U2	U4	U4	X3	Y3	Z10
52	U2	U3	U4	U3	U3	U4	X4	Y3	Z9
53	U2	U3	U4	U3	U2	U4	X4	Y2	Z8
54	U2	U3	U4	U3	U2	U5	X4	Y2	Z8
55	U2	U3	U4	U3	U3	U5	X3	Y2	Z8
56	U2	U3	U4	U2	U3	U4	X4	Y3	Z9
57	U3	U5	U2	U2	U4	U3	X3	Y10	Z8
58	U3	U5	U2	U2	U4	U4	X3	Y10	Z9
59	U3	U5	U2	U2	U5	U3	X2	Y10	Z7
60	U3	U5	U2	U3	U4	U3	X4	Y10	Z8
61	U3	U5	U2	U3	U4	U4	X4	Y10	Z8
62	U3	U5	U2	U2	U5	U2	X3	Y10	Z7
63	U3	U5	U2	U3	U4	U2	X4	Y10	Z7
64	U2	U5	U2	U2	U4	U3	X3	Y9	Z9
65	U2	U5	U2	U2	U4	U4	X3	Y9	Z9
66	U2	U5	U2	U2	U5	U3	X2	Y9	Z8
67	U2	U5	U2	U1	U5	U4	X2	Y9	Z9
68	U2	U5	U2	U3	U4	U3	X4	Y9	Z9
69	U2	U5	U2	U3	U4	U4	X4	Y9	Z9
70	U2	U4	U2	U2	U4	U3	X3	Y10	Z9
71	U2	U4	U3	U2	U4	U4	X2	Y7	Z10
72	U2	U4	U3	U1	U4	U5	X2	Y6	Z10
73	U2	U4	U3	U1	U4	U4	X1	Y6	Z10
74	U2	U4	U3	U3	U4	U4	X3	Y6	Z10
75	U2	U4	U3	U2	U3	U4	X3	Y6	Z10
76	U5	U3	U2	U4	U3	U3	X8	Y6	Z3
77	U4	U3	U2	U4	U4	U3	X8	Y7	Z5
78	U4	U3	U2	U4	U2	U3	X7	Y5	Z3
79	U4	U3	U2	U5	U2	U3	X7	Y6	Z5
80	U4	U3	U2	U4	U3	U2	X7	Y7	Z5
81	U4	U3	U3	U4	U2	U4	X7	Y4	Z6
82	U4	U2	U3	U4	U2	U4	X7	Y3	Z6
83	U4	U2	U3	U4	U3	U4	X8	Y4	Z6
84	U4	U2	U3	U3	U2	U4	X7	Y3	Z7
85	U4	U2	U3	U4	U3	U3	X8	Y5	Z5
86	U4	U2	U3	U3	U3	U4	X8	Y4	Z6
87	U4	U2	U2	U3	U3	U4	X8	Y4	Z6
88	U4	U2	U2	U4	U3	U4	X8	Y4	Z7
89	U4	U2	U3	U4	U2	U3	X7	Y4	Z4
90	U4	U2	U2	U4	U2	U4	X7	Y4	Z5
91	U4	U2	U2	U4	U2	U3	X7	Y4	Z6
92	U4	U2	U2	U4	U3	U3	X8	Y5	Z8
93	U4	U2	U4	U4	U2	U4	X6	Y2	Z7
94	U4	U2	U4	U3	U2	U4	X6	Y2	Z7
95	U4	U2	U4	U3	U2	U5	X5	Y1	Z8
96	U4	U2	U4	U3	U3	U4	X6	Y2	Z8
97	U4	U2	U4	U3	U3	U5	X5	Y2	Z9
98	U4	U2	U3	U4	U1	U4	X6	Y3	Z9
99	U4	U4	U2	U4	U3	U3	X8	Y8	Z6
100	U4	U4	U2	U4	U3	U4	X8	Y7	Z7

Table 3. *Annex: Fuzzy rule Base*

101	U4	U4	U2	U4	U4	U3	X7	Y9	Z7
102	U4	U3	U2	U3	U3	U3	X8	Y8	Z7
103	U4	U3	U2	U4	U4	U2	X7	Y9	Z7
104	U4	U3	U2	U3	U4	U4	X8	Y6	Z8
105	U4	U3	U4	U3	U2	U4	X6	Y2	Z9
106	U4	U3	U4	U3	U2	U5	X5	Y2	Z8
107	U4	U3	U4	U3	U3	U4	X6	Y2	Z7
108	U4	U3	U4	U2	U3	U5	X5	Y2	Z7
109	U3	U3	U4	U4	U2	U4	X6	Y2	Z9
110	U3	U3	U4	U4	U3	U4	X6	Y3	Z9
111	U4	U4	U2	U3	U4	U3	X6	Y10	Z8
112	U4	U4	U2	U3	U4	U2	X5	Y10	Z7
113	U4	U4	U1	U3	U4	U3	X6	Y10	Z8
114	U4	U4	U1	U3	U5	U2	X5	Y11	Z7
115	U4	U5	U1	U4	U4	U2	X6	Y10	Z6
116	U4	U4	U1	U4	U4	U3	X6	Y10	Z10
117	U4	U4	U1	U4	U4	U2	X6	Y9	Z10
118	U4	U4	U1	U3	U4	U2	X5	Y10	Z10
119	U3	U4	U1	U4	U4	U3	X6	Y10	Z10
120	U4	U5	U2	U3	U4	U3	X6	Y10	Z10
121	U4	U5	U2	U3	U4	U4	X6	Y10	Z9
122	U3	U4	U2	U3	U4	U2	X5	Y10	Z9
123	U5	U3	U2	U4	U2	U3	X7	Y6	Z9
124	U5	U3	U2	U4	U2	U4	X7	Y5	Z10
125	U5	U3	U2	U4	U3	U4	X8	Y6	Z9
126	U5	U3	U2	U5	U2	U3	X6	Y6	Z9
127	U5	U3	U2	U4	U3	U2	X7	Y7	Z8
128	U5	U3	U2	U5	U2	U2	X6	Y7	Z9
129	U5	U3	U2	U5	U3	U2	X6	Y7	Z10
130	U5	U2	U2	U4	U2	U4	X7	Y4	Z9
131	U5	U2	U2	U4	U2	U3	X7	Y5	Z8
132	U5	U2	U2	U4	U3	U3	X8	Y5	Z8
133	U5	U2	U2	U4	U3	U4	X8	Y5	Z8
134	U5	U2	U2	U5	U2	U3	X6	Y5	Z9
135	U5	U2	U2	U5	U2	U4	X6	Y5	Z8
136	U5	U2	U3	U4	U2	U4	X6	Y3	Z9
137	U5	U2	U3	U4	U3	U4	X7	Y3	Z7
138	U5	U2	U3	U4	U1	U4	X6	Y3	Z8
139	U5	U3	U2	U4	U4	U2	X7	Y8	Z8
140	U5	U3	U2	U4	U4	U3	X7	Y8	Z7
141	U5	U3	U3	U4	U2	U4	X7	Y3	Z7
142	U5	U3	U3	U4	U3	U4	X8	Y4	Z9
143	U4	U3	U3	U4	U2	U3	X7	Y4	Z9
144	U5	U4	U2	U4	U4	U2	X7	Y9	Z8
145	U5	U4	U1	U4	U3	U3	X7	Y9	Z9
146	U5	U4	U1	U4	U4	U2	X6	Y10	Z9
147	U5	U4	U1	U4	U4	U3	X7	Y9	Z9
148	U5	U4	U1	U4	U3	U2	X7	Y9	Z9
149	U4	U4	U1	U4	U3	U2	X6	Y9	Z10
150	U4	U4	U1	U4	U3	U3	X7	Y8	Z10

12

Table 4. *Annex: Fuzzy rule Base*

151	U5	U4	U2	U4	U3	U3	X7	Y9	Z10
152	U5	U4	U2	U4	U4	U3	X7	Y9	Z10
153	U5	U4	U2	U4	U3	U2	X7	Y9	Z10
154	U4	U4	U2	U4	U3	U2	X7	Y8	Z3
155	U4	U4	U2	U4	U4	U2	X7	Y9	Z5
156	U4	U4	U3	U4	U3	U3	X8	Y6	Z3
157	U4	U4	U2	U3	U3	U4	X8	Y6	Z5
158	U4	U4	U3	U3	U4	U3	X8	Y7	Z5

Analyse spatio-temporelle de la Fièvre de la Vallée du Rift au Ferlo (Sénégal)

Fanta Bouba[1] et Alassane Bah[1] et Samba Ndiaye[1] et Jacques-André Ndione[2] et Christophe Cambier[3] et Maguelonne Teisseire [4]

[1] UMI 209, UMMISCO-UCAD et UCAD, Dakar, Sénégal

[2] CSE et LPA/UCAD, Sénégal

[3] UMI 209, UMMISCO-IRD et Université Pierre et Marie Curie, France

[4] UMR TETIS et Université de Montpellier II, France

boubafanta@gmail.com ; alassane.bah@gmail.com ; samba.ndiaye@ucad.edu.sn ; jacques-andre.ndione@cse.sn ; christophe.cambier@upmc.fr ; maguelonne.teisseire@teledetection.fr

RÉSUMÉ. La Fièvre de la Vallée du Rift (FVR) est une anthropo-zoonose répandue dans les régions tropicales. Au Sénégal, elle est particulièrement ressentie dans la zone du Ferlo où il est noté une forte présence de mares partagées par les hommes, le bétail et les vecteurs. Dans le cadre des études menées sur les facteurs environnementaux qui favorisent son déclenchement et sa propagation, nous travaillons sur le processus décisionnel pour évaluer les impacts, les interactions et faciliter le suivi spatio-temporel de la FVR. Cet article propose les résultats des analyses faites sur les caractéristiques des mares en se basant sur les motifs spatio-temporels. Cette démarche présente un intérêt pour la mise en évidence des relations entre les données environnementales et les vecteurs de transmission de FVR.

ABSTRACT. The Rift Valley Fever (RVF) is an anthropo-zoonosis spread in tropical areas. In Senegal, it is particularly felt in the Ferlo area where a strong presence of ponds shared by humans, cattle and vectors is noted. As part of the studies carried out on the environment factors which favour its start and propagation, we work on the decision making process to evaluate the impacts, the interactions and to facilitate spatio-temporal monitoring of RVF. The present paper proposes the results of the analyses made on the characteristics of the ponds based on spatio-temporal patterns. This approach presents some advantage in revealing the relationship between environmental data and RVF transmission vectors.

MOTS-CLÉS: fouille de données, système décisionnel, modèle multidimensionnel, Fièvre de la Vallée du Rift, motifs spatio-temporels

KEYWORDS: datamining, decision-making system, multidimensionnal modelling, Rift Valley Fever, spatio-temporal patterns

1. Introduction

La Fièvre de la Vallée du Rift (FVR) est une arbovirose qui se transmet par des vecteurs. Malgré un taux de mortalité peu élevé, cette maladie, vue comme une « arme biologique et économique », a « un grand pouvoir de diffusion et une gravité particulière » [4]. En effet, la dissémination de son virus peut se faire par aérosol et les oeufs des vecteurs (*Aedes vexans*, *Culex poicilipes*) sont résistants à la durée et à la sécheresse [8]. C'est pourquoi elle figure sur la liste commune des maladies à plusieurs espèces de l'Organisation Internationale pour la Santé Animale [26]. La compréhension du processus d'émergence et de propagation, telle qu'abordée actuellement, n'offre qu'une vue cloisonnée parcellaire. Pourtant, d'importants travaux [20,17], ont permis de montrer l'impact des facteurs tels que le climat, la transhumance des troupeaux, l'hydrologie sur l'apparition et la persistance de la FVR. Cette complexité d'analyse nécessite l'implication de tous les acteurs concernés dans une dynamique pluridisciplinaire. Cette approche, basée sur l'analyse multicritères et multidimensionnelle, permet de proposer des mesures de gestion du risque sanitaire en maitrisant les impacts des facteurs environnementaux et leurs interactions. Dès lors, nous proposons d'adopter une approche décisionnelle afin d'offrir aux experts métiers et décideurs des outils d'analyse, rapportée aux dynamiques des populations animales et humaines. Aussi, pour la découverte d'informations, nouvelles et pertinentes, et afin de comprendre les interactions entre les différents objets et faire des prévisions, il est nécessaire de recourir à des techniques de fouille de données dans un objectif de classification et de prédiction. Ces techniques sont appliquées afin d'évaluer la pertinence des paramètres retenus pour le suivi spatio-temporel de la FVR. Dans la suite de cet article, la section 2 est consacrée à une description plus détaillée de la maladie étudiée et de la fouille de données appliquée en épidémiologie. Nous décrivons, en section 3, les données utilisées pour cette expérimentation, leur structure dans l'entrepôt de données et les motifs spatiaux temporels et les données d'expérimentation. Dans la section 4, nous présentons des extraits des analyses corrélées de caractérisation des mares temporaires de la zone d'étude. La section 5 conclut cette démarche en discutant les choix réalisés et en proposant des pistes d'analyse pour la suite de nos travaux.

2. Maladie de la FVR

La Fièvre de la vallée du Rift (FVR) est une maladie infectieuse et virale, qui affecte les humains et les animaux [19]. Le nom de la maladie est originaire de la zone dans laquelle le virus a été isolé pour la première fois ; il s'agit de la vallée du Rift au Kenya. Cette maladie, véhiculée par des arthropodes vecteurs [6], est causée par un virus du genre Phlebovirus de la famille des Bunyaviridae. Au Sénégal, cette maladie occupe une place importante dans le Ferlo. Selon [5], la propagation de la FVR, identifiée dans la zone du Ferlo (figure 1), est liée au cycle de vie des moustiques et au cycle

d'évolution des mares.

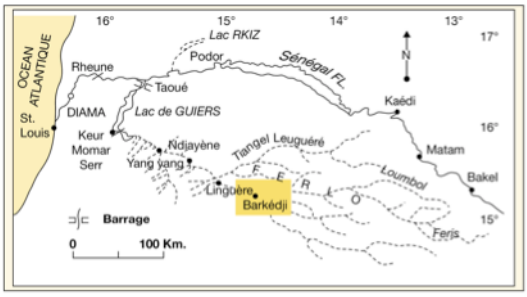


Figure 1. *Localisation de la zone d'étude, adaptée de [3]*

En effet, les mares du Ferlo constituent à fois la source d'approvisionnement en eau pour les populations et le bétail tout en étant le gîte larvaire des vecteurs. Dans cette zone, la variabilité intra-saisonnière de la pluviométrie, la dynamique de la végétation et la turbidité des mares temporaires, dont la taille est relativement petite, sont les facteurs principaux qui expliquent la forte concentration des moustiques [18]. Pour comprendre et maitriser le processus des maladies vectorielles, il est nécessaire de prendre en compte, dans un même environnement, les phénomènes multiples et variés, mais aussi à différentes échelles (temporelle, spatiale et organisationnelle). Les partenaires impliqués dans le projet QWeCI (http://www.liv.ac.uk/qweci) au Sénégal (figure 2) fournissent des données provenant des enquêtes de terrain (données observées ou générées par des équipements de mesure) ou des tests de laboratoire (données d'analyse). Le défi à relever par ces équipes de recherche est la maitrise de l'impact des facteurs environnementaux sur le déclenchement et la propagation de la FVR. Il est donc fondamental de prendre en compte l'ensemble des données des différentes disciplines dans le modèle de données proposé.

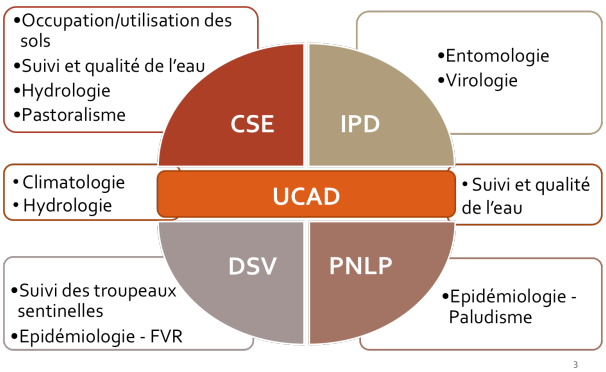


Figure 2. *Complexité organisationnelle*

3. Matériels et méthodes

3.1. Données manipulées

Les données utilisées pour notre expérimentation sont issues :

- des tests de laboratoires sur la qualité de l'eau de mare ; ils permettent de déterminer les caractéristiques (pH, température, conductivité et turbidité) des eaux prélevées dans les mares étudiées. Ces données couvrent le mois d'Août pour les années 2008 à 2012 avec 72 tests effectués pour les cinq (5) mares ;

- des stations météorologiques (vent, ensoleillement, température, pluviométrie) couvrant les périodes d'Août à Décembre de 2008 à 2012. Ces données sont générées toutes les heures.

3.2. Entrepôt de données

Notre entrepôt de données construit sous le Système de Gestion de Base de Données PostgreSQL repose sur un modèle multidimensionnelle présenté en dans premiers travaux [27].

Nous utilisons le modèle en constellation pour représenter les données. Trois tables de fait ont été identifiées pour la gestion des données environnementales : (1) Climatologie : pour les données générées par les stations météorologiques et les postes pluviométriques ; (2) Hydrologie : pour les mesures du niveau d'eau des mares ; (3) Suivi/Qualité : pour la caractérisation des mares. Les dimensions ont été identifiées en fonction des différents critères d'analyse. On retrouve ainsi les stations/postes, les échelles de mesure et les sites de prélèvement. Ces trois dimensions sont rattachées à la dimension « Mare » qui se retrouve dans l'axe d'analyse spatial suivant la hiérarchie « communauté rurale -> arrondissement -> commune -> département -> région ». La dimension temporelle est gérée en « jour -> mois -> période -> année ».

L'entrepôt de donnée construit est la source de données de nos outils d'expérimentations.

3.3. Méthodologie utilisée : motifs spatiaux temporels

La fouille de données est une étape phare du processus décisionnel qui permet d'extraire des informations, à priori non évidentes, dans un volume élevé de données.

Dans le cadre de ce travail, nous avons choisi la méthode d'analyse des données spatio-temporelles définie par [2] et [1] ; ceci en nous basant sur les travaux de [7]. La dimension spatiale permet de définir la localisation d'un objet dans un espace géographique et la dimension temporelle le rattache à un pas de temps (date, période, etc.).

Dans cette méthode, les auteurs se focalisent sur l'inclusion de la notion de spatialisation dans le processus d'Extraction de Connaissances à partir des Données (ECD). Ils ont proposé une approche basée sur le pré-traitement des données afin d'inclure les caractéristiques spatiales dans les données temporelles. Les séquences spatiales ainsi obtenues sont ensuite utilisées en entrée de l'étape de fouille de données afin d'en extraire des séquences spatialement fréquentes. Ceci est réalisé à l'aide d'un algorithme d'extraction de motifs séquentiels classique [15] afin d'extraire des motifs représentant les évolutions temporelles spatialement fréquentes des zones étudiées.

4. Résultats

La mise en place de notre environnement décisionnel s'appuie sur le processus décrit par [13]. Nos premiers travaux [27] nous ont permis de proposer un modèle de données qui permet (1) d'identifier les différents axes d'analyse; (2) de corréler les différents indicateurs de mesures de qualité [24]; (3) de proposer des vues qui correspondent aux attentes des différentes disciplines impliquées [10]. Il s'agit dans cette seconde phase de proposer des motifs de description et de prédiction des facteurs environnementaux et sanitaires. Ainsi, nous présentons, dans cette section, les premiers résultats de fouille obtenus.

Les jeux de données concernent les éléments climatologiques (température, vent, pluviométrie ...) et les paramètres de qualité d'eau des mares (teneur en acidité, matières en suspens, température ...). Deux expérimentations ont été faites : des données regroupées par mare et des données regroupées par site. Pour le premier jeu de données (mares), la dimension temporelle est très variée; avec un support minimal de 0.9 (au moins 90% des mares remplissent les conditions de la séquence fournie), on obtient 21131 séquences fréquentes (Tableau 1). Dans cet article, nous avons effectué un extrait arbitraire des motifs obtenus.

Tableau 1. *Motif "mare"*

Motifs	Support
(ce:[42.45;51.30])(tds:[22.65;27.45])(temp:>29.05)(ph:[5.36;5.54])	1 (5/5)
(ph:[5.54;5.66])(temp:[28.35;29.05])	1 (5/5)
(ph:[5.36;5.54])(tds:[22.65;27.45])(ce:[42.45;51.30])(temp:[28.35;29.05])	1 (5/5)

Ces motifs obtenus permettent de certifier que la qualité des eaux des cinq (5) mares (Figure 1) de la zone du Ferlo est très similaire. En effet, ces motifs ont un support de 100%. Ceci signifie que toutes les mares analysées pendant des périodes similaires ont exactement le même comportement. Dès lors, nous jugeons également plus pertinent de confronter les variantes des mares à celles de l'environnement météo-climatique pour maîtriser l'impact de ces derniers sur la qualité des eaux des mares.

Ainsi, en étudiant les mêmes données sur la base des stations et postes pluviométriques, nous avons obtenus des supports très diversifiés qui varient entre 44% (ph, température, matières) et 94% (pour la température) (Tableau 2). Ce jeu de données comporte plus de zones géographiques (localités) mais moins de dates. Les résultats sont composés de 67912 séquences fréquentes pour un support minimal de 0.4 (au moins 40% des localités remplissent les conditions de la séquence).

Tableau 2. Motif "site"

Motifs	Support
(temp:[28.35;29.05])	0,94 (15/16)
(ph:<=5.45)(ce:[42.45;51.30])(tds:[22.65;27.45])	0,75 (12/16)
(ph:(5.45;5.62])(temp:[28.35;29.05])(tds:<=22.65)	0,44 (7/16)

Ces derniers résultats ne fournissent pas une interprétation cohérente. En effet, cette analyse n'apporte pas de réponses fondées sur d'éventuelles corrélations entre les caractéristiques des eaux des mares et celles fournies par les stations météo-automatiques. Cela pourrait se justifier par la faible densité temporelle.

Les données météorologiques confirment que le climat des communautés rurales de cette zone d'étude est très similaire. Dès lors, il conviendrait de se pencher sur d'autres paramètres tels que la qualité des sols pour pouvoir justifier la diversité vectorielle de la zone d'étude.

5. Conclusion et perspectives

Pour rappel, l'objectif de nos travaux de recherche est de proposer un environnement décisionnel décrivant les interactions entre les indicateurs environnementaux et la propagation de la maladie de la Fièvre de la Vallée du Rift. Dans cet article, nous avons présenté quelques extraits des motifs obtenus sur les données de suivi et de qualité de l'eau des mares. Ces expérimentations nous ont permis de confirmer que les mares de la zone du Ferlo présentent les mêmes caractéristiques de qualité d'eau. Mais l'agrégation des données de caractérisation des mares et celles des stations météorologiques ne

fournit pas d'éléments de discussion ; la faible variabilité temporelle pourrait être un facteur influant. Malgré le jeu de données peu élevé, ce retour d'expérience nous conforte dans notre approche d'intégration des attributs spatiaux et temporels pour la compréhension et la maitrise du risque sanitaire de la FVR. Pour la suite de nos travaux, il est important de pouvoir confronter les résultats obtenus avec les données entomologiques et virologiques pour proposer des motifs de classification et de prédiction. Par ailleurs, nous travaillons sur la détermination de voisinages des objets géo référencés (mares, stations) suivant l'approche polaire et/ou euclidienne. Ainsi, il s'agira d'identifier toutes les corrélations entre les paramètres geo-environnementaux et les données entomologiques et sanitaires en tenant compte de caractères fondamentaux tels que l'espace et le temps. De plus, l'observation de la transhumance des troupeaux devrait apporter des éléments supplémentaires pour des projections spatio-temporelles de l'apparition et de la propagation de la FVR. En fouille de données, les données constituent la matière première des informations sur lesquelles des décisions doivent être prises. Aussi, Les problématiques relatives à la qualité des données sont la cause des principaux échecs dans la mise en place d'un système décisionnel. Pour approfondir notre approche, il serait pertinent de proposer une méthode pour reconstruire les données manquantes, tenant compte de leur proportion et de leur type. Enfin, nous essaierons de proposer une technique pour analyser tous les motifs générés sans faire de choix arbitraire comme c'est le cas dans ce travail.

6. Bibliographie

[1] Agrawal R., Srikant R., *Mining sequential patterns*. In Philip S. Yu and Arbee L. P. Chen, editors, Proceedings of the Eleventh International Conference on Data Engineering (ICDE), Taipei, Taiwan, p. 3-14. IEEE Computer Society, (1995)

[2] Alatrista Salas H., Cernesson F., Bringay S., Azé J., Flouvat F., Semaloui N. et Teisseire M., *Recherche de séquences spatio-temporelles peu contredites dans des données hydrologiques.* Revue des Nouvelles Technologies de l'Information (RNTI), numéro spécial Qualité des Données et des Connaissances/Evaluation des Méthodes d'Extraction des Connaissances dans les Données. Vol. RNTI-E-22, P. 165-188, isbn: 978-2-70568-286-6, (2011)

[3] Coly A., Le système fluviolacustre du Guiers : étude hydrologique et gestion quantitative intégrée, Phd, UCAD, (1996)

[4] Diagne F.F., Etude de la Fièvre de la Vallée du Rift chez les ruminants domestiques au Sénégal : enquêtes sérologiques dans la vallée du Fleuve, le Ferlo et la Casamance, Phd, FMPOS/UCAD, p. 29-34, (1992)

[5] Diallo M., Dynamique comparée des populations de Culicidae à Kédougou (zone soudano-guinéenne) et à Barkédji (zone de savane sahélienne) : conséquences dans la transmission des arbovirus, DEA en Biologie Animale, Université Cheikh Anta Diop de Dakar, (1995)

[6] Diallo M., Lochouarn L., Ba K., Sall A., Mondo M., Girault L., Mathiot C., *First isolation of the Rift Valley fever virus from Culex poicilipes (Diptera : Culicidae) in nature*, American Journal of Tropical Medicine and Hygiene, vol. 6, no 62, (2000)

[7] Fabrègue M., Braud A., Bringay S., Le Ber F., Teisseire M., *Extraction de motifs spatio-temporels à différentes échelles avec gestion de relations spatiales qualitatives*, Inforsid 2012, Montpellier (2012)

[8] Flick R., Bouloy M., *Rift valley fever virus*, Curr Mol Med 5, 827–834, (2005)

[9] Golfarelli M., Maio D., Rizzi S., *The Dimensional Fact Model: A Conceptual Model for Datawarehouses*. International Journal of Cooperative Information Systems, 7(2-3), p. 215-247, (1998)

[10]. Golfarelli M., Rizzi S., Saltarelli E.,WAND, *A Case Tool for Work load Based Design of a Data Mart. 10th National Convention on Systems Evolution for Databases*, pp. 422-426, (2002)

[11] Greboval M., Facteurs environnementaux influençant la dynamique des vecteurs du virus de la fièvre de la Vallée du rift : conséquences pour la modélisation de la maladie, Thèse de Doctorat Vétérinaire, Ecole Nationale Vétérinaire de Lyon, (2003)

[12] Hechmati G., Epidémies de grippe : système d'information pour la prise de décision en santé publique, Phd Thesis, Université de Genève, (2004)

[13] Marakas G.M., *Decision Support Systems in the 21st Century*. Prentice Hall,Upper Saddle River, (2003)

[14] Meliker J., Sloan C., *Spatio-temporal epidemiology: Principles and opportunities*. Spatial and Spatio-temporal Epidemiology 2, 1–9, (2011)

[15] Mortazavi-Asl B., Pinto H et Dayal U., *Prefix Span : mining sequential patterns efficiently by prefix-projected pattern growth*. Proceedings 17th International Conference on Data Engineering, pages 215- suivi spatio-temporelle 224, (2000)

[16] Murty U., Rao M., Misra S., *Prioritization of malaria endemic zones using self-organizing maps in the Manipur state of India*, Informatics for Health and Social Care, vol. 33, no 3, p. 170-178, (2008)

[17] Ndione J.A., Besancenot J., Lacaux J., Sabatier P., *Environnement et épidémiologie de la Fièvre de la Vallée du Rift (FVR) dans le bassin inférieur du fleuve Sénégal*. Environnement, Risques et Sante 3(2), 176–182, (2003)

[18] Ndione J.A., Lacaux J.P., Tourre Y., Vignolles C., Fontanaz D., Lafaye M., *Mares temporaires et risques sanitaires au Ferlo : contribution de la télédétection pour l'étude de la Fièvre de la Vallée du Rift entre aout 2003 et janvier 2004*, (2009)

[19] OMS, *La Fièvre de la Vallée du Rift*. Aide-Memoire 207, Nations Unies, http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs207/fr/index.html, (2010)

[20] Prehaud C., Bouloy M., *La Fièvre de la Vallée du Rift : un modèle d'étude des fièvres hémorragiques virales*, Technical report, Institut Pasteur, (1997)

[21] Ravat F., Teste O., Zurfluh G., *Algèbre OLAP et langage graphique*, CoRR abs/1005.0213, (2010)

[22] Robertson C., T.A. Nelson, Y.C. MacNab, A.B. Lawson, *Review of methods for space-time disease surveillance*. Spatial and Spatio-temporal Epidemiology, 1:105-116, (2010)

[23] Tran A., Biteau-Coroller F., Guis H., Roger F., *Modélisation des maladies vectorielles*, Epidémiol. et santé anim., 47, 35-51, (2005)

[24] Trujillo J. C., Luján-Mora S., et Song I., *Applying UML for designing multidimensional databases and OLAP applications*. K. Siau (Ed.), Advanced Topics in Database Research, Vol. 2, Idea Group Publishing, p. 13-36, (2003)

[25] Wehrle P., Modele multidimensionnel et OLAP sur architecture de grille, PhD thesis, Institut national des sciences appliquees de Lyon, (2009)

[26] Information on http://www.oie.int/fr/sante-animale-dans-le-monde/maladies-de-la-liste-de-loie-2013/, (2013)

[27] Bouba F., Bah A., Cambier C., Ndiaye S., Ndione J.A, *Modèle multidimensionnel sur les interactions environnement-santé : Cas de la Fièvre de la Vallée du Rift au Sénégal*. CNRIA 2012, 2012.

Un modèle de documents stable par projections pour l'édition coopérative asynchrone

Maurice TCHOUPÉ TCHENDJI. [*,**], Marcellin T. ATEMKENG[**] et Rodrigue DJEUMEN D.[*,***]

[*] Equipe ALOCO/LIRIMA
[**] Département de Maths-Informatique, Faculté des Sciences
Université de Dschang, BP 67, Dschang-Cameroun
[***] Département de Maths-Informatique, Faculté des Sciences
Université de Douala, BP 24157, Douala-Cameroun
{ttchoupe, marcellin.atemkeng, djeumenr}@yahoo.fr

RÉSUMÉ. Un document structuré complexe est représenté intentionnellement sous la forme d'une structure arborescente décorée par attributs. Les structures licites sont caractérisées par un modèle de documents (une grammaire abstraite). En faisant abstraction des attributs (ces derniers sont liés à des aspects sémantiques qui peuvent être traités séparément des aspects purement structurels qui nous intéressent ici), dans le contexte d'une édition coopérative, cette représentation intentionnelle peut être manipulée de façon indépendante et éventuellement non synchronisée par plusieurs co-auteurs à travers divers outils d'édition qui opèrent sur ses "*répliques partielles*". Pour l'édition non synchronisée d'une réplique partielle, le co-auteur considéré doit disposer d'un modèle local de documents le contraignant syntaxiquement afin de garantir un minimum de cohérence de la représentation locale qu'il manipule vis-à-vis du modèle global. Cette cohérence est synonyme de l'existence d'une ou plusieurs représentations intentionnelles (complètes) conformes au modèle global admettant la représentation locale courante comme réplique partielle. Dans ce papier, nous présentons les *structures grammaticales* qui sont des grammaires permettant non seulement de spécifier un modèle pour les documents édités de façon collégiale, mais aussi, de dériver automatiquement via une opération de projection que nous définissons des modèles (locaux) cohérents pour chacun des co-auteurs participant à l'édition coopérative. Nous exhibons aussi quelques propriétés qu'elles satisfont.

ABSTRACT. Complex structured document is intentionally represented as a tree structure decorated with attributes. The legal structures are characterized by a document model (an abstract grammar). Ignoring attributes (these are related to semantic aspects that can be treated separately from purely structural aspects that concern us here), in the context of a cooperative edition, this intentional representation can be manipulated independently and eventually not synchronized by several co-authors through various editing tools that operate on its "*partial replicas*". For unsynchronized edition of a partial replica, considered co-author must have a syntactic document local model that constraint him to ensure minimum consistency of local representation that handles. This consistency is synonymous with the existence of one or more (gobal) intentional representations towards the global model, assuming the current local representation as a partial replica. In this paper, we present the *grammatical structures* that are grammars that permit not only to specify a template for documents published in a collegial manner, but also to derive automatically via a so call *projection operation*, consistent local models for each co-authors involved in the cooperative edition. We also show some properties that meet these grammatical structures.

MOTS-CLÉS : Documents structurés, modèles de documents, grammaires, éditions coopératives, éditions structurées, projections, vues, répliques partielles.

KEYWORDS : Structured documents, documents models, grammars, cooperative edition, structured edition, projections, views, partials replicats.

1. Introduction

Avec l'essor des technologies XML et des services web, les documents structurés sont devenus des outils privilégiés pour la publication et l'échange d'informations entre applications généralement hétérogènes et distantes. La puissance toujours croissante des réseaux de communication en terme de débit et de sûreté a aussi révolutionné la façon d'éditer de tels documents : au modèle classique d'un auteur éditant en local et de façon autonome son document, s'est adjoint l'édition collégiale dans laquelle plusieurs auteurs situés sur des sites géographiquement éloignés se coordonnent pour éditer de façon asynchrone un même document (fig. 1).

L'édition coopérative structurée s'inscrit dans le champ de recherches portant sur les *Computer-supported cooperative work (CSCW)*. C'est un travail d'édition de groupe hiérarchiquement organisé qui fonctionne suivant un planning impliquant des délais et un partage des tâches (coordination). Quand elle est asynchrone, chaque co-auteur participant à l'édition possède sur son site une réplique du document structuré (représentable intentionnellement comme un arbre abstrait) sur laquelle il agit. Il est généralement préférable pour des raisons de sécurité [1], d'efficacité [2], ... que cette copie ne soit qu'une *réplique partielle* du document global c-àd n'étant constituée que des parties du document contenant des informations pertinentes vis-à-vis du co-auteur considéré. Dans ce cas, afin de minimiser les incohérences pouvant être introduites dans la réplique partielle lors de son édition locale et garantir qu'à la fin de l'édition (ou à des moments précis) les différentes contributions soient structurellement fusionnables [7, 1] , chaque co-auteurs doit posséder sur son site local d'édition un modèle local de document (une grammaire) cohérent vis-à-vis du modèle global. Intuitivement, un modèle local de document est cohérent vis-à-vis du modèle global quand tout document partiel t' qui lui est conforme est la réplique partielle d'au moins un document t conforme au modèle global.

La problématique centrale abordée dans ce papier peut être présentée simplement au moyen d'un exemple de processus d'édition structurée coopérative désynchronisée dans lequel, plusieurs auteurs se mettent ensemble pour produire un ouvrage pluri-disciplinaire et tel que, chacun doit suivant son domaine d'expertise propre, contribuer sur certaines parties plus ou moins disjointes du même document (fig. 1). Préalablement, ces auteurs spécifient (ensemble) la structure hiérarchique globale du document (un modèle grammatical) appelé par la suite *modèle global* du document. De celle-ci, ils dérivent pour chacun des co-auteurs un modèle (local) dédié appelé par la suite *modèle local* de document. Ce modèle local peut être considéré comme une "*vue*" sur le modèle global et obtenu au moyen d'une opération de *projection* effectuée sur celui-ci, qui ne retient du modèle global que les catégories syntaxiques ayant un intérêt avéré pour l'auteur considéré.

L'objet de ce papier est donc de proposer un modèle générique de document permettant de spécifier le modèle global ainsi que les modèles locaux dérivés ; les modèles locaux devant être cohérents vis-à-vis du modèle global.

Organisation du manuscrit : la section 2 présente quelques concepts et définitions utilisés par la suite. La section 3 présente les *structures grammaticales*, l'algorithme de *projection* ainsi que quelques propriétés de ces structures. La section 4 est consacrée à la conclusion.

1. Pour un co-auteur donné, certaines parties du documents peuvent contenir des informations sensibles. Il est préférable qu'il ne soit même pas informé de la présence de cette information dans le document.
2. Les documents manipulés transitent par le réseau. Ils circuleront d'autant plus rapidement que leur taille sera réduite. Pour celà, la réplique du document à envoyer à un co-auteur doit contenir exclusivement les parties qui sont d'un intérêt évident pour lui : on parle de réplique partielle.

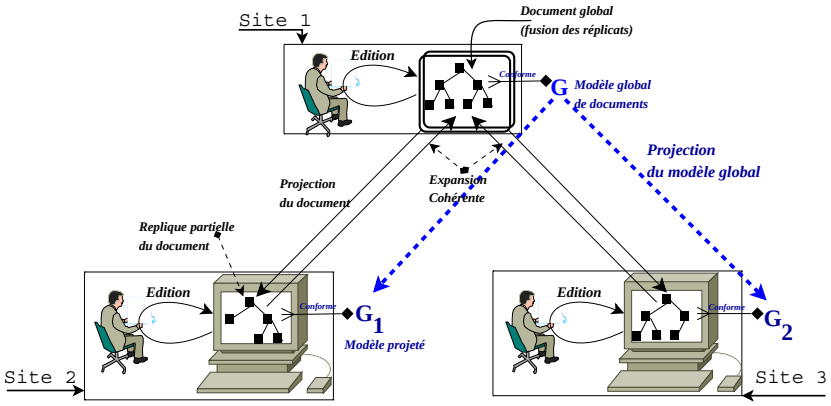


Figure 1. *L'édition coopérative désynchronisée ; site1 : édition+fusion du document (global) conformement au modèle (global) G de documents ; sites 2 et 3 : éditions des répliques partielles conformément aux modèles projetés de documents G_1 et G_2 obtenus à partir du modèle global G.*

2. Préliminaires

2.1. Grammaires algébriques étendues, documents et conformités

Il est usuel de représenter la structure abstraite d'un document par un arbre (arbre de dérivation) et son modèle par une grammaire algébrique étendues (GAE)[3]. Dans une GAE, le membre droit de chaque production est une expression régulière ; par opposition à la séquence de terminaux et non terminaux qui constituent le membre droit des productions dans une grammaire algébrique classique. Plus formellement, une grammaire algébrique étendue abstraite $\mathbb{G} = (S, P)$ est la donnée d'un ensemble fini de catégories syntaxiques S, d'un ensemble fini de règles de production P de la forme $s \to P_s$ avec, $s \in S$ et P_s est une expression régulière définie sur S.

Le graphe de dépendance $D_{\mathbb{G}}$ de la grammaire $\mathbb{G}$ est un graphe dont l'ensemble des étiquettes des noeuds est inclu dans S et pour toute règle $s \to P_s$ appartenant à P, il y a un arc de s vers b pour tout b apparaissant dans un mot appartenant au langage dénoté par P_s noté $\mathscr{L}(P_s)$. Une GAE $\mathbb{G}$ est *non récursive* ssi $D_{\mathbb{G}}$ est sans cycle et *récursive* dans le cas contraire.

Un document t est conforme à une grammaire $\mathbb{G}$ et on note $t \therefore \mathbb{G}$, s'il est un arbre de dérivation pour cette grammaire : c'est le cas si pour tout noeud n de t étiqueté par $s \in S$ et ayant comme noeuds fils $n_1, \ldots, n_m$ étiquetés respectivement par $s_1, \ldots, s_m$, $s_i \in S$, le mot $s_1 \ldots s_m \in \mathscr{L}(P_s)$.

2.1.1. Notions de vues, projection, réplique partielle et cohérence

L'arbre de dérivation donnant la représentation (globale) d'un document structuré édité de façon coopérative, rend visible l'ensemble des symboles grammaticaux de la grammaire. Comme déjà mentionné à la section 1, un co-auteur manipulant un tel document au moyen d'un éditeur structuré dédié de son domaine d'expertise, n'aura pas accès nécessairement à l'ensemble de tous ces symboles grammaticaux : seul un sous-ensemble d'entre eux correspond à des catégories

3. Les DTDs (Document Type Definition) par exemple sont des cas particuliers de grammaires algébriques étendues vérifiant la propriété de *one-unambiguity*[6].

syntaxiques perceptibles comme telles par cet outil : d'où la notion de *vue* [1]. Une vue V est un sous-ensemble de symboles grammaticaux ($V \subseteq S$). Intuitivement il s'agit des symboles associés aux catégories syntaxiques visibles dans la représentation considérée (arbre de dérivation).

À chaque *vue* V est associée une opération de *projection* notée $\pi_V(t)$ sur les arbres de dérivation t qui efface les noeuds étiquetés par des symboles invisibles tout en conservant la structure de sous-arbre. Le résultat de la projection d'un document (arbre de dérivation) suivant une vue donnée est appelé *réplique partielle*.

Le type d'édition considéré dans ce papier est asynchrone. Sur un site i hébergeant le modèle de document $\mathbb{G}_{V_i}$ sur lequel est mise à jour une réplique partielle t_{V_i} telle que $t_{V_i} \therefore \mathbb{G}_{V_i}$, on dira que t_{V_i} est *cohérent* vis-à-vis du modèle global $\mathbb{G}$ et on note $t_{V_i} \trianglelefteq \mathbb{G}$ ssi il existe un document $t \therefore \mathbb{G}$ et $t_{V_i} = \pi_{V_i}(t)$. De même, on dira qu'un modèle local $\mathbb{G}_{V_i}$ est cohérent vis-à-vis d'un modèle global $\mathbb{G}$ ssi $\forall t_i \therefore \mathbb{G}_{V_i}$, $\exists t \therefore \mathbb{G}$ tq $t_i = \pi_{V_i}(t)$.

2.2. Quelques définitions et notations

Soient $\mathbb{G} = (S, P)$ une grammaire algébrique étendue, $X_i, X_j \in S$, $\alpha \in S^*$, $V \subseteq S$ une vue, t un arbre de dérivation pour $\mathbb{G}$ ($t \therefore \mathbb{G}$), $D_{\mathbb{G}}$ le graphe de dépendance de $\mathbb{G}$, $p \in P$.

$\mathbb{G}$ est dit de type fini ssi $D_{\mathbb{G}}$ n'est pas récursif. $\mathbb{G}$ est dit de type fini vis-à-vis de V si la restriction du graphe de dépendance $D_{\mathbb{G}}$ de $\mathbb{G}$ sur les symboles appartenant à V n'est pas récursif.

L'écriture "$p@X \rightarrow \alpha$" signifie "p est de la forme $X \rightarrow \alpha$". $lhs(p)$ (resp. $rhs(p)$) est une fonction qui retourne le symbole (resp. les symboles) en partie gauche (resp. droite) de la production p pris en argument. Par exemple, si $p@X_0 \rightarrow X_1 \ldots X_n$, $lhs(p) = X_0$ (resp. $rhs(p) = \{X_1, \ldots, X_n\}$). On note $p[X_1/\alpha_1, \ldots X_n/\alpha_n]$ le fait de substituer dans la partie droite de p toutes les occurences de chacun des symboles $X_i \in S$ par le α_i correspondant. Par exemple, avec $p : X_0 \rightarrow aX_1bX_1cX_5$, $\alpha_1 = X_2X_3$, $p[X_1/\alpha_1] = \{X_0 \rightarrow aX_2X_3bX_2X_3cX_5\}$.

$\mathscr{L}(\mathbb{G}, A_i)$ désigne le langage engendré par la grammaire $\mathbb{G}$ à partir du symbole $A_i \in S$.

3. Un modèle de documents stable par projection pour l'édition coopérative asynchrone

Dans cette section, nous présentons les *structures grammaticales* qui sont une forme particulière de GAE non récursives. En effet, pour que la projection que nous définissons section 3.2 soit toujours possible, on n'autorise pas d'avoir dans ce modèle les symboles récursifs [4]. Les *structures grammaticales* seront alors des modèles pour des documents de profondeurs bornées (conséquence de la non-récursivité des symboles) mais de largeurs non bornées.

3.1. Les structures grammaticales (abstraite) : définition

Une structure grammaticale $\mathbb{G} = (S, P)$ est la donnée :
(a) d'un ensemble S de symboles grammaticaux (non récursifs) et
(b) d'un ensemble P de productions. Chaque production de P est de l'une des deux formes

4. Comme dans [8], nous ne nous intéressons qu'aux modèles non récursifs. Ceci ne constitue pas une aberration car, selon les statistiques qu'on dispose sur les données, les DTDs non récursives sont plus fréquentes que celles récursives [8]

suivantes : (1) $p@A_0 \rightarrow A_1 \ldots A_n$ (forme classique des productions d'une grammaire algébrique). (2) $q@A \rightarrow B^*$ (ceci signifie que A est constitué d'une liste de B).

Remarquons qu'à toute structure grammaticale on peut associer de façon évidente une GAE équivalente.

3.2. Projection d'une structure grammaticale

Soient $\mathbb{G} = (S, P)$ une structure grammaticale, $V \subseteq S$ une vue. Posons $\overline{V} = S \setminus V$. La projection de $\mathbb{G}$ suivant V notée $\pi_V(\mathbb{G})$ est la structure grammaticale $\mathbb{G}_V = (S_V,\ P_V)$ dans laquelle :

- P_V est obtenu à partir de P via des réécritures successives des symboles appartenant à $\overline{V}$ en fonction de ceux appartenant à V, puis, en substituant convenablement le résultat de cette réécriture dans le sous-ensemble des productions de P ayant un symbole appartenant à V en partie gauche : $\forall p \in P_V,\ p@X_0 \rightarrow X_1 \cdots X_n$ ou $p@X_0 \rightarrow X_1^*,\ X_i \in S_V, 0 \leq i \leq n$.

- $S_V = V \cup S^{new}$: les catégories syntaxiques de la grammaire projetée sont constituées des symboles de la vue auxquels on adjoint éventuellement de nouveaux symboles dits de *structuration* appartenant à S^{new}. En effet, comme le processus d'obtention des productions du modèle projeté procède par réécritures successives des symboles n'appartenant pas à la vue, il peut arriver que lors de la réécriture de certains symboles, on ait besoin d'introduire de nouveaux symboles permettant de reformater (décomposer) certaines productions afin de les ramener à la forme des règles de production retenue pour les structures grammaticales[5] (cf. section 3.1 précédente).

L'algorithme de dérivation de P_V et par conséquent de S_V procède en deux étapes :

Etape 1 : Considérer le sous-ensemble $Prod_{\overline{v}} \subseteq P$ des productions de $\mathbb{G}$ ayant un symbole n'appartenant pas à la vue en partie gauche ($Prod_{\overline{v}} = \{p \in P,\ lhs(p) \in \overline{V}\}$) et les transformer via des réécritures successives en des productions de la forme $X' \rightarrow \beta$, une production des structures grammaticales et telle que $X' = lhs(p)$ et β ne contient que des symboles de S_V. On obtient l'ensemble $P_{\overline{v}}$:
$P_{\overline{v}} = \{A \rightarrow \mu_1 | \ldots | \mu_n,\ A \in \overline{V}\}$ avec :
$\{\mu_1, \ldots, \mu_n\} = \{u = v_1 w_1 v_2 \ldots v_k w_k v_{(k+1)},$
$\exists p@A \rightarrow v_1 A_1 v_2 \ldots v_k A_k v_{(k+1)},\ v_i \in V^*,\ A_i \in \overline{V},\ w_i \in \mathscr{L}(\mathbb{G}_{\overline{v}}, A_i)\}$.
En effet, on peut considérer $P_{\overline{v}}$ comme les productions d'une grammaire algébrique concrète $\mathbb{G}_{\overline{v}}$ ayant $\overline{v} = \overline{V} \cup S^{new}$ comme ensemble de nonterminaux et V comme ensemble de terminaux : $\mathbb{G}_{\overline{v}} = (\overline{V} \cup S^{new},\ V,\ P_{\overline{v}})$.

Remarque 1 : $P_{\overline{v}} = \cup P_{\overline{v}}(X_i')$ avec $X_i' \in \overline{v}$ et $P_{\overline{v}}(X_i')$ est l'ensemble issu de la réécriture des productions de $\mathbb{G}$ ayant $X_i' \in \overline{V}$ en partie gauche. Notons que les symboles appartenant à V sont considérés comme terminaux lors des réécritures.
La construction de $P_{\overline{v}}(X_i'),\ X_i' \in \overline{v}$ est décrite par l'algorithme 1.

Remarque 2 : Pour la construction effective de $P_{\overline{v}} = \cup P_{\overline{v}}(X_i'),\ X_i' \in \overline{v}$, les différents ensembles $P_{\overline{v}}(X_i'),\ X_i' \in \overline{v}$ doivent être construits suivant le tri topologique du graphe de dépendance : on évalue un symbole après évaluation des symboles dont il dépend.

5. Par exemple, au cours d'une projection, on peut obtenir par réécriture une nouvelle production de la forme $p : X_0 \rightarrow X_1^* X_2$ (forme non admise pour les structures grammaticales). Alors on crée un nouveau symbole de structuration X^1 et on décompose la production p en deux productions $p_1 : X_0 \rightarrow X^1 X_2$ et $p_2 : X^1 \rightarrow X_1^*$;

entrée : P : ensemble des productions de la structure grammaticale $\mathbb{G}$ d'entrée;
V : la vue;
$X'_i \in \overline{\mathrm{v}}$: un symbole n'appartenant pas à la vue ;
sortie : $P_{\overline{\mathrm{v}}}(X'_i)$: les productions obtenues par projection des productions de P, ayant X'_i en partie gauche suivant la vue V ;

1 $P_{\overline{\mathrm{v}}}(X'_i) \leftarrow \Phi$; /* initialisation à ensemble vide */
2 **pourTout** $p \in P$; $p@X'_i \rightarrow \beta$ **faire**
3 **si** $p@X'_i \rightarrow X_1^*$ **alors**
4 **si** $X_1 \in V$ **alors**
5 $P_{\overline{\mathrm{v}}}(X'_i) = P_{\overline{\mathrm{v}}}(X'_i) \cup \{p\}$; /* p est dans le format recherché */
6 **sinon** /* $X_1 \notin V$: on remplace convenablement X_1 dans p par α */
7 $P_{\overline{\mathrm{v}}}(X'_i) = P_{\overline{\mathrm{v}}}(X'_i) \cup \{p[X_1/\alpha], \alpha \in rhs(p'), p' \in P_{\overline{\mathrm{v}}}(X_1)\}$;
8 **finsi**
9 **sinon** /* $p@X'_i \rightarrow X_1 \cdots X_n$ */
10 en posant $rhs(p) = \beta_0 X'_1 \beta_1 X'_2 \ldots \beta_{m-1} X'_m \beta_m$ avec $\beta_i \in V^*$, $X'_i \in \overline{V}$, $0 \leq i \leq m$
/* on remplace convenablement les X'_i par les α'_i correspondant */
11 $P_{\overline{\mathrm{v}}}(X'_i) = P_{\overline{\mathrm{v}}}(X'_i) \cup \{p[X'_1/\alpha'_1 \ldots X'_m/\alpha'_m],\ \alpha'_i \in rhs(p'),\ p' \in P_{\overline{\mathrm{v}}}(X'_i)\}$;
12 **finsi**
13 **finPour**

Algorithme 1 : Construction de $P_{\overline{\mathrm{v}}}(X'_i) = \{p : X'_i \rightarrow \beta, \forall X_j \in \beta, X_j \in V\}$

Etape 2 : Considérer l'ensemble $Prod_{\mathrm{v}} \subseteq P$ des productions de $\mathbb{G}$ ayant un symbole appartenant à la vue en partie gauche ($Prod_{\mathrm{v}} = \{p \in P,\ lhs(p) \in V\}$[6]) et, pour chaque production de cet ensemble, remplacer toutes les occurrences des éléments de $\overline{V}$ en sa partie droite, par leurs parties droites dans $P_{\overline{\mathrm{v}}}$ et ce, de toutes les façons possibles ; on obtient P_V l'ensemble des productions de la structure grammaticale projetée.

$P_V = \{A \rightarrow \mu_1 | \ldots | \mu_n,\ A \in V\}$ avec :

$$\{\mu_1, \ldots, \mu_n\} = \{u = v_1 w_1 v_2 \ldots v_k w_k v_{(k+1)},\ \exists p@A \rightarrow v_1 A_1 v_2 \ldots v_k A_k v_{(k+1)},\ v_i \in V^*,\ A_i \in \overline{V},\ w_i \in \mathscr{L}(\mathbb{G}_{\overline{\mathrm{v}}}, A_i)\}.$$

Remarque 3 : $P_V = \cup P_{\mathrm{v}}(X_i)$ avec $X_i \in V$ et $P_V(X_i)$ est l'ensemble issu de la réécriture des productions de $\mathbb{G}$ ayant $X_i \in V$ en partie gauche en se servant de $P_{\overline{\mathrm{v}}}$.
La construction de $P_V(X_i),\ X_i \in V$ est décrite par l'algorithme 2.

L'algorithme 3 est celui de construction de $p[X'_1/\alpha'_1, \ldots, X'_m/\alpha'_m]$. Il présente explicitement à quels moments les *symboles de restructuration* sont créés et comment ils sont explicitement utilisés dans les productions générées.

3.3. Quelques propriétés des structures grammaticales

Soient $\mathbb{G}$ une structure grammaticale, V une vue. $\mathbb{G}$ satisfait les propriétés suivantes :

Propriété 1 : La projection de $\mathbb{G}$ suivant la vue V notée $\pi_V(\mathbb{G})$ est une structure grammaticale (propriété de stabilité) : cette propriété est garantie par l'algorithme 3.

Propriété 2 : si $t \therefore \mathbb{G}$ alors $(\pi_V(t) \therefore \pi_V(\mathbb{G}))$[7].

Propriété 3 : si t'_V est la mise-à-jour locale d'une replique partielle t_V et telle que $t'_V \therefore \pi_V(\mathbb{G})$ alors $\left(\exists t \therefore \mathbb{G},\ t'_V = \pi_V(t)\right)$ (propriété de cohérence).

6. Remarquons que $Prod_{\overline{\mathrm{v}}} \cup Prod_{\mathrm{v}} = P$.
7. Les preuves des propriétés 2 et 3 peuvent être obtenues en adaptant la preuve du théorème 3.3 donné dans [2]

entrée : P : ensemble des productions de la structure grammaticale $\mathbb{G}$ d'entrée;
V : la vue;
$X_i \in V$: un symbole appartenant à la vue ;
sortie : $P_V(X_i)$: les productions obtenues par projection des productions de P ayant X_i en partie gauche, suivant la vue V ;

$P_v(X_i) \leftarrow \Phi$;
pourTout $p \in P$; $p@X_i \rightarrow \beta$ **faire**
  si $p@X_i \rightarrow X_1^*$ **alors**
    si $X_1 \in V$ **alors**
      $P_v(X_i) = P_v(X_i) \cup \{p\}$;
    sinon /* $X_1 \notin V$: on remplace convenablement X_1 dans p par α */
      $P_v(X_i) = P_v(X_i) \cup \{p[X_1/\alpha], \alpha \in rhs(p'),\ p' \in P_{\overline{v}}(X_1)\}$;
    finsi
  sinon /* $p@X_i \rightarrow X_1 \cdots X_n$ */
    en posant $rhs(p) = \beta_0 X'_1 \beta_1 X'_2 \ldots \beta_{m-1} X'_m \beta_m$ avec $\beta_i \in V^*,\ X'_i \in \overline{V},\ 0 \leq i \leq m$
    /* on remplace convenablement les X'_i par les α'_i correspondant */
    $P_v(X_i) = P_v(X_i) \cup \{p[X'_1/\alpha'_1, \ldots, X'_m/\alpha'_m],\ \alpha'_i \in rhs(p'),\ p' \in P_{\overline{v}}(X'_i)\}$;
  finsi
finPour

Algorithme 2 : Construction de $P_V = \{p : X \rightarrow \alpha,\ X \in V, \forall X_i \in \alpha, X_i \in V \cup S^{new}\}$

3.4. Illustration : rédaction coopérative d'un petit annuaire

Certains concepts et algorithmes présentés dans les sections précédentes sont illustrés dans cette section par le biais d'un exemple simplifié de rédaction coopérative d'un petit annuaire. Supposons que deux employés d'une structure désirent écrire de façon coopérative un petit annuaire sur des personnes de leur organisation contenant pour chaque personne le nom, deux prénoms, les adresses mails, et les contacts téléphoniques. Une structure grammaticale $\mathbb{G}_{an}$ décrivant cet annuaire est donnée dans le tableau 1-(a). Supposons qu'on y définisse deux vues : $V_1 = \{Annuaire,\ contact,\ nom,\ prenom1,\ prenom2,\ numTel\}$ et $V_2 = \{Annuaire, contact, nom, prenoms, tel\}$ pour chacun des employés respectif. Par application de l'algorithme 2, nous avons dans le tableau 1-(b), la structure grammaticale $\mathbb{G}_{V_1}$, résultat de la projection de la structure grammaticale $\mathbb{G}_{an}$ suivant la vue V_1. Notons que dans $\mathbb{G}_{V_1}$, $tels'$ est un symbole de structuration.

entrée : p : une production de la structure grammaticale $\mathbb{G}$ d'entrée;
$\{X_1, \ldots, X_m\} \subseteq \overline{V}$: un ensemble de symbole n'appartenant pas à la vue ;
sortie : $p[X'_1/\alpha'_1, \ldots, X'_m/\alpha'_m]$: productions obtenues par substitution des X_i dans p par α_i

si $p@X_i^*$ **alors**
  /* dans ce cas, on doit avoir $m = 1$ */
  si $\alpha_1@X_k^*$ **alors**
    retourner $\{X_1 \rightarrow \alpha_1\}$
  sinon /* $\alpha_1@Y_1 \ldots Y_n$ */
    retourner $\{X_1 \rightarrow X^{new1*},\ X^{new1} \rightarrow \alpha_1\}$
  finsi
sinon /* $p@X \rightarrow \beta_1 X_1 \alpha_2 X_2 \ldots \alpha_{m-1} X_m \alpha_m$ */
  retourner $\{X \rightarrow \beta_1 X'_1 \beta_2 \ldots \beta_{m-1} X'_m \beta_m\} \cup \{X^{new_i} \rightarrow \alpha_i,\ \alpha_i@Y^*\}$ dans lequel $X'_i = \alpha_i$ si $\alpha_i@Y_1 \ldots Y_n$ ou alors $X'_i = X^{new_i}$ si $\alpha_i@Y^*$ et dans ce cas, on émet aussi en sortie la production $X^{new_i} \rightarrow \alpha_i$.
finsi

Algorithme 3 : Construction de $\{p[X'_1/\alpha'_1, \ldots, X'_m/\alpha'_m],\ \alpha'_i \in rhs(p'),\ p' \in P_{\overline{v}}(X'_i)\}$

```
<annuaire> -> <contact>*
<contact> -><nom><prenoms><emails><tels>
<emails> -> <email>*
<nom> -> £
<email> -> £
<prenoms> -> <prenom1> <prenom2>
<prenom1> -> £
<prenom2> -> £
<tels> -> <numTel>*,  <numTel> -> £
```

(a) Structure grammaticale $\mathbb{G}_{an}$ d'un annuaire

```
<annuaire> -> <contact>*
<contact> -><nom><prenom1><prenom2><tels'>
<nom> -> £
<tels'> -> <numTel>*
<numTel> -> £
<prenom1> -> £
<prenom2> -> £
```

(b) Structure grammaticale $\mathbb{G}_{V_1} = \pi_{V_1}(\mathbb{G}_{an})$.

Tableau 1. *Un exemple de structure grammaticale et d'une de ses projections*

4. Conclusion

Les outils d'édition coopérative asynchrone permettent généralement aux co-auteurs d'éditer des *répliques complètes* du document et d'opérer la fusion a posteriori [3] indépendament du caractère structuré ou non du document : c'est notamment le cas dans nombre d'outils de gestion de version comme CVs pour les documents non structurés (textual merge) [4]. Bien plus, dans le cas de l'édition structurée, tous les co-auteurs possèdent le même modèle de document et la fusion des *repliques (complètes)* s'appuie sur ce modèle (syntactic software merging) [5]. Nous nous sommes intéressés dans ce papier au cas novateur - nous ne connaissons pas de travail réalisé dans ce sens - dans lequel les co-auteurs agissent sur des *répliques partielles* du document global. L'algorithmique developpée permet de doter chaque co-auteurs d'un modèle local cohérent dérivé du modèle global, pour une validation locale des mises à jours de sa réplique partielle.

Une suite naturelle de ce travail consiste à s'intéresser à une approche ascendante de construction des structures grammaticales. Il s'agira de proposer une opération de *fusion* de telles structures "semblable" à celle de fusion des documents présentée dans [1].

5. Bibliographie

[1] E. Badouel and M. Tchoupé "Merging hierarchically structured documents in workflow systems." *Proceedings of the Ninth Workshop on Coalgebraic Methods in Computer Science (CMCS 2008)*, Budapest. Electronic Notes in Theoretical Computer Science, 203(5) : 3-24, 2008.

[2] E. Badouel and M. Lamine "Opacité des artefacts d'un système workflow." *Revue ARIMA*, 2013.

[3] T. Berlage and A. Genau, "A Framework for Shared Applications with Replicated Architectures," *Proc. Conf. User Interface Systems and Technologiy*, Nov 1993.

[4] B. Berliner, "CVS II : Parallelizing Software Development," *Proc. The Advanced Computing Sytems Professional and Technical Association (USENIX) Conf.* PP. 22-26, 1990.

[5] J. Buffenbarger, "Syntactic Sofware Merging", *Software Configuration Management : Selected Papers SCM-4 and SCM-5*, J. Estublier, ed., pp. 153-172, 1995.

[6] A. Brüggemann-Klein and D. Wood. "One-Unambiguous Regular Languages". *Information and Computation*,142(2) :182-206, 1998

[7] T. Mens. "A State-of-the-Art Survey on Software Merging". *Journal of IEEE Transactions on Software Engineering*, 28(5) : 449-462, 2002.

[8] Chitic, Cristiana and Daniela Rosu. "On Validation of XML Streams Using Finite State Machines", *WebDB*, ed. Amer-Yahia, Sihem and Gravano, Luis, pp. 85-90, 2004.

Evaluation des requêtes avec préférences structurelles sur les documents XML

Maurice TCHOUPÉ TCHENDJI. *,** et Lionel TADONFOUET **

* Equipe ALOCO/LIRIMA
** Département de Maths-Informatique, Faculté des Sciences
Université de Dschang, BP 67, Dschang-Cameroun
{ttchoupe, lioneltadonfouet}@yahoo.fr

RÉSUMÉ.
Une requête exacte sur un document XML est une requête dans laquelle l'utilisateur spécifie précisément ce qu'il désire vérifier ou retrouver dans le document. Les documents XML sont généralement semi-structurés. Quand on leur applique des requêtes exactes, le risque est grand d'obtenir un résultat vide (cas des requêtes trop spécifiques) ou trop important (cas des requêtes trop vagues). Par opposition aux requêtes exactes, les requêtes avec préférences visent à retourner tous les meilleurs résultats de façon à éviter justement les résultats vides ou trop importants. Dans ce papier, nous présentons un algorithme d'évaluation de telles requêtes inspiré de l'algorithme *TreeMatch* proposé par J. T. Yao et al. dans [4] pour les requêtes exactes. Le langage de requêtes utilisé est un sous ensemble de celui décrit par Sara Cohen et al. dans [3] dans lequel nous ne retenons que les constructions permettant d'exprimer les préférences portant sur les structures (préférences structurelles). La seule contrainte imposée sur les documents est la non récursivité des noms d'éléments.

ABSTRACT. An exact query over XML document is a query in which the user specifies exactly what he wants to check or retrieve back in the document. XML documents are usually semi-structured. When an exact query is applied on an XML document, the risk is great to get as answer an empty result (case of too specific queries) or too large result (case of too vague queries). As opposed to exact queries, preferences queries are designed to return all the best results in order to avoid empty or just too important results. In this paper, we present an algorithm for evaluating such queries inspired from the *TreeMatch* algorithm proposed by J. T. Yao and al. in [4] for exact queries. The query language used is a subset of that described by Sara Cohen and al. in [3] where we retain only the constructions for expressing preferences on structures (structural preferences). The only constraint imposed on the documents is the element non recursivity.

MOTS-CLÉS : Documents semi-structurés, Requêtes avec préférences, Reconnaissance de motifs d'arbre, XML.

KEYWORDS : Semi-strutured documents, Preferences queries, Tree pattern matching, XML

1. Introduction

Les documents (semi-)structurés sont de plus en plus utilisés dans la communauté informatique pour la publication ainsi que pour l'échange d'informations entre applications. Leur nombre toujours croissant couplé à la diversité des utilisateurs et des usages, incitent à développer des techniques toujours plus efficaces pour leur exploitation via des requêtes [2]. En effet, comme pour les Bases de Données (BDs) classiques, la nécessité de développer des techniques pour l'extraction des informations d'une collection de documents XML (on parle de BDs XML) s'est très vite fait ressentir, aussi bien pour répondre aux exigences des utilisateurs/applications devant explorer le web ou une BD XML, ou encore, pour l'exploitation des documents actifs[1] [1].

Les techniques d'interrogations utilisées dans les BDs classiquess sont généralement adaptées en vue de leur utilisation dans le cadre des BDs XML. Ces adaptations doivent se faire de manière à prendre en compte les spécificités inhérentes aux documents XML : on doit pouvoir interroger via le système de requêtes proposé, la large collection de documents semi-structurés présente dans le monde XML. En fait, par opposition aux données manipulées dans les BDs classiques qui sont structurées (on connait le schéma de la BD), ceux manipulées dans la communauté XML sont généralement auto-descriptifs (semi-structurés) ie., ne possèdent pas de modèle de document (DTD, Schéma, ...). Ceci rend leur exploitation (interrogation via des requêtes) très difficile du fait de l'inexistence ou de la méconnaissance (par l'initiateur de la requête) de leur structures sous-jacentes. Bien plus, si on ne prend pas des dispositions particulières, amplifié par le fait de l'inexistence ou de la méconnaissance du modèle du document interrogé, les requêtes renverraient généralement soit pas de résultat (cas de requêtes trop précises n'ayant rien ou peu à voir avec le contenu ou avec la structure du document considéré) ou à l'extrême, un nombre trop important de résultats (cas de requêtes trop générales).

Les problèmes de l'absence et/ou de la surabondance des résultats d'une requête ont aussi émergés au sein de la communauté des BDs classiques. Comme solution, le concept de *requêtes avec préférences* a été proposé. Intuitivement, une requête avec préférences spécifie les désiderata de l'utilisateur et comporte deux parties : une condition principale qui vise à sélectionner un ensemble de n-uplets d'une BD classique, ou tous les sous-arbres d'une BD XML contenant un motif (arborescent) donné, et une partie relative à l'explicitation des besoins qui peuvent être quantitatifs ou qualitatifs.

Le concept de requêtes avec préférences est motivé par le constat selon lequel, les utilisateurs des BDs ne cherchent généralement pas à obtenir nécessairement toutes les réponses d'une requête, mais plutôt, *les meilleures* ou *les plus préférées*. Bien plus, la notion de préférence peut aussi être appliquée dans le cas inverse c-à-d, en cas d'ensemble de réponses vides, pour donner des réponses qui sont proches des desiderata de l'utilisateur.

A l'instar d'une BD classique, un document XML contient des informations (des données). Il encapsule aussi une structure dont il faut impérativement tenir compte lors de son interrogation. Conséquence : comme le relève Sara Cohen et al. dans [3], les préférences sur les résultats d'une requête XML sont de deux types, selon qu'on s'intéresse aux valeurs (l'utilisateur peut préférer des résultats qui contiennent certaines valeurs ; ex : prix bas, meilleurs tarif, ...) ou à la structure (l'utilisateur peut préférer des résultats comportant une certaine structure ; ex : existence d'un

1. Un document actif est un un document comportant des parties (noeuds) dynamiques encapsulant des requêtes sur d'autres documents. Les parties (noeuds) dynamiques sont complétées par nécessité - au moment de son utilisation - par exécution des requêtes qu'elles encapsulent.

noeud « discount » ou alors existence dans la structure du document d'un arc entre les noeuds « departure » et « arrival » ...).

La problématique adressée dans ce papier concerne l'évaluation des requêtes XML avec préférences. Notre proposition s'appuie sur le travail effectué par Yao et al. dans [4] relatif aux requêtes classiques sans préférences (on parle de *requêtes strictes* ou de *requêtes exactes*). Dans l'algorithme proposé, (1) nous supposons comme dans [4] que les documents XML utilisés sont non récursifs[2] : de cette hypothèse découle une propriété caractéristique importante (voir section 2.2.1) permettant d'accelérer considérablement la complexité de l'algorithme proposé [4]. (2) Nous utilisons une variante du langage de requêtes proposée par Sara et al. [3] dans laquelle pour simplifier notre présentation, nous ne nous focalisons qu'au cas des préférences portant sur les structures appelées par la suite *préférences structurelles.*

Organisation du manuscrit : La section 2 présente quelques concepts relatifs aux documents semi-structurés ainsi que le principe de l'algorithme *TreeMatch* [4]. La section 3 est consacrée à la présentation de *TreeMatchPreference* : une extension de *TreeMatch* aux cas des requêtes avec préférences. La section 4 est consacrée à la conclusion.

2. Préliminaires

2.1. Document XML, requêtes et évaluations

Sara cohen et al. ont proposé dans [3] un langage de requêtes pour l'interrogation des documents semi-structurés XML. Ce langage permet d'exprimer à la fois les préférences sur les valeurs et sur la structure. Avant de définir formellement les concepts de requêtes exactes et de requêtes avec préférences, introduisons d'abord la notion de document XML.

Un *document XML* abstrait[3] est représenté par un arbre étiqueté $D = (N_d,\ E_d)$ où N_d est un ensemble de noeuds étiquetés, E_d un ensemble d'arcs reliant chacun deux noeuds de N_d. Pour tout noeud $x \in N_d$ la fonction $label_d(x)$ retourne son étiquette.

Une *requête structurelle exacte* $Q = (N_q,\ E_q)$ est un arbre dans lequel N_q est un ensemble de noeuds étiquetés, E_q un ensemble d'arcs reliant chacun deux noeuds de N_q. Chaque arc est représenté par le couple de noeuds qu'il connecte. Si a est un arc, la fonction $orig(a)$ (resp. $dest(a)$) retourne le noeud source (resp. destination) de l'arc. Par exemple, si l'arc ar connecte les noeuds n_s et n_d on note $ar = (n_s, n_d)$, et, $orig(ar) = n_s$ et $dest(ar) = n_d$. Dans E_q on distingue deux types d'arcs : ceux reliant un noeud père à un noeud fils noté $child(x,y)$ (ou x/y) et ceux reliant un noeud à un de ses descendants noté $desc(x,y)$ (ou $x//y$). Pour tout noeud $x \in N_q$ la fonction $label_q(x)$ retourne son étiquette.

Soient, $Q = (N_q,\ E_q)$ une requête, $D = (N_d,\ E_d)$ un document XML, deux noeuds $n_d \in N_d$ et $n_q \in N_q$, deux arcs $a_d \in E_d$ et $a_q \in E_q$:

• On dira que n_d *est une occurrence de* n_q dans D si $label_q(n_q) = label_d(n_d)$. De même, on dira que a_d *est une occurrence de* a_q dans D si $orig(a_d)$ est une occurrence de $orig(a_q)$ et $dest(a_d)$ est une occurrence de $dest(a_q)$.

2. Dans de tels documents, aucun élément (Tag) ne figure dans la liste de ses descendants.
3. Dans un document abstrait, on fait abstraction des noeuds de textes et des noeuds d'attributs : ceux-ci ne sont pas d'un intérêt avéré pour les traitements purement structurels qui nous intéressent dans ce papier.

• Soit $\psi : N_q \mapsto N_d$ une application. On dira que $\psi(N_q)$ *est un appariement* de Q dans D si les trois propriétés suivantes sont satisfaites pour tout $x,\ y \in N_q$: 1) $x \neq y \Longleftrightarrow \psi(x) \neq \psi(y)$. 2) $label_q(x) = label_d(\psi(x))$. 3) si $x//y \in E_q \Longrightarrow \psi(x)$ est un ancêtre de $\psi(y)$; si $x/y \in E_q \Longrightarrow \psi(x)$ est le parent de $\psi(y)$ c-à-d $\psi(x)/\psi(y) \in E_d$.

• La requête Q *est satisfaite* dans D s'il existe un appariement de Q dans D.

• Une *requête avec préférences* est un arbre $(N_q,\ E_q)$ dans lequel :
1) L'ensemble des noeuds N_q est partitionné en deux sous-ensembles : N_{req} contenant les noeuds requis - chacun d'eux doit nécessairement avoir une occurence dans tout résultat à la requête - et N_{opt} contenant les noeuds optionnels ie. pouvant ne pas avoir d'occurence dans les résultats.
2) L'ensemble E_q des arcs est mêmement partitionné en deux sous-ensembles : E_{req} contenant les arcs requis et E_{opt} contenant les arcs optionnels.

• Une *requête avec préférences* $P = (N_{req}, N_{opt}, E_{req}, E_{opt})$ *est satisfaite* sur un document D si la requête exacte $Q_p = (N_{req}, E_{req})$ est satisfaite sur D et les éléments de N_{opt} ainsi que ceux de E_{opt} possèdent éventuellement des occurrences dans D.

2.2. L'algorithme *TreeMatch*

2.2.1. Notations et contrainte utilisées dans *TreeMatch*

Soit $Q = (N_q, E_q)$ une requête. Dans *TreeMatch*, à chaque noeud $q \in N_q$ sont associées une pile S_q et une liste T_q. S_q est utilisé pour stocker les solutions potentielles de la sous-requête issue du noeud courant q, et T_q est la liste triée (un index) des occurrrences de q dans D [5]. Les noeuds de T_q sont représentés par un triplet $(Start,\ End,\ Level)$, et sont triés suivant $Start$.

TreeMatch prend en entrée les listes $T_q,\ q \in N_q$ et pour chacune d'elles, *TreeMatch* utilise une variable $T_qCurrent$ pointant sur le noeud courant de cette liste. Trois primitives sont également utilisées dans *TreeMatch* : $Advance(T_q)$ qui fait pointer $T_qCurrent$ sur le prochain noeud de T_q, $Isleaf(q)$ qui teste si le noeud q est une feuille et la primitive $NumOfChildren(q)$ qui retourne le nombre de fils de q : on note q_i ($i = 0, \ldots, NumOfChildren(q) - 1$) les différens noeuds fils du noeud q.

Une propriété importante portant sur les requêtes traitées par *TreeMatch* - que nous retenons aussi - est celle de la non recursivité (*No-Self-Containment*) des étiquettes des noeuds de la requête. Comme le soulignent les auteurs de *TreeMatch*, pour toute requête $Q = (N_q,\ E_q)$ satisfaisant cette propriété, pour tout noeud interne $q \in N_q$, toute paire de noeuds $x,\ y$ apparaissant dans T_q n'ont pas de descendants commun. Ainsi, on peut avoir un partitionnement du résultat de l'appariement des noeuds de la sous-requête ayant q pour racine, en des sous ensembles (disjoints) contenant chacun une occurrence de q. C'est ce partitionnement qui permet un encodage compact des solutions partielles (stockées dans les piles), desquelles on génèrera les solutions (globales) partition après partition.

2.2.2. Principe

Soient $Q = (N_q, E_q)$ une requête structurelle exacte, $D = (N_d, E_d)$ un document. L'algorithme *TreeMatch* [4] recherche tous les appariements de Q dans D. Pour ce faire, elle appelle recursivement la fonction $find(q)$ pour déterminer si l'occurrence courante de q appartient à une solution partielle. Le cas échéant, les compopsants de la dite solution (partielle) sont encodés de façon compacte dans les différentes piles associées à chaque noeud de la sous-requête ayant q pour racine. Ces solutions partielles (résultat de l'appariement des noeuds descendants de q et ceux de D) sont susceptibles d'être complétées en vue de l'obtention du résultat final.

3. Algorithme *TreeMatchPreference*

3.1. Principe

TreeMatchPreference est une version enrichie de l'algorithme *TreeMatch*. Elle intègre une définition des traitements à appliquer sur les noeuds optionnels potentiellement présents dans les motifs des requêtes avec préférences.

A l'instar de *TreeMatch*, *TreeMatchPreference* est récursif. Il prend en entrée une requête avec préférences, ainsi qu'un index sur le document à interroger, représenté par un ensemble de listes T_q [5]. Il retourne tous les *meilleurs appariements* au motif de la requête dans le document, en appellant récursivement la fonction *find(q, T_qCurrent, maxPosition)*, pour rechercher tous les appariements éventuels de la sous-requête ayant q pour racine, à partir de son occurrence T_q*Current*. Le résultat obtenu sur chaque noeud est encodé dans la pile qui lui est associée.

Plus précisément, la fonction *find(q, T_qCurrent, maxPosition)* est appelée pour déterminer si l'occurrence courante T_q*Current* de q est une solution partielle. C'est le cas si : soit q est une feuille[4], soit T_q*Current* possède des noeuds fils (disons q_i*Occurs*) qui sont des occurrences de chacun des fils du noeud q, et tous les q_i*Occurs* sont des solutions partielles. En outre, si q est un noeud optionnel, *find()* examine s'il existe aussi des solutions partielles n'incluant pas d'occurrence de q : de telles solutions existent si chacun des noeuds fils de q possède au moins une solution partielle. Par la suite, nous dirons de tels noeuds qu'ils possèdent (ou par abus, qu'ils sont) des *solutions partielles triviales* : certains résultats de la requête ne contiendront aucune de leurs occurrences.

3.2. Algorithme

L'algorithme 1 est celui de *TreeMatchPreference()* et l'algorithme 2 celui de *find()*. Dans ces algorithmes (nouveautés par rapport à *TreeMatch*), les tuples empilés dans les piles associées à chaque noeud de l'arbre requête comportent trois champs :

– le champ *self* qui contient soit l'occurrence du noeud courant de la requête (algo. 2 *ligne 27*), soit Φ si le noeud courant est une solution partielle triviale (algo. 2 *ligne 10*).

– le champ *parent* qui contient l'occurrence du noeud parent (direct) du noeud courant, recouvrant[5] son occurrence courante. Il peut aussi contenir l'occurrence de l'ancêtre le plus proche qui recouvre l'occurrence courante ; Dans ce cas, le noeud parent (direct) est un noeud optionnel, n'ayant aucune occurrence recouvrant l'occurrence courante du noeud requête courant (voir par exemple algo. 2 *ligne 9* où on appelle *find()* en lui fournissant en paramètre T_q*Current* en lieu et place de T_{q_i}*Current* comme à la *ligne 26*).

– le champ *NOpAb* (noeud optionnel absent) qui est un entier valant soit 1 soit 0. Il est mis à 0 par défaut (ex. algo 1 *ligne 7*) dans tout tuple encodant une solution partielle, et à 1 dans ceux encodant des solutions partielles triviales : un tel noeud (disons q) est un noeud optionnel dont tous les fils q_i possèdent des solutions partielles non recouvertes par l'occurrence courante de q (ex. algo. 2 *ligne 10*).

4. Dans ce cas, à moins que q ne soit optionnel, la liste T_q ne doit pas être vide. Nous faisons dans ce papier l'hypothèse simplificatrice (non réductrice) qu'une telle liste n'est jamais vide initialement.

5. Un noeud n_r représenté par le triplet $< start_r, end_r, level_r >$ *recouvre* un noeud n représenté par le triplet $< start, end, level >$ si n est un noeud du sous-arbre ayant n_r pour racine. c-à-d $start_r < start < end < end_r$.

```
   entrée : Une requête avec préférences : un arbre;
            Un index T (les listes T_q) sur le document à interroger;
   sortie : L'encodage de toutes les correspondances dans une pile
 1 T_qCurrent =pHead(T_q);
 2 tantque (T_qCurrent is not null) faire
 3     si (q ∈ N_op ) alors                                   /* Traitement Phase 1 */
 4         si (find(q, root, T_qCurrent.start) == TRUE) alors
 5             push(S_q, Φ, root, 1);
 6     si (find(q, T_qCurrent, T_qCurrent.end) == TRUE) alors   /* Traitement Phase 2 */
 7         push(S_q, T_qCurrent, root, 0);
 8     T_qCurrent =dropHead(T_q);
 9     si (q ∈ N_op ) alors                                   /* Traitement Phase 3 */
10         si (T_qCurrent is not null ) alors
11             si (find(q, root, T_qCurrent.start) == TRUE) alors
12             push(S_q, Φ, root, 1);
13         sinon                          /* Traitement Phase 3: dernier élt de T_q */
14             si (find(q, root, ∞) == TRUE) alors push(S_q, Φ, root, 1); finsi
15 GenerateSolution(q);
```

Algorithme 1 : Algorithme *TreeMatchPreference(q, T)* pour les requêtes flexibles

Dans les algorithmes 1 et 2, le traitement de chaque noeud requête q se fait en appliquant séquentiellement les mêmes opérations sur chaque occurrence de q. Ce traitement se décompose en trois phases et seule la phase 2 est appliquées aux noeuds non optionnels ; Phase 1 (resp. Phase 3) : examen de l'existance des solutions partielles triviales, c-à-d non recouvertes par l'occurrence courante de q_i et appartenant aux sous-arbres le précédant[6] (algo. 1 lignes 3-5 et algo. 2 lignes 8-11) (resp. le suivant - algo. 1 *lignes 10-14* et algo. 2 *lignes 12-14 et 30-33* .). Phase 2 : examen de l'existance des solutions partielles couvertes par l'occurrence courante. L'existence d'une solution partielle triviale (resp. non triviale) est matérialisée par l'insertion dans la pile du noeud courant du tuple $< \Phi, T_qCurrent, 1 >$ (algo. 2 *ligne 10*) (resp. $< T_{q_i}Current, T_qCurrent, 0>$ (algo. 2 *ligne 27*)) ayant la sémantique définie ci-dessus et exploitée ensuite par la fonction de génération de la solution (algo. 3). Ce sont les traitements effectués dans les phases 1 et 3 qui marquent la différence fondamentale entre les algorithmes proposés ici et ceux de [4].

Dans *TreeMatchPreference* (algo. 1), on fait tout d'abord pointer $TqCurrent$ sur le premier élément de la liste T_q du noeud racine q (*ligne 1*). Puis, si q est optionnel, on déroule la *Phase 1* du traitement avec m à j éventuelle de la pile de q (*lignes 3-5*) . La *Phase 2* du traitement est ensuite enclanchée avec l'appel de la fonction $find(q, T_qCurrent, T_qCurrent.end)$ pour vérifier si $TqCurrent$ est une solution partielle. Le cas échéant, la pile associée à q est m à j (*lignes 6-7)*. Puis, on passe au prochain élément de la liste (*ligne 8*) pour enclancher la *Phase 3* (*lignes 9-14*) et le cyle recommence. L'algorithme 1 s'achève par un appel à la fonction chargée de parcourir les différentes piles pour générer la réponse à la requête (*ligne 15*).

Notre version enrichie de la fonction *find(q, T_qCurrent, maxPosition)* (algo. 2) prend trois paramètres : le premier q est le noeud courant de la requête en cours d'évaluation, le second $T_qCurrent$ est soit une occurence de q, soit une occurence de son ancêtre le plus proche recouvrant $T_qCurrent$. Remarquons que l'occurence de cet ancêtre est appelée *root* dans le cas où le dit

6. Pour chaque noeud, c'est le troisième paramètre (*maxPosition*) de *find* qui permet de discriminer : seul les noeuds ayant leur composante *end* inférieure à maxPosition seront concernés par cette phase du traitement.

ancêtre doit se retrouver au delà de la racine dans le document (ex. algo 1 ligne 11). Le troisième paramètre *maxPosition* est un entier permettant de fixer une limite supérieure sur les positions des occurrences des noeuds pouvant être traités dans l'appel[7]. Les différentes phases de traitement des occurrences de q sont mis en exergue dans l'algorithme 2 via les commentaires.

```
   entrée : q : un noeud de la requête étiqueté;
            T_qCurrent : une référence sur une occurence de q dans le document;
            maxPosition : une borne supérieure sur les positions des noeuds pouvant être traités;
   sortie  : Un booléen : True si T_qCurrent est une réponse partielle, False sinon.
 1 si (isLeaf(q)) return True ;
 2 N = NumOfChildren(q) ;
 3 i = 0 ; PartialSolution = False ;
 4 T_qiCurrent = pHead(T_qi);
 5 tantque ((PartialSolution == False) OR (T_qiCurrent is not null) OR (q_i ∈ N_op)) faire
 6     si ((T_qiCurrent is not null) OR (T_qiCurrent.end < maxPosition)) alors
 7         si (q_i ∈ N_op) alors
 8             si (T_qiCurrent is not null) alors                    /* Traitement Phase 1 */
 9                 si (find(q_i, T_qCurrent, T_qiCurrent.start) == True) alors
10                     push(S_qi, Φ, T_qCurrent, 1);
11                     PartialSolution =True ;
12             sinon                                                 /* Traitement Phase 3 */
13                 si (find(q_i, T_qCurrent, maxPosition) == True) alors
14                     push(S_qi, Φ, T_qCurrent, 1) ;    PartialSolution =True ;
15         si ((T_qi is empty) OR (T qiCurrent.start > T_qCurrent.end)) alors
16             si (PartialSolution == True) alors
17                 i = i + 1 ;    PartialSolution = False ;    T_qiCurrent = pHead(T_qi) ;
18             sinon
19                 j = 0;
20                 tantque (j++ < i) faire cleanStack(q_j) ; return False;
21             si (i = = N) return True ;
22         sinon
23             si (T_qiCurrent.start < T_qCurrent.start) alors
24                 T_qiCurrent = dropHead(T_qi);
25             sinon                                                 /* Traitement Phase 2 */
26                 si (find(q_i, T_qiCurrent, T_qiCurrent.end) == True) alors
27                     push(S_qi, T_qiCurrent, T_qCurrent, 0);
28                     PartialSolution = True;
29                 T_qiCurrent = dropHead(T_qi);
30     sinon                                                         /* Traitement Phase 3 */
31         si ((q_i ∈ N_op) AND (find(q_i, T_qCurrent, maxPosition) == True)) alors
32             PartialSolution = True;
33         return PartialSolution ;
```

Algorithme 2 : Algorithme *find(q, T_qCurrent, maxPosition)*

7. Par exemple, avec l'appel *find(q, T_qCurrent, 20)*, on ne pourra dans la fonction *find* traiter que les noeuds ayant une valeur inférieure à 20 dans leurs champs *start*.

3.3. Génération du résultat

La fonction *GenerateSolution*() (algo. 3) est appelée pour produire une représentation explicite du résultat final à partir des informations encodées dans les différentes piles. La particularité ici est le traitement spécial associé aux noeuds optionnels, qui peuvent suivant les cas générer un résultat vide, ou plusieurs résultats, parmi lesquels on se doit de choisir les meilleurs (*préférence qualitative*). Le critère d'épuration choisi porte sur le nombre de noeuds optionnels figurant dans le résultat : *un résultat (un tuple) sera d'autant plus préféré s'il possède un maximum de noeuds optionnels* ie., son champ *NOpAb* contient la plus faible valeur de l'ensemble des tuples du noeud. Ce critère est mis en oeuvre par la fonction de jointure (algo. 4) qui s'appuie sur le champ *NOpAb* pour discriminer.

La fonction *GenerateSolution* (algo. 3) est semblable à son homologue de même nom définie dans [4]. Elle synthétise le résultat (épuré) à partir des feuilles de l'arbre requête et le stocke dans la pile associée au noeud racine de la requête. Sur chaque noeud, elle effectue l'équijointure de la pile du noeud et de celles de ses fils (tout en additionnant et en stockant au passage les valeurs des champs *NOpAb* des tuples fusionnés (algo. 4 *ligne 6*)) et stocke le résultat dans la pile du dit noeud. Puis, on filtre (élague) le résultat pour ne retenir que les plus préférés (algo. 4 *ligne 10* et algo. 3 *ligne 7*).

entrée : L'arbre de requête décoré par les différentes piles;
sortie : Une représentation explicite du résultat final de la requête.

```
1 N = NumOfChildren(q);              /* q est le noeud racine de l'arbre requête. */
2 i = 0;
3 P = créerPile();
4 tantque i++ < N faire
5 |   generateSolution(q_i);
6 |   S_q = JoinAndFilter(S_q, S_qi) ;
7 P = filter(S_q);     /* Sélection dans S_q des solutions ayant la plus faible valeur
  dans le champ NOpAb: filter(S_q) = {tup ∈ S_q, tub.NOpAb <= tub'.NOpAb, ∀tub' ∈ S_q} */
8 return P;
```

Algorithme 3 : Algorithme *GenerateSolution(q)* pour les requêtes avec préférences.

entrée : Deux piles S_q et S_{q_i};
sortie : La pile contenant l'équijointure des piles S_q et S_{q_i}.

```
1  tantque pileVide(S_q) == Faux faire
2  |   P' = créerPile() ; tp = depiler(S_q);
3  |   tantque pileVide(S_qi) == Faux faire
4  |   |   tpi = depiler(S_qi);
5  |   |   si (tp.self == tpi.parent) alors
6  |   |   |   empiler(P, tpi.self, tpi.parent, (tpi.NOpAb + tp.NOpAb)) ;
7  |   |   sinon
8  |   |   |   empiler(P', tpi.self, tpi.parent, tpi.NOpAb ) ;
9  |   S_qi = P' ;                                  /* Réinitialisation de S_qi */
10 return filter(P);
```

Algorithme 4 : Algorithme *JoinAndFilter*(S_q, S_{q_i}) d'équijointure et d'épuration des piles S_q et S_{q_i}.

4. Conclusion

Dans ce papier, nous avons proposé *TreeMatchPreference* un algorithme d'évaluation des requêtes avec préférences structurelles sur les documents XML. Le langage de requête utilisé est un sous-ensemble de celui proposé par Sara Cohen et al [3].

Un travail à court terme consistera non seulement à réaliser une implémentation de *TreeMatchPreference*, mais aussi à l'étendre au traitement des requêtes portant sur des valeurs. On devra aussi fournir une version améliorée de la fonction *filter* de filtrage qui effectue la sélection des meilleurs résultats. En effet, la version présentée ici est basique : elle ne retient que les résultats ayant un nombre maximal de noeuds optionnels. On peux faire mieux en s'inspirant des techniques d'évaluations des requêtes de type SkyLine [6] utilisées dans les BDs classiques. Les meilleurs résultats seront alors ce qu'on pourra appeler les *SkyTrees* (par analogie aux *SkyTuples* des BDs relationnelles) : un *SkyTree* sera un résultat (sous-arbre) de la requête non *dominé* par aucun autre.

Nous envisageons aussi d'explorer une présentation des algorithmes proposés ici suivant une approche grammaticale inspirée de celle adoptée par Bouchou et al. [7] pour la validation des contraintes d'intégrités : le gain espéré est la modularité dans la conception des différents algorithmes et la diminution du nombre de parcours de l'arbre de la requête.

Remerciements

Les auteurs remercient chaleureusement ***Beatrice Bouchou*** pour leur avoir suggeré le thème traité dans ce papier.

5. Bibliographie

[1] Serge Abiteboul. "On Views and XML". *Proceedings of the eighteenth ACM Symposium on Principles of Database Systems*. pages 1-9, 1999.

[2] Cho, SungRan and Balke, Wolf-Tilo. "Building an efficient preference XML query processor". *Proceedings of the 2009 ACM symposium on Applied Computing. .* pages 1585-1586, 2009.

[3] Cohen, Sara and Shiloach, Maayan. "Flexible XML Querying Using Skyline Semantics". *Proceedings of the 2009 IEEE International Conference on Data Engineering*, 2009.

[4] Yao, J. T. and Zhang, M. "A Fast Tree Pattern Matching Algorithm for XML Query", *Proceedings of the 2004 IEEE/WIC/ACM International Conference on Web Intelligence*, 2004.

[5] Q. Li and B. Moon. "Indexing and querying XML data for regular path expressions". *Proceedings of the 27th VLDB Conference*, pages 361-370, 2001

[6] K.-L. Tan, P.-K. Eng, and B. C. Ooi, "Efficient progressive skyline computation", in VLDB, 2001, pp. 301-310.

[7] Bouchou Béatrice, Ferrari Mirian Halfeld and Lima Maria Adriana Vidigal. "Attribute grammar for XML integrity constraint validation". *Proceedings of the 22nd international conference on Database and expert systems applications*. Pages , 2011.

Vers une approche de veille épidémiologique adaptée aux pays en voie de développement

Cas de la schistosomiase au Sénégal

Gaoussou CAMARA[1,2,3,4] – Sylvie DESPRES[3] – Moussa LO[1,2]

[1]LANI, UFR SAT, Université Gaston Berger, BP 234 Saint-Louis, Sénégal ;

[2]LIRIMA, Equipe M2EIPS IRD UMI 209 UMMISCO ;

[3]INSERM, U1142, LIMICS, F-75006, Paris, France ;

[4]Université Alioune Diop de Bambey, B.P. 30, Bambey, Sénégal.

gaoussou.camara@uadb.edu.sn, sylvie.despres@univ-paris13.fr, moussa.lo@ugb.edu.sn

RÉSUMÉ. L'activité de veille épidémiologique consiste à surveiller de façon continue un phénomène épidémiologique afin d'anticiper et de contrôler son évolution. Dans le domaine de la veille épidémiologique, la prédiction des risques et la prise de décision sont idéalement fondées sur des approches quantitatives qui ne sont guère utilisables lorsque la collecte de données est difficile. Dans cet article, une approche novatrice fondée sur des ontologies pour la veille épidémiologique est proposée. Nous montrons comment ces ontologies s'intègrent dans les systèmes de surveillance classiques et permettent de pallier les difficultés liées aux approches quantitatives. L'approche adoptée est illustrée dans le contexte de la veille de la schistosomiase au Sénégal.

ABSTRACT. Epidemiological monitoring activities consist in continuously monitoring an epidemiological phenomenon in order to anticipate and control its evolution. In epidemiological monitoring domain, risk prediction and decision making are based on quantitative approaches that are hardly usable when data collection is tricky. In this paper, an innovative approach based on epidemiological monitoring ontologies is proposed. We describe these ontologies and show how they fit into classical monitoring systems and help overcoming limits related to quantitative approaches. This approach is illustrated through the monitoring of schistosomiasis in Senegal.

MOTS-CLÉS : veille épidémiologique, analyse de risque, prédiction précoce, décision, simulation, ontologie, schistosomiase.

KEYWORDS: epidemiological monitoring, risk analysis, early prediction, decision, simulation, ontology, schistosomiasis.

1. Introduction

Les systèmes de veille sont couramment développés pour surveiller les phénomènes épidémiologiques. Cette surveillance est déployée à la fois pour prédire l'impact d'événements constituant des facteurs de risques de propagation d'une maladie afin d'en contrôler l'évolution et pour suggérer des plans d'action afin de prévenir les risques identifiés [1]. En fait, comme le remarque [2], veiller revient à contrôler en agissant par anticipation. Dans le contexte des systèmes d'aide à la décision en santé, la veille peut être modélisées comme un processus transformant les données sur la propagation de la maladie surveillée en un ensemble de décisions permettant d'agir par anticipation sur son évolution.

Les approches quantitatives, utilisées pour l'analyse du risque et la prise de décision, sont fondées sur des simulations quantitatives utilisant des modèles numériques. Ces modèles, construits à l'issue d'enquêtes épidémiologiques, permettent d'expliquer la dynamique de la propagation de la maladie et de valider des hypothèses la concernant. Cependant, ces modèles sont difficilement utilisables pour faire des prédictions ou prendre des décisions. En effet, les modèles numériques de simulation sont conçus pour un objectif précis et requièrent des données numériques difficiles à acquérir en temps réel, surtout dans le pays en voie de développement. La diversité des formalismes utilisés pour représenter ces modèles (équations différentielles, systèmes multi-agents, etc.) limite leur composition ou leur intégration pour répondre à des requêtes plus complexes. En outre, pour communiquer, collaborer et partager des connaissances ou expériences, les organisations et les acteurs impliqués dans la veille ont besoin d'un vocabulaire commun. Pour apporter une réponse à ces problèmes, une approche qualitative fondée sur les ontologies est proposée pour notre système de veille épidémiologique. L'usage de ces ontologies dans la veille épidémiologique doit permettre : (i) la réalisation des simulations qualitatives [3], [4] pouvant se substituer aux simulations numériques lorsque les données ou modèles numériques nécessaires sont indisponibles ; (ii) une spécification des connaissances associées aux modèles de simulation numériques pour faciliter leur composition ou leur interopérabilité, et (iii) l'élaboration d'une terminologie pour faciliter la communication et le travail collaboratif entre les acteurs des différentes organisations impliquées dans la veille.

L'article est organisé comme suit. Dans les sections 2 et 3, nous présentons le processus de la veille épidémiologique et les limites liées à sa mise en œuvre. La section 4 présente la problématique de la veille de la schistosomiase au Sénégal. Dans la section 5, nous détaillons les objectifs de l'approche ontologique proposée et la section 6 présente brièvement la modélisation et la structuration de l'ontologie. L'architecture à base d'ontologies proposée est présentée en section 7. La section 8 présente les limites et défis de l'approche qualitative de simulation, et nous concluons en section 9.

.

2. Principe de la veille

La veille épidémiologique consiste à surveiller de façon continue les facteurs de risque de propagation d'une maladie dans une population localisée dans une région géographique afin d'anticiper et contrôler son évolution. Lorsqu'un événement lié à ces facteurs est détecté, toutes les données nécessaires à l'analyse de son impact dans la propagation de la maladie sont collectées. Des simulations numériques réalisées sur ces données permettent de prédire le risque correspondant à l'occurrence de cet événement.

La nature du phénomène surveillé détermine la méthode d'analyse mise en œuvre dans ces systèmes. Les phénomènes épidémiologiques, par leur évolution et leur émergence issues des interactions des éléments les composant, sont qualifiés de systèmes complexes. Pour analyser, afin de prédire, l'évolution et la dynamique de tels systèmes, il est indispensable de recourir à une modélisation systémique [5]. Plusieurs de ces approches systémiques ont montré leur intérêt pour l'étude des systèmes complexes comme les approches mathématiques et les approches informatiques fondées sur les systèmes multi-agents [6]. La simulation de ces phénomènes requiert la disponibilité de modèles de simulation et de données.

3. Limites dans la mise en œuvre du processus de veille

La collecte des données constitue une phase incontournable de l'analyse des événements détectés par le système de veille. Cette collecte doit se faire en temps réel pour garantir à la fois une simulation et une estimation rapide et précise du risque. Cependant, la mise en place d'un tel dispositif requiert des moyens techniques qui ne sont pas toujours disponibles, surtout dans les pays en voie de développement.

Le dispositif de veille doit également favoriser un partage de connaissances et d'expériences entre les différentes structures impliquées dans la veille. En outre, les acteurs participant à l'analyse des risques et à la prise de décision peuvent avoir des profils hétérogènes (épidémiologiste, biostatisticien, pathologiste, météorologue, médecin, parasitologue, acteur de santé publique, acteur politique, etc.), et par conséquent des vocabulaires différents pour désigner les mêmes concepts du domaine. Il devient par conséquent nécessaire de trouver un consensus sur un vocabulaire commun pour faciliter leur communication, leur interaction et leur travail collaboratif.

4. Cas de la veille de la schistosomiase au Sénégal

La schistosomiase est une maladie parasitaire constituant un problème de santé publique important au Sénégal. L'eau est le facteur de risque principal. Elle est aussi le vecteur de la transmission de la maladie. Le réseau hydraulique du Sénégal, notamment

dans la vallée du fleuve Sénégal, est très dense et certains points d'eau douce sont permanents, ce qui permet de conserver une certaine prévalence même en période de saison sèche. En outre, il existe de multiples facteurs pouvant à la fois (i) favoriser la présence de l'eau comme le climat, la pluie, les aménagements hydro-agricoles (périmètres irrigués, barrages hydro-électriques) ou (ii) favoriser le contact des populations humaines avec les points d'eau comme la pauvreté (absence d'eau domestique salubre ou d'infrastructure sanitaire) et certaines activités économiques entraînant des contacts intenses homme-eau comme l'agriculture, l'élevage ou encore la pêche. Toutes ces conditions font qu'un nombre considérable de personnes est atteint par la maladie. Sa propagation a des conséquences graves sur le développement économique mais aussi sur la scolarité des enfants atteints de la maladie. Pour lutter contre ce fléau, un Programme National de Lutte contre la Schistosomiase (PNLB) a été mis en place et rattaché au ministère de la santé du Sénégal. D'autres organismes, comme l'ONG Espoir Pour La Santé (EPLS), travaillent activement pour produire des vaccins contre la maladie. Bien que l'objectif du PNLB soit de réduire la morbidité, diminuer les transmissions saisonnières et prévenir l'extension dans les zones à risques, il ne dispose pas de système informatique capable de répondre de manière automatique et rapide à ces besoins. La lenteur au niveau de la collecte des données retarde la prédiction du risque. De plus, il n'existe pratiquement pas de modèle de simulation numérique utilisable pour faire des prédictions. C'est pourquoi le cas de la schistosomiase au Sénégal se prête à une approche qualitative de simulation pour la veille épidémiologique.

5. Vers un système de veille à base d'ontologie

Notre objectif dans cet article est de proposer une approche alternative et complémentaire permettant aux systèmes de veille de répondre à leurs fonctions dans toutes les situations possibles. Elle doit permettre de : (i) s'affranchir des contraintes liées à l'acquisition de données numériques pour effectuer une simulation et une prédiction rapide des risques potentiels ; (ii) expliquer l'origine ou la cause d'une observation ; (iii) faciliter, au besoin, l'interopérabilité et la composition des modèles de simulation numériques existants ; (iv) faciliter le partage de connaissances entre les organismes intervenant dans le domaine de la veille ; (v) faciliter la communication et le travail collaboratif entre les différents acteurs du domaine.

Pour relever ces défis, l'approche proposée est fondée sur la construction d'ontologies de la veille épidémiologique. Une ontologie est une spécification formelle et explicite d'une conceptualisation partagée [7]. Ces ontologies permettront de répondre aux différentes situations précédemment décrites puisqu'elles fournissent : une description qualitative [4] des processus permettant de modéliser le comportement du phénomène en limitant le nombre de paramètres d'entrée numériques. Cette

spécification permet une reproduction du processus de propagation d'une maladie à partir de la description abstraite de ses processus internes. Elle définit également les différents états inhérents aux entités impliquées dans le processus de propagation. Ainsi, une simulation qualitative [3] utilisant des modèles ontologiques spécifiant les processus permettra de prédire des états ou des occurrences d'événements possibles liés à la maladie avec moins de données numériques. Elle fournira également un vocabulaire commun du domaine pour faciliter la communication entre les acteurs impliqués dans l'utilisation du système et une description explicite des connaissances du domaine du phénomène étudié (incluant les facteurs de risque et les connaissances sur les modèles de simulation numériques existants). Cette description favorisera un meilleur partage des connaissances entre les organismes intervenant dans le domaine et une meilleure interopérabilité entre les modèles de simulation numériques. Elle fournira une représentation formelle permettant une simulation qualitative sur ces descriptions afin de (i) effectuer des prédictions rapides, (ii) aider à l'interprétation de phénomènes observés ou des résultats des simulations numériques et (iii) assister la mise en œuvre de plans d'action.

6. Modélisation ontologique des connaissances de la veille

Le contenu de l'ontologie est guidé par ses objectifs. Dans le contexte de la veille épidémiologique, nos deux objectifs majeurs sont : (i) faciliter le travail collaboratif entre les différents acteurs, l'échange de données entre les organisations et la réalisation des simulations numériques, et (ii) planifier et superviser les processus de la veille et réaliser des simulations qualitatives comme une solution alternative aux contraintes liées à l'acquisition des données quantitatives ou la disponibilité de modèles numériques. La nécessité de modéliser conjointement les connaissances du domaine et les connaissances sur les processus nous conduit à organiser l'ontologie en deux modules correspondant aux connaissances du domaine et aux connaissances sur les processus [8] : (i) une ontologie de domaine qui fournit un vocabulaire, une représentation des connaissances du domaine incluant une description des modèles de simulation, et (ii) une ontologie des processus de la veille et de la propagation de la maladie.

Les ontologies proposées dans le cadre de cette application sont disponibles publiquement en ligne : https://github.com/gaoussoucamara/idoschisto. Certaines de ces ontologies sont conçues comme des ontologies noyau pour permettre leur réutilisation dans le contexte de la veille d'un autre type de maladie infectieuse telle que le paludisme.

7. Architecture d'un système de veille à base d'ontologies

L'architecture du système de veille que nous proposons est fondée sur les ontologies de la veille épidémiologique construites. Ces ontologies sont utilisées par le *« Gestionnaire des Requêtes et des Résultats de la Veille »* (GRRV) pour traiter les requêtes des utilisateurs. L'ontologie du sous-domaine de la veille est utilisée par le *Module de Simulation Quantitative* pour annoter les modèles numériques existants.

La surveillance permet de détecter des événements liés aux facteurs de risque de la maladie. Le GRRV récupère les requêtes d'analyse. Les requêtes sont traitées par simulation numérique (*Gestionnaire de Simulation Quantitative*) si les modèles et les données sont disponibles, sinon, par simulation qualitative (*Gestionnaire de Simulation Qualitative*). Si les modèles et leurs paramètres sont disponibles, le GRRV supervise la mise en œuvre des simulations numériques en assistant la sélection et la composition des modèles numériques adéquats. Une alerte est lancée en cas de risque de propagation de la maladie. Des décisions sont ensuite élaborées et évaluées par une approche quantitative ou qualitative pour anticiper sur les risques identifiés.

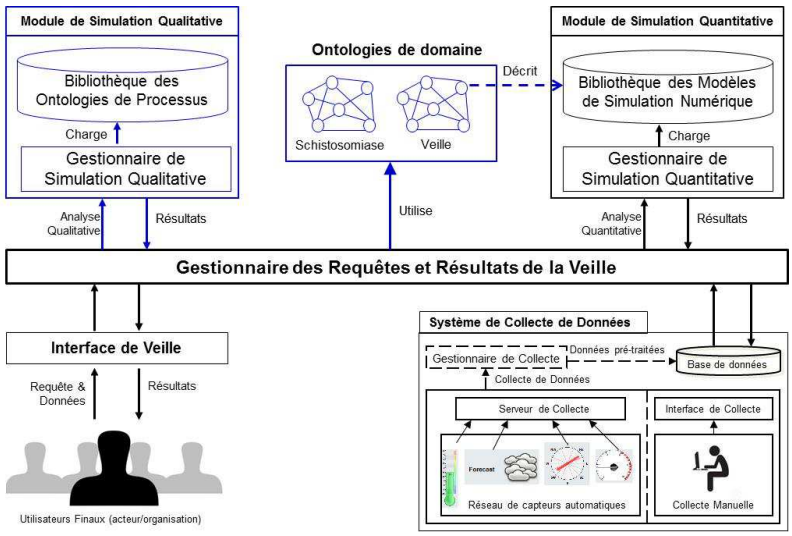


Figure 1 : Architecture du système de veille à base d'ontologies.

8. Limites et défis

Notre approche qualitative, bien que positionnée comme une solution alternative à l'acquisition difficile des données numériques, présente aussi quelques limites. En effet, il est nécessaire de déterminer les sources de ces données qualitatives. Elles peuvent provenir de personnes sentinelles désignées dans les localités surveillées pour transmettre ces données à partir de leurs téléphones à travers une application vers les serveurs de données. Elles peuvent également provenir des publications dans les réseaux sociaux, comme *twitter*, rapportant en temps réel des événements. Là encore, il est nécessaire de suivre des personnes sentinelles et/ou d'analyser les flux textuels pour déterminer les messages en rapport avec des événements constituant des facteurs de risque et qui ont été observés dans les localités surveillées. De même, à travers *facebook*, au-delà des partages de données multimédias comme les images, on peut remarquer que beaucoup d'utilisateurs rapportent également de façon instantanée des événements qu'ils partagent avec leurs amis et en les étiquetant (*tag*). Ces moyens de collecte sont prometteurs dans les pays en voie de développement avec la prolifération des *smartphones* et l'accès à l'internet mobile. Néanmoins, l'analyse textuelle de ces messages pour extraire les données qualitatives pertinentes est la clé de cette nouvelle approche d'estimation qualitative des risques liés à la schistosomiase. Il existe de nombreux travaux [9], [10] qu'il serait intéressant d'explorer. Mais le défi majeur réside dans la prise en compte des langues locales souvent très utilisées et leur mixage avec la langue officielle qui est le français et des langues étrangères comme l'anglais.

Par ailleurs, nous avons montré la variété des données nécessaires pour l'analyse du risque de propagation de la schistosomiase et la prise de décision. Cependant, ces données sont très peu structurées et difficilement accessibles. Une perspective de cet article serait de conduire un projet de « Linked Open Data » au Sénégal pour deux raisons : d'abord, promouvoir la standardisation des données des différents secteurs (santé, démographie, environnement, etc.), et ensuite, favoriser l'accès à des données liées au préalable pour des analyses plus pertinentes.

9. Conclusion

Cet article présente une nouvelle approche fondée sur les ontologies pour la mise en œuvre du processus de la veille épidémiologique. Elle s'inscrit dans la définition de la veille sanitaire actuelle [11] en permettant une démarche d'observation qualitative de l'état de santé des populations et de ses déterminants. Jusque-là la veille sanitaire reposait sur les approches de modélisation et de simulation numériques qui présentent certaines exigences de disponibilité de données numériques. Les ontologies dans les systèmes de santé prennent uniquement en compte les connaissances de domaine et les processus à l'échelle biologique et clinique. Les ontologies proposées dans ce travail

modélisent à la fois les connaissances du domaine de la maladie et le processus de sa propagation au niveau de la population (échelle épidémiologique) pour la réalisation de prédictions rapides par des simulations qualitatives et l'élaboration et la mise en œuvre des décisions.

Un premier prototype fondé sur l'architecture décrite dans ce papier est en cours d'implémentation. Néanmoins, la modélisation ontologique de la dynamique des systèmes complexes, telle que la propagation des maladies, reste très superficielle. La simulation qualitative donne l'ensemble des risques possibles mais ne précise pas leur probabilité d'apparaître. Il convient par conséquent de prendre des décisions optimisées prenant en compte cette incertitude mais aussi en limitant tous les risques possibles [12].

10. Références

[1] G. Camara, S. Despres, R. Djedidi, and M. Lo, "Modélisation ontologique de processus dans le domaine de la veille épidémiologique," in *Actes de la conférence RFIA 2012*, 2012.

[2] F. Buton, "De l'expertise scientifique à l'intelligence épidémiologique : l'activité de veille sanitaire," *Genèses 20064*, pp. p. 71–91, 2006.

[3] K. D. Forbus, "Qualitative Reasoning," in *The Computer Science and Engineering Handbook*, Allen B. Tucker, Ed. CRC Press, 1997, pp. 715–733.

[4] K. D. Forbus, "Qualitative Modeling," in *Handbook of Knowledge Representation*, F. van Harmelen, V. Lifschitz, and Bruce Porter, Eds. Elsevier, 2008.

[5] J.-L. Le Moigne, *La modélisation des systèmes complexes*. Paris: Dunod, 1990.

[6] A. Drogoul, J.-P. Treuil, and J.-D. Zucker, *Modélisation et simulation à base d'agents : Exemples commentés, outils informatiques et questions théoriques*. Paris: Dunod, 2008.

[7] R. Studer, V. Richard Benjamins, and D. Fensel, "Knowledge engineering: Principles and methods," *IEEE Trans. Data Knowl. Eng.*, vol. 25, pp. 161–197, 1998.

[8] A. Galton, "Experience and History : Processes and their Relation to Events," *J. Log. Comput.*, vol. 18, pp. 323–340, 2008.

[9] B. Klein, X. Laiseca, D. Casado-Mansilla, D. López-de-Ipiña, and A. P. Nespral, "Detection and Extracting of Emergency Knowledge from Twitter Streams," in *Ubiquitous Computing and Ambient Intelligence*, J. Bravo, D. López-de-Ipiña, and F. Moya, Eds. Springer Berlin Heidelberg, 2012, pp. 462–469.

[10] R. Steinberger, M. Ehrmann, J. Pajzs, M. Ebrahim, J. Steinberger, and M. Turchi, "Multilingual Media Monitoring and Text Analysis – Challenges for Highly Inflected Languages," in *Text, Speech, and Dialogue*, I. Habernal and V. Matoušek, Eds. Springer Berlin Heidelberg, 2013, pp. 22–33.

[11] C. Jacquelinet, E. Sauleau, P. Lévy, and H. Chaudet, "L'aide à la décision en santé publique," in *Informatique médicale, e-Santé*, Paris: Springer Paris, 2013, pp. 237–263.

[12] D. Berleant and B. J. Kuipers, "Qualitative and quantitative simulation: bridging the gap," *Artif. Intell.*, vol. 95, no. 2, pp. 215–255, Sep. 1997.

12ème Colloque Africain sur la Recherche en Informatique et Mathématiques.

Architecture d'un système de gestion des connaissances de la médecine traditionnelle : sysMEDTRAD

KOUAME Appoh[1], Moussa LO[2], Konan Marcellin BROU[1], BABRI Michel[1]

[1](Institut National Polytechnique Félix Houphouët Boigny de Yamoussoukro) (Côte d'Ivoire) (kgerappoh@gmail.com, konanmarcellin@yahoo.fr, michel.babri@inphb.edu.ci)

[2](Université Gaston Berger) (Sénégal) (moussa.Lo@ugb.edu.sn)

RÉSUMÉ

Ce papier présente l'architecture générale du système sysMEDTRAD, cadre d'échange et de collaboration des praticiens de la médecine traditionnelle dans une plateforme web social et sémantique (WIKI). Le corpus assorti des enquêtes, a permis de réaliser les modèles de données de base, devant servir à obtenir ontoMEDTRAD, une ontologie sur la médecine traditionnelle et composante maitresse de sysMEDTRAD. En général, le principe d'annotation et d'indexation est utilisé pour la recherche d'images à partir des concepts terminologiques. Ici, l'innovation est la possibilité inférentielle ajoutée par ontoMEDTRAD à l'effet de manipuler les concepts à partir des icônes sémantiques propres à la Médecine Traditionnelle.

ABSTRACT

In this paper we propose the architecture of sysMEDTRAD system, exchange global cadre in a semantic and social web platform (WIKI) for the practitioner of traditional medicine. The corpus obtained after study, allows us to make the conceptual models of data, which will be used for ontoMEDTRAD, an ontology for traditional medicine and essential component of the sysMEDTRAD. En general, the image research principle by annotation and indexation, takes criteria based on terminological concepts as the point of departure. The present scientific challenge consist on an inference used to manipulate terminological concepts of Traditional Medecine going from semantic images or icons in the same domain.

MOTS-CLÉS : ontologie, web sémantique, Médecine traditionnelle, wiki, Afrique de l'Ouest.

KEYWORDS: ontology, semantic web, traditional medicine, wiki, West Africa.

1. Introduction

Depuis la nuit des temps, face aux nombreuses maladies mortelles, les hommes ont eu à développer diverses pratiques de soins de santé. Sans cesse, ces pratiques ont évolué et donné lieu principalement à deux types de médecines : l'une traditionnelle et l'autre moderne. Les sources médicinales surtout en médecine traditionnelle (MT), sont des produits plus naturels et essentiellement d'origines végétale, animale, minérale et surnaturelle. Malgré les progrès notables de la médecine moderne (MM), force est de constater que la MT continue d'être utilisée par les populations. Sont plus concernés, les pays en développement, et surtout ceux d'Asie, d'Amérique du sud et d'Afrique. L'OMS [16] relève 80% de la population ouest africaine dans ce type d'utilisations. Le concept africain de la maladie se base essentiellement sur la sensibilité et la pensée consciente des adultes plus imprégnés d'animisme. La maladie reconnue comme un dérèglement d'une ou de plusieurs parties du corps humain, est selon les sociétés africaines, un déséquilibre qualitatif et quantitatif entre toutes les composantes de l'Homme [2].

En Afrique occidentale, les praticiens de la MT (PMT), travaillent sans une véritable communication entre eux. Aussi relevons-nous une absence totale de mécanismes et d'outils de préservation des connaissances et des expériences dans ce domaine? A leur mort, ces PMT disparaissent toujours avec les savoirs et les savoir-faire tacites et professionnels accumulés des décennies voire des siècles durant. A ce titre, leur créer un cadre d'échange, d'acceptation mutuelle, de collaboration constitue un challenge majeur. Ce cadre se veut un incubateur de capitalisation et de mutualisation durable du patrimoine formé de ces connaissances et expériences. C'est une mémoire organisationnelle [7], qui une fois réalisée, sera utilisée et enrichie par les principaux acteurs à savoir les PMT. Quant aux usages des autres notamment patients, chercheurs, médecins, enseignants et apprenants, différents paliers de restrictions sur l'enrichissement seront définis. Cependant, face à la dégradation de l'environnement général de la nature, que vaut la pérennisation de cette mémoire, abstraction des sources médicinales à quasiment 50 % végétales [1]. Ces ressources mémorisées auront plus de sens non seulement pour l'historique mais également pour la pratique des soins de santé, si le couvert végétal, le réel perçu et vivant, d'où est assorti le matériel brut du PMT, continue d'exister. En conséquence, ce couvert se doit d'être préservé et régénéré grâce à des mécanismes et techniques que notre mémoire devra inclure et valoriser. Nos travaux rentrent dans le cadre du projet [19] « Mise en place d'une plateforme web social et sémantique pour le partage des connaissances des communautés ouest-africaines ». L'activité en instance répond à un besoin de disposer d'un espace pratique de partage de connaissances dans cette région africaine et singulièrement pour les PMT. En s'appuyant sur les méthodes de l'ingénierie de la connaissance et les technologies derrière le web social et sémantique, nous proposons une solution appropriée. Prioritairement, il nous faut adresser le problème de l'attribution du sens aux représentations symboliques relatives aux concepts de la MT, compréhensibles ou interprétables par la machine. En somme, trois volets forment la

trame de notre réflexion : (**a**) construire une ontologie du domaine de la MT ; (**b**) créer une couche iconique ayant un sens propre à la MT; (**c**) utiliser la technologie support du web social et sémantique (WIKI) devant permettre aux PMT d'être assistés dans leurs tâches de guérisseur. Cette couche iconique vient à point nommé pour faciliter l'exploitation de la plateforme par les PMT très souvent analphabètes. Successivement, nous présentons le contexte, les objectifs de notre étude, un aperçu de **sysMEDTRAD,** système nouveau avec les concepts afférents qui le sous-tendent, les modèles de données pour l'ontologie future et enfin les travaux liés.

2. Contexte

Selon la définition officielle de l'OMS [16], « la MT se rapporte aux pratiques, méthodes, savoirs et croyances en matière de santé qui impliquent l'usage à des fins médicales de plantes, de parties d'animaux et de soigner, diagnostiquer et prévenir les maladies ou préserver la santé ». En Afrique de l'ouest, en matière de MT, le principal vecteur de transmission des connaissances, lorsqu'elles ne sont pas tenues par le secret, est l'oralité marquée d'une importance indubitable dans les us et coutumes. Manifestement, le trépas d'un PMT entraîne la disparition de toute la somme de ses expériences acquises.

Une politique nouvelle doit permettre de disposer dans ce domaine, d'une base de connaissances (BC) et d'expériences évolutive pour atténuer cette perte. C'est ce à quoi s'attelle notre travail par la création d'une mémoire collective de la MT, comme socle d'un héritage pour les générations nouvelles. Du secret à l'ouverture, du tacite à l'explicite, de la perte des connaissances à leur persistance du fait en partie du renouvellement et de l'enrichissement du fond organisationnel constitué, du caractère fortement propriétaire des informations et concepts à leur désincarnation [7], donnent de la voie à une souplesse infinie pour les habilités des acteurs en matière de réutilisation et de contribution. Nous parvenons ainsi à valoriser les savoirs et savoir-faire enfouis dans la MT pour la santé humaine. L'enrichissement ici, va assurément impliquer une croissance certaine des connaissances entre experts de la communauté des PMT.

La médecine conventionnelle (moderne, scientifique ou de haute technologie) n'est pas souvent accessible à toutes les couches de la population pour qui les coûts des soins de santé sont prohibitifs. En plus de ce fait, la réponse insuffisance apportée par la MM pour couvrir ces soins a entretenu une partie des populations à se fier à la MT. L'importance de la question relative à la santé se justifie par l'enjeu mondial qu'elle constitue. Trois (3) des huit (8) Objectifs du Millénaire pour le Développement, font référence directe à la santé [17], en l'occurrence : réduire la mortalité infantile ; améliorer la santé maternelle ; combattre le VIH/Sida, le paludisme et les autres maladies. Si 80 % des populations ouest africaines utilisent la MT pour leurs soins de santé primaires au regard de la pyramide sanitaire, en Asie, cette même catégorie de soins parmi ceux administrés, représente 40% [15]. Au fil du temps et selon les espaces, la MT revêt une forme de persistance et de transcendance. Loin de remplacer la MM, elle ne donne aucune impression de disparaître.

Le champ géographique de ce travail est la communauté ouest africaine formée de seize (16) pays à travers les régions départementales (villes et villages). Si la MM connaît une intégration accrue et fulgurante des Technologies de l'Information et la Communication (TIC) dans ses activités, la MT constitue un parent pauvre de leur emploi. Cette intégration est constamment amplifiée et supportée, par les services de l'Internet [10]. Notre travail propose le système **sysMEDTRAD** devant permettre aux PMT de disposer de services améliorés. Sa composante **ontoMEDTRAD**, mot valise contractant ontologie et MT, est fondé sur une approche d'ontologie de concepts terminologiques et visuels en environnement web social et sémantique.

3. sysMEDTRAD : un système de partage de connaissances pour la Médecine Traditionnelle

SysMEDTRAD est un système d'échange et de partage des connaissances, dont l'élément le plus important est **ontoMEDTRAD.** Il est sous forme d'une mémoire collective en vue de contribuer à l'amélioration des soins de santé primaires en matière de MT. Spécifiquement, cet objet se décline en trois composantes essentielles comme suit :

Au plan technique : rendre disponible un outil TIC d'aide aux PMT dans l'exercice quotidien de leurs tâches (ontologie de la MT et visuelle); établir un canal ou cadre d'échanges et de collaboration entre les PMT lettrés ou non, y compris le patient; co-construire et enrichir la BC avec le PMT.

Au plan fonctionnel : assister et aider les PMT dans leurs tâches quotidiennes via le nouvel outil TIC, web communautaire sémantique; contribuer à la formalisation de la Médecine associée [18] (cohabitation de la MT et la MM voire intégration de la MT dans les systèmes de santé nationaux); cultiver le réflexe de référence à une autre entité soignante (PMT ou praticien de la MM); contribuer à disposer d'un guide de bonnes pratiques (réglementation, contrôle du degré d'innocuité et de toxicité des plantes et recettes, …); contribuer au renforcement de la rigueur scientifique en MT ; favoriser la standardisation progressive d'un langage médical pour la MT (améliorer la compréhension consensuelle entre PMT) ; faciliter la diffusion des informations et leur exploitation au mieux.

Au niveau de la portée : pérenniser, capitaliser et mutualiser, partager et réutiliser les connaissances et expériences; contribuer à un coût de soins de santé accessible; diminuer à l'échelle la méfiance liée à la MT: PMT, professionnels de la MM, populations ; traiter les patients avec moins d'effets secondaires médicaux (vu que les produits utilisés sont plus naturels)[2]; améliorer et assainir la production (et l'efficacité) de la MT; sensibiliser à la préservation (culture) de la flore médicinale (50% des recettes sont à base de plantes [1]); faciliter l'apprentissage individuel ou collectif de la MT.

sysMEDRTAD comprend une ontologie de la MT via sa composante ontoMEDTRAD structuré en deux couches : l'une « terminologique » et l'autre « iconisée » (voir fig.1).

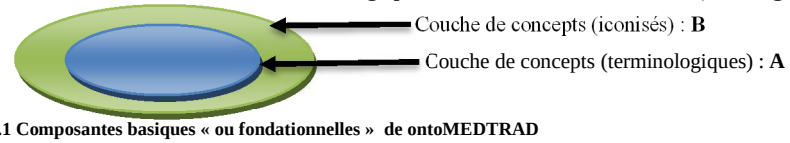


Fig.1 Composantes basiques « ou fondationnelles » de ontoMEDTRAD

En effet, les PMT étant pour la plupart analphabètes, l'utilisation d'une ontologie visuelle leur facilitera l'accès aux fonctionnalités du système **sysMEDRTAD**.

Selon fig.1, la couche **A** évoque l'ontologie de la MT via les concepts terminologiques et les relations sémantiques puis de composition et d'héritage entre eux. La couche **B** symbolise les icônes dénotant les concepts terminologiques relatifs à cette ontologie. La couverture et la correspondance des termes par les icônes sont progressives et donc non instantanées. **B** explicite l'approche d'ontologie visuelle illustrée par la figure 2 ci-après.

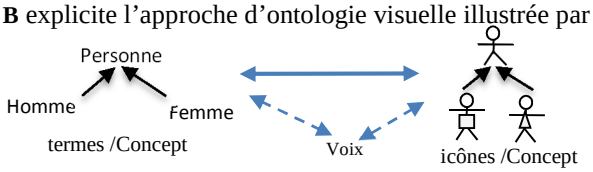


Fig. 2 Schéma de correspondance sémantique entre concept/termes et concept/ image iconiques

Plusieurs études ont relevé les grandes capacités de la vision humaine en termes d'analyse d'images [14]. Ainsi, l'icône affranchit les PMT de l'écrit et de la langue [11]. En une icône peuvent se nicher plusieurs messages ou mots. Il s'agit dans notre ontoMEDTRAD de disposer d'outils permettant aux PMT d'utiliser les icônes en correspondance aux concepts de la MT. La couche de termes devient alors transparente à ces derniers. Ceci est illustré à la figure fig.3 qui suit.

(**P**) <==> (**Q**) avec

(P) = **[**« icône » => « icône » **]** ; **(Q)** =**[** « icône » => « terme/concept» => « icône » **]**

Fig. 3 Principe de l'usage visuel de ontoMEDTRAD

Dans cette fig.3, nous voulons atteindre (**P**) en passant par (**Q)** à deux implications successives. La seconde implication de (**Q)** notamment **[«terme/concept» => « icône »]**, est réalisée par plusieurs travaux portant sur la recherche d'images à partir des concepts terminologiques via le principe d'annotation et d'indexation [6]. La première implication de (**Q**), **[« icône » => «terme/concept»]** constitue la problématique majeure. Il s'agit alors de se servir des icônes pour manipuler les concepts (termes). Ensuite, il nous faut définir le mécanisme permettant de joindre les deux techniques pour arriver à bout de notre attente. Une deuxième approche consiste à englober directement les deux implications. Dans ces deux approches, la sémantique des concepts terminologiques et des icônes ou pictogrammes en correspondance doit être maintenue.

Une ontologie de la MT, **ontoMEDTRAD**, comprenant une BC et cette dernière constituent à différents niveaux, une abstraction des sources médicinales, des maladies, des signes et symptômes, de traitements composés et contre-indications, d'associations de sources médicinales et contre associations, des principaux acteurs (experts PMT et les patients). La BC est partagée, utilisée et enrichie par ces acteurs à divers degrés d'implication. Les types d'échanges entre ces acteurs sont illustrés par la figure fig.4.

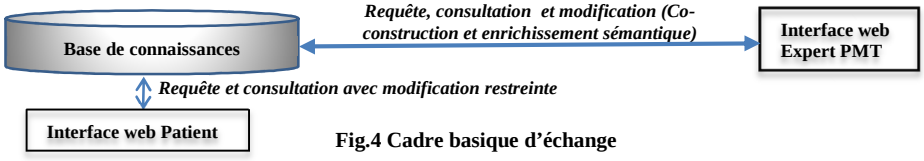


Fig.4 Cadre basique d'échange

NB : Le volet voix (à travers des langues ciblées des PMT) de fig.2 et les échanges entre patients de fig.4 sont en perspective et donc en marge de l'objet de l'actuel travail.

4. Architecture du sysMEDTRAD

Nous avons pu réaliser des enquêtes liminaires auprès des PMT et du facilitateur, responsable du Programme de la Promotion de la MT, démembrement du Ministère de la Santé et du Sida en Côte d'Ivoire. C'est ainsi que nous avons proposé les composantes architecturales de notre système **SysMEDTRAD** comme le présente la figure 5 suivante.

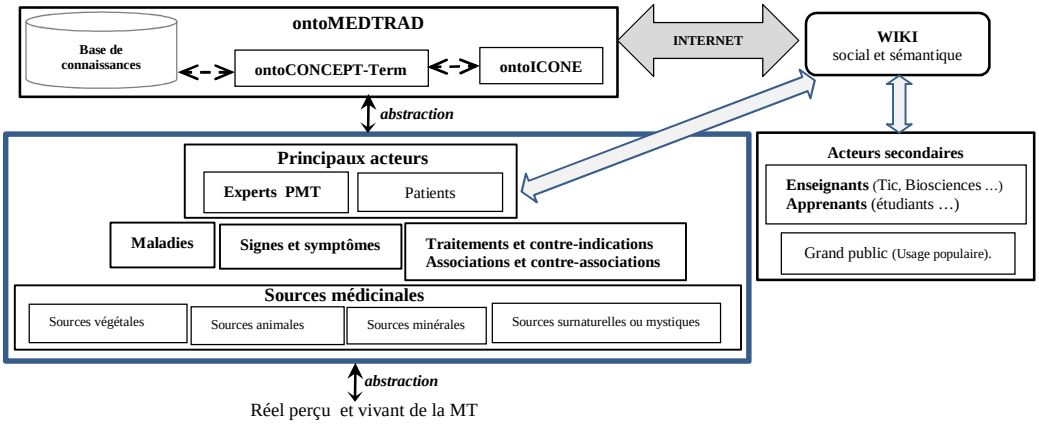


Fig.5 architecture de sysMEDTRAD

Formellement, les deux couches terminologique et iconisée de ontoMEDTRAD sont respectivement ontoCONCEPT-term et ontoICONE. ontoCONCEPT-term constitue proprement une ontologie de la MT. **ontoICONE** correspond à l'ensemble des icônes ou pictogrammes dénotant les concepts de cette ontologie. ontoCONCEPT-term est ainsi le noyau ou l'épine dorsale de **ontoMEDTRAD**. **ontoICONE** en constitue la composante secondaire se superposant à la couche ontoCONCEPT-term. L'accès au système par les acteurs est fait via les interfaces web du WIKI social et sémantique, supportées par **ontoICONE**. Sur cette base, nous avons réalisé des modèles conceptuels liminaires de données, qui ont permis d'amorcer la partie ontoCONCEPT-term. Ces modèles sont présentés dans la partie 8 (pré-modèles en appendices).

5. Travaux liés

Des travaux connexes à celui-ci sont réalisés. Nous les présentons très succinctement.

Au niveau de la MT : -SEIBOGA [5] permet d'identifier de façon iconique les plantes : -MEDITRAD [13], est un outil permettant de créer une BC sur les plantes médicinales et

certaines substances du Cameroun, sans support d'ontologie et sans icônes, destiné aux botanistes, pharmacologistes et agronomes... -MEDITRAD+[11], extension de MEDITRAD, est un système expert généré par Gexpert. Ici, un langage iconique permet aux PMT de faire des déductions. Les règles contiennent des symptômes et les conclusions sont les maladies. On y compte 134 faits, 66 règles. Les ontologies y sont inexistantes. -ATM (African Traditional Medicine) : l'un des travaux est basé sur une ontologie sur la MT des plantes (Cameroun et Guinée) avec un raisonnement visuel. Cette ontologie est non visuelle [4]. -Nathalie [12], quant à elle, présente une ontologie iconique (icOnto) où une icône est du type X (a, b) ; a et b étant respectivement le terme sémantique et l'image de X. Ces travaux n'utilisent pas de réseau web social sémantique. Armel [3] a réalisé un travail sur la MT (Cameroun) sans approche d'ontologie visuelle. [8] An Ontology for African Traditional Medicine (ATM) de Ghislain Atemezing a son objet focalisé sur la validation des connaissances de la MT à gérer par un système d'agents. Il n'aborde pas le fait que les PMT sont plus analphabètes.

Au niveau de la MM : selon la technologie utilisée pour le web sémantique, on a soit des thésauri, des taxinomies ou des ontologies pour la plupart des travaux. Les outils réalisés ne comprennent pas d'ontologie visuelle sauf le Projet « Monsieur VCM » où on a un langage iconique pour l'accès aux connaissances sur le médicament et le guide de bonnes pratiques cliniques. Une ontologie visuelle est amorcée sur la MM. Les aspects prégnants portent sur la facilité d'apprentissage et la vitesse de lecture [9][15] du praticien.

6. Conclusion

Après enquête auprès des PMT, nous avons pu, d'une part prendre conscience du volume imposant d'informations et même tacitement enfouies dans la MT, et d'autre part être plus au faîte de cet univers des connaissances afférent. La liste des travaux explorés ne saurait être exhaustive. La résultante du présent travail, est l'architecture de **sysMEDTRAD** comprenant l'**ontoMEDTRAD** à vocation d'ontologie visuelle. Un tel système, jusque-là inexistant, constituera un cadre d'échange et de collaboration avec une BC pour la MT, en environnement web sémantique et social. Ceci lève un point d'ombre sur la problématique de la perte des savoirs de la MT et de sa valorisation. L'étape de la conceptualisation suivie de celle de la modélisation des données sont amorcées (fig.6 et fig.7 en appendices), selon une méthode manuelle et semi-automatique (hybride), de construction d'ontologies. La construction d'ontoMeDtrad_term de **ontoMEDTRAD** est également amorcée sous Protégé 4.3. Un Wiki est déjà installé. sysMEDTRAD devra sans doute poser les jalons d'intégration d'une couche vocale et une extension à d'autres classes d'utilisations. On pourrait faire une extension dans d'autres domaines notamment sur les plans agricole, touristique, socioculturel, scolaire, économique etc. A ce titre, dire qu'une bonne santé exerce un ascendant sur toutes les activités de l'homme est juste. Elle constitue un préalable et un véritable levier pour le développement des communautés.

7. Bibliographie

[1]. AKE Assi L., 2011. Abrégé de Médecine et pharmacopée africaines, CI pp5-150

[2]. A.KONAN, 2012, Place de la médecine traditionnelle dans les soins de santé primaires, (Côte d'Ivoire), Université Toulouse III-Paul Sabatier, pp13-62

[3]. Armel A. et al, 2011, Towards a "Deep" Ontology for African Traditional Medicine, Département de Génie Informatique, IUT de Douala, Cameroun pp1-8

[4]. Bernard K.F a, n, G. Diallo, Clovis F., 2012, Conceptual graph-based knowledge representation for supporting reasoning in African traditional medicine, pp1-18

[5]. C. Frasson, F Housta, P Obenson, 1992, interface visuelle pour l'aide diagnostic en médecine traditionnelle, ICO vol 4, pp15-30

[6]. D. Rouquet, 2012, Multilinguisation d'ontologies dans le cadre de la recherche d'information translingue dans des collections d'images accompagnées de textes spontanés, Université de Grénoble, Thèse en Informatique. pp87-93

[7]. F.L. GANDON, 2008, Graphes RDF et leur manipulation pour la gestion de connaissances, Inria Nice –, pp40-55

[8]. Ghislain Atemezing et al, 2009, An Ontology for African Traditional Medicine (ATM), pp1-10

[9] Jean CHARLET et al, 2003, Web sémantique, pp49-57

[10]. Khalil M. et al, 2009, Télémédecine et radio-oncologie, État des connaissances, ETMIS, QUEBEC, pp 2-42

[11]. KONAN. M. B. et al, 2010, Un système expert pour la médecine traditionnelle pp1-8 ;

[12]. N. C. KUICHEU et al, 2012, Description Logic Based Icons Semantics: An Ontology for Icons, School of Computer and IT, University, China, PP1-4

[13]. L.P. FOSTO; 1996, MEDITRA ou Système auteur de création d'une base de connaissance en plantes médicinales et médecine africaine; cari 96, pp755-764

[14]. LAMY Jean-B, 2006, Conception et évaluation de méthodes de visualisation des connaissances médicales: Mise au point d'un langage graphique et application aux connaissances sur le médicament. pp15-150

[15]. LAMY JB et al, 2014, Validation de la sémantique d'un langage iconique médical à l'aide d'une ontologie : méthodes et applications, ic2014 pp1-12

[16]. 156 OMS, 2002, Stratégie de l'OMS pour la MT pour 2002-2005, Genève pp1, à (http://fr.wikipedia.org/wiki/M%C3%A9decine_traditionnelle) 02/14

[17]. ONU, OMD/MDG (http://www.un.org/fr/millenniumgoals/) 02/14

[18]. SANOU M., 2012, Développement d'une méthode de communication entre la médecine traditionnelle et la médecine conventionnelle dans la prise en charge de la douleur en odontologie, pp80-96

[19].Université Gaston Berger, SAT, 2012, Projet de « Mise en place d'une infrastructure socio-économique distribuée pour une approche de développement par la connaissance », http://www.unesco.org/new/fileadmin/MULTIMEDIA/HQ/ED/pdf/SenegalGastonBergerFR.pdf 02/14

9

8. Appendices

A- RTO : Ressources Terminologiques ou Ontologiques

En générale, dans le secteur de santé, les RTO portent essentiellement sur la MM. Ce sont : FMA Foundational Model of Anatomy ontology); CIM-10 : Classification des maladies et des problèmes de santé connexes (taxinomie); MeSH (Medical Subject Heading), un thesaurus; SNOMED CT : (Systematized NOmenclature of MEDicine Clinical Terms) est un thesaurus multilingual une ontologie basique; OBO : Open Biomedical Ontology (fondationnelle); UMLS (Unified Medical Language System), un métathesaurus; CISMeF : Catalogue et Index des Sites Médicaux Francophones.

B- Pré-modèles

Suite à la collecte de données et entretiens avec les PMT rencontrés à Abidjan (Côte d'Ivoire) et à Saint Louis (Sénégal), nous avons pu établir deux pré modèles (modèle 1 et complément du modèle 1). Ils doivent servir à construire notre ontologie finale. Le premier ci-après présenté est le pré-modèle de base et le second vient en complément. Ce premier modèle comprend les classes et leurs relations. Le complément donne une vue plus étendue du domaine de la MT. Ils sont successivement présentés ci-après.

10

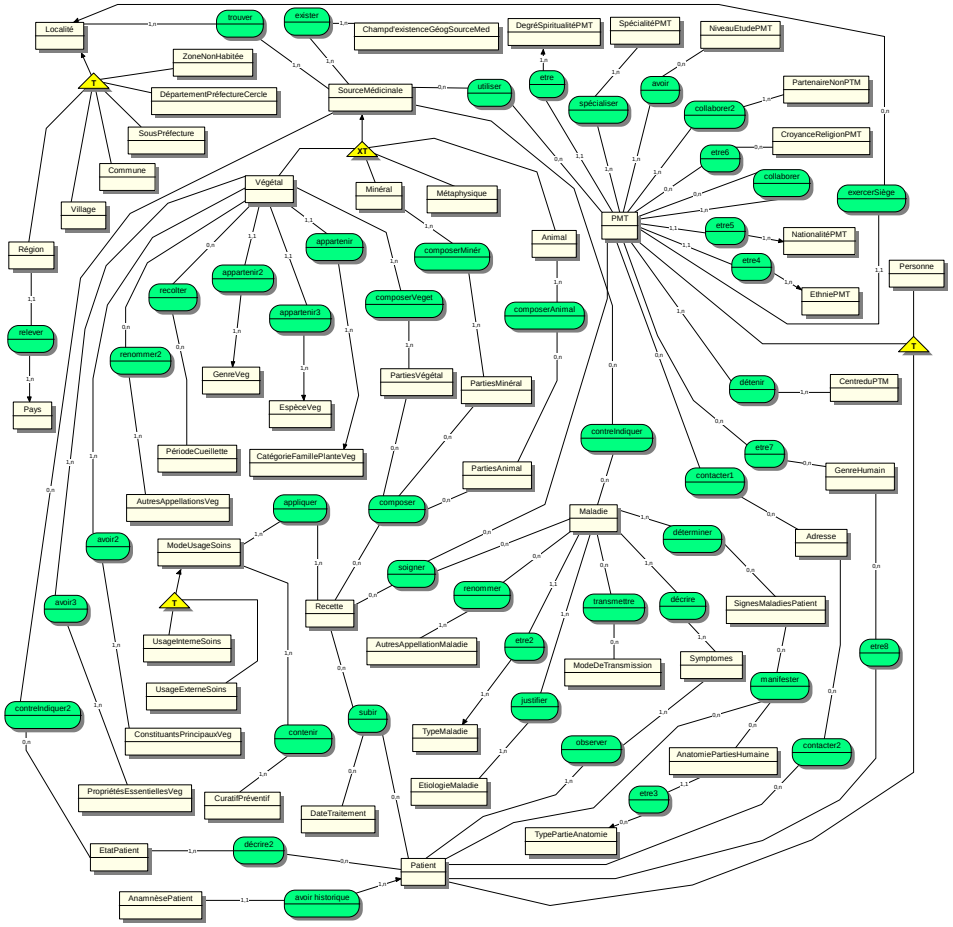


Fig.6 Modèle 1 (entité-association simple)

11

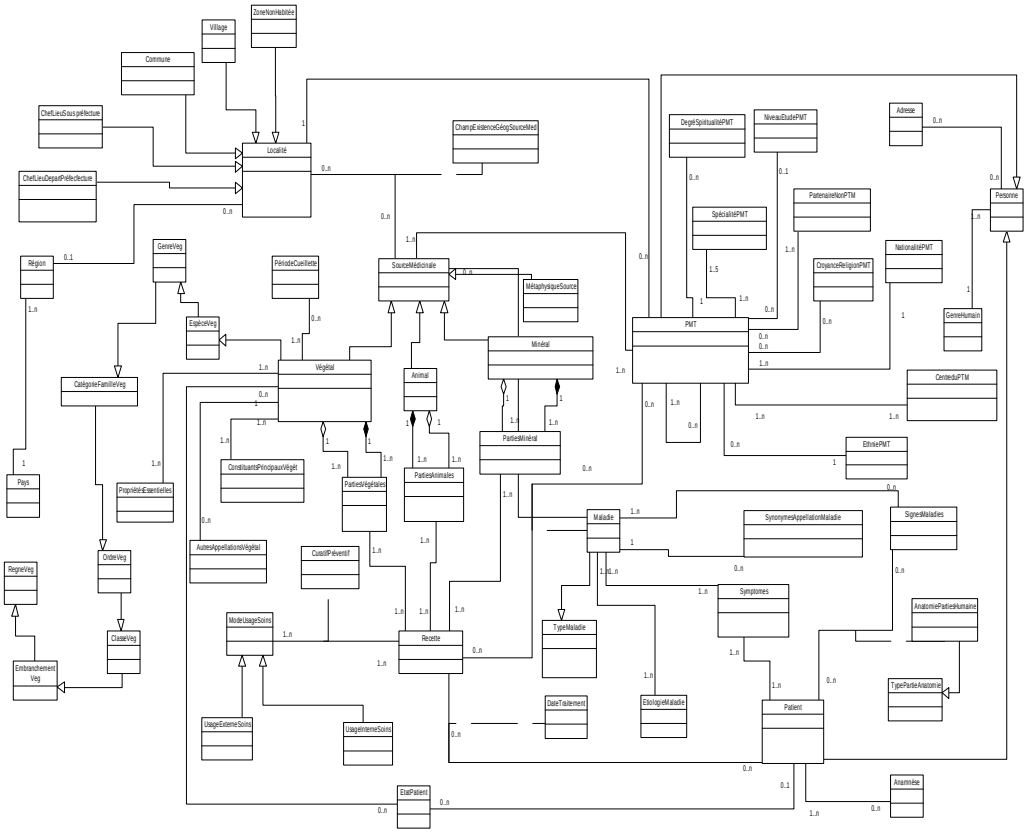


Fig.7 modèle 1 repris (classes simples)

12

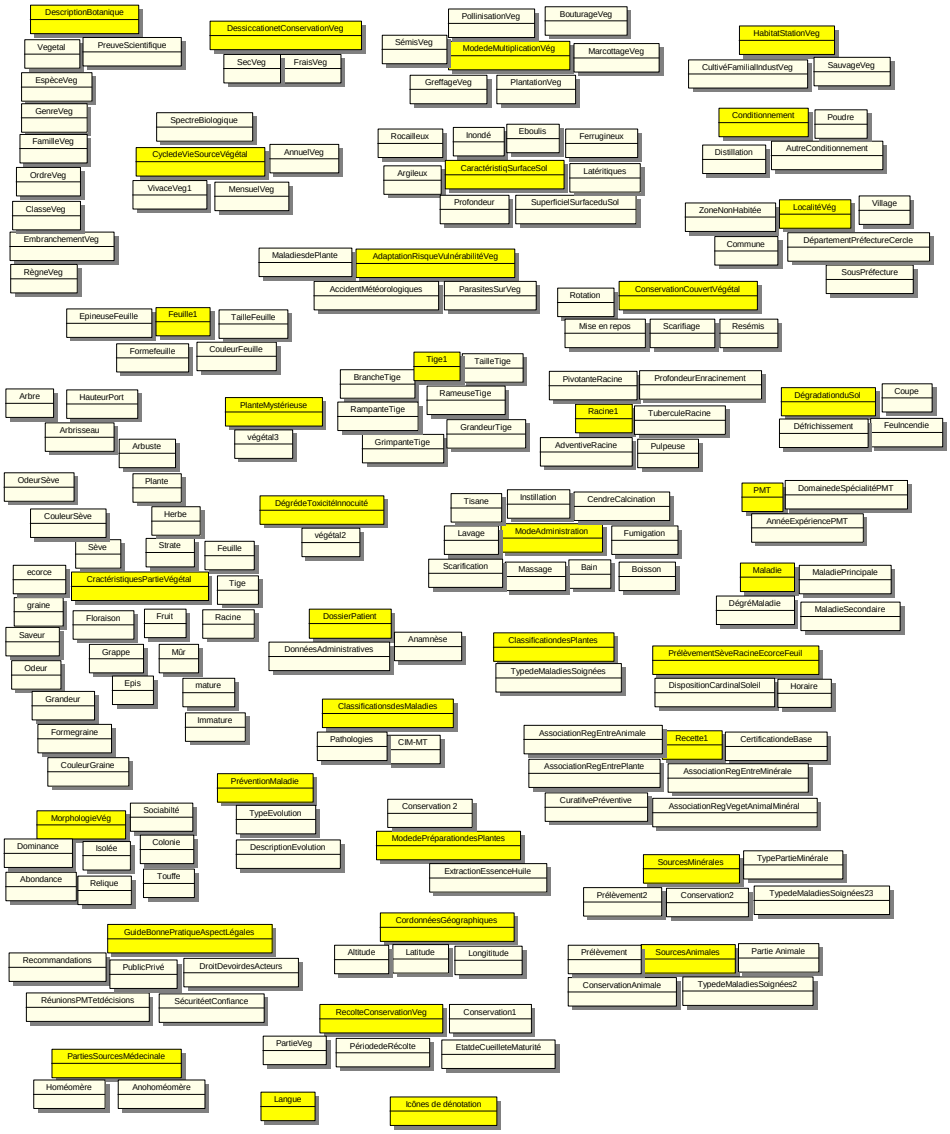


Fig.8 Complément du modèle 1