

Chapitre 2

Populations. Concurrence. Algorithmique distribuée

Nous poursuivons notre panorama de différents modèles de systèmes dynamiques continus, en nous focalisant maintenant sur des modèles faisant intervenir plusieurs agents, à priori plutôt en grand nombre, et donc avec potentiellement une certaine compétition ou une concurrence entre les agents.

Nous visons par là à montrer que l'abstraction continue est naturelle pour parler de populations d'individus, même si parfois ceux-ci, ainsi que leurs comportements sont intrinsèquement discrets (ou même stochastiques).

D'autre part, nous cherchons à montrer que les modèles de populations, ou de la théorie (évolutionnaire) des jeux sont pertinents et naturels pour comprendre l'informatique distribuée actuelle, en particulier lorsque le nombre d'agents devient grand, ou lorsque la topologie n'est pas connue autrement que par des arguments statistiques ou probabilistes.

2.1 Bio-informatique

2.1.1 Réseaux de régulations génétiques

Ne serait-ce que par le séquençage du génome humain et le déluge de données biologiques qui en découle, ou la compréhension récente de nombreuses voies biologiques, il est vital que les outils informatiques et mathématiques s'adaptent pour se montrer à la hauteur de toutes ces données.

Le domaine de ce qu'on appelle la bioinformatique a pris son essor récemment, et vise, par exemple, à identifier les gènes codés par l'ADN, comprendre la structure primaire, secondaire ou tertiaire des protéines, ou encore par exemple à comprendre le fonctionnement des systèmes biologiques.

En fait, sur ce dernier point, on peut aussi dire qu'un nouveau domaine de la biologie, la biologie des systèmes, est né [Kitano, 2001]. Alors que la biologie traditionnelle examine les gènes ou les protéines de façon isolée, la biologie des systèmes étudie de façon simultanée l'interaction de nombreux agents, pour tenter d'expliquer le fonctionnement global du système biologique [Kitano, 2001]. Les réseaux de régulations génétiques, ou plus généralement les réseaux biologiques d'interactions visent ainsi à modéliser, comprendre, les interactions entre les agents impliqués dans différents mécanismes biologiques ou biochimiques. Ces agents peuvent être l'ADN, l'ARN, des protéines, ou encore des molécules lors de phénomènes biochimiques.

2.1.2 Calculs distribués

Comme cela est argumenté par exemple dans [Alur et al., 2001], les circuits génétiques et les réseaux biomoléculaires partagent beaucoup de caractéristiques avec les systèmes informatiques distribués, ou embarqués.

En particulier, au plan intracellulaire, les agents précédents communiquent d'une certaine façon entre eux, en s'influençant l'un et l'autre, comme les noeuds d'un système distribué communiquent et s'influencent. Au plan intercellulaire, certaines communications existent aussi.

La description de l'état d'un système à un instant donné correspond à se donner des caractéristiques comme la concentration de chacune des espèces, ou la probabilité d'être dans tel état. La dynamique est alors souvent décrite en termes ces quantités par certaines équations différentielles [Gibson and Mjolsness, 2000], [de Jong, 2002].

Par la présence de non-linéarités dans la plupart des systèmes considérés, ces dynamiques sont souvent sujettes à des transitions discrètes entre phases continues. D'une certaine façon, ces transitions peuvent être vues comme des changements de phases des agents, comme les agents d'un système distribué peuvent changer d'état en fonction de l'état de leurs proches voisins.

Les modèles considérés sont donc proches des modèles des systèmes distribués actuels, en particulier des systèmes hybrides. Comme cela est mentionné par exemple dans [Alur et al., 2001], [Lincoln and Tiwari, 2004], [Batt et al., 2005], cela ouvre la voie à l'utilisation de méthodes formelles pour la preuve de propriétés sur ces systèmes.

Cependant, par rapport aux problèmes classiques en vérification, où le programme des agents impliqués est fixé et où l'on cherche à déterminer la validité d'une propriété, ici le problème est souvent au niveau de comprendre ou de construire le programme des agents impliqués. De ce point de vue, les méthodes formelles peuvent aider, en écartant les mauvais modèles. C'est pour cela par exemple que les approches symboliques s'avèrent ainsi complètement pertinentes [Batt et al., 2006] pour l'aide à l'analyse de systèmes. On est en fait plus proche du problème de la synthèse de systèmes, que de la vérification de systèmes, pour utiliser la terminologie de la vérification des systèmes continus et hybrides.

2.1.3 Niveaux de description

Au niveau des modèles utilisés pour décrire la dynamique des systèmes, en suivant la classification de [Gibson and Mjolsness, 2000], on peut distinguer les modèles

1. discrets
2. continus
3. stochastiques

Cette classification est grossière, et il existe des approches hybrides intermédiaires entre chacune des classes [Gibson and Mjolsness, 2000], [de Jong, 2002]. On trouvera un très joli et clair panorama de tous les modèles utilisés pour les réseaux de régulations génétiques dans [de Jong, 2002].

Le passage d'une classe à la suivante correspond à une compréhension et modélisation croissante du système. Intrinsèquement les systèmes sont stochastiques. Cependant, l'approche stochastique est souvent difficile à étudier, et l'on y préfère l'approche continue, ou encore l'approche discrète lorsque cette dernière reste difficilement traitable [Gibson and Mjolsness, 2000], [de Jong, 2002].

Focalisons nous sur l'approche continue au sens de la classification précédente [Gibson and Mjolsness, 2000] : les systèmes sont décrits par des équations différentielles sur des quantités comme des concentrations.

Avant d'en parler, faisons juste observer que l'approche stochastique, correspond aussi à des équations différentielles : l'approche stochastique correspond souvent (voir [Gibson and Mjolsness, 2000], [de Jong, 2002]) à utiliser la technique de l'équation maîtresse [Gillespie, 1977], c'est-à-dire à parler de lois de probabilités, et à décrire l'évolution de ces lois de probabilités aussi par des équations différentielles.

2.1.4 Modèles par dynamiques continues

Si nous mettons de côté la question (difficile) de comment nos amis biologistes ou biochimistes arrivent à déterminer les réseaux logiques d'interactions entre tous ces agents, et le problème hautement non-trivial de l'estimation de tous les paramètres quantitatifs impliqués, à un réseau logique d'interactions, on peut associer la dynamique résultante sur les agents, de façon relativement simple.

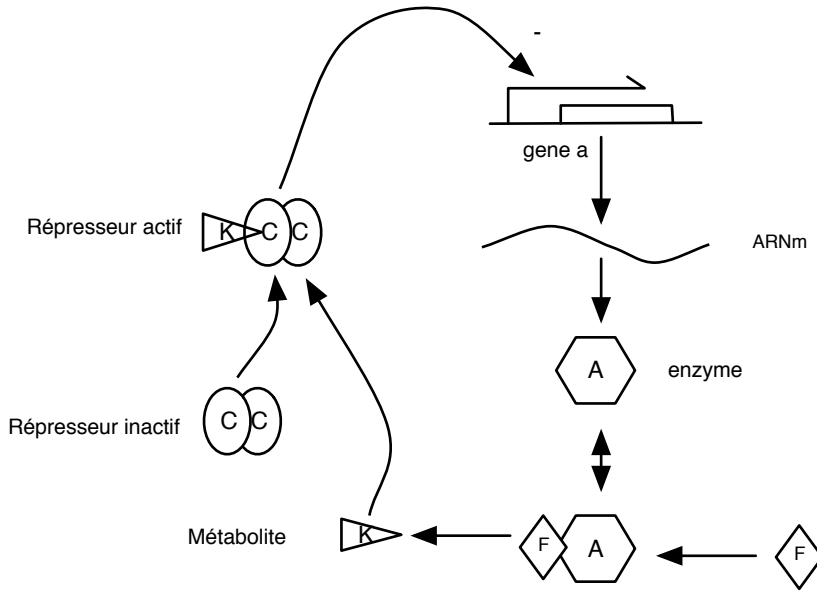


FIG. 2.1 – Exemple de réseau de régulations génétiques impliquant une inhibition produit terminale. Exemple tiré de [de Jong, 2002], adapté de [Goodwin, 1963], [Goodwin, 1965].

Par exemple, au réseau d’interactions de la figure 2.1 (exemple tiré de l’article [de Jong, 2002], adapté de [Goodwin, 1963], [Goodwin, 1965]), on peut associer une dynamique donnée par

$$\begin{cases} x'_1 &= k_1 r(x_3) - \gamma_1 x_1 \\ x'_2 &= k_2 x_1 - \gamma_2 x_2 \\ x'_3 &= k_3 x_2 - \gamma_3 x_3 \end{cases} \quad (2.1)$$

où x_1, x_2, x_3 représentent respectivement les concentrations de l’ARNm a , la protéine A , et du métabolite K . Ici $k_1, k_2, k_3, \gamma_1, \gamma_2, \gamma_3$ sont des constantes, $r : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction décroissante non-linéaire à valeur entre 0 vers 1.

Le passage de la description du réseau à la dynamique n’est pas réellement la partie problématique. D’une certaine façon, la description du réseau est un “programme” d’un système dynamique, et la “compilation” vers un système dynamique n’est pas la partie difficile.

Une vraie difficulté est de décrire ce réseau, i.e. de déterminer le “programme”. C’est le problème majeur pour nos amis les biologistes. Pour les informaticiens, un problème majeur est de faire quelque chose du système dynamique obtenu. En effet, lorsque le nombre d’agents devient grand, le système dynamique obtenu devient intraitable, que ce soit pour en faire une simulation, ou toute analyse qualitative ou quantitative. Le nombre de variables est tout simplement trop grand, et la dynamique trop complexe, le nombre d’indéterminations sur les constantes impliquées trop grand pour réellement en faire quelque chose.

Cela est une des raisons des différentes approches pour simplifier ces dynamiques, comme par exemple le remplacement de fonctions non-linéaires par des fonctions linéaires par morceaux [Lincoln and Tiwari, 2004], la simplification de la dynamique en une dynamique affine par morceaux [Ghosh and Tomlin, 2001], éventuellement symboliques [Batt et al., 2006], l’utilisation de modèles plus simples que les systèmes dynamiques à temps continu [de Jong, 2002], etc. . .

Il est fascinant de voir comment ces modèles de régulations génétiques correspondent à des descriptions logiques de systèmes intrinsèquement continus, et qu’il sera peut être un jour possible de passer de l’étape de compréhension des fonctions, à l’étape utilisation de ces fonctions pour la programmation de fonctions

biologiques, plutôt que l'explication de fonctions biologiques.

2.2 Modèles de populations

Les modèles de la biologie des populations visent à décrire la dynamique des populations. Faisons une rapide présentation de certains de ces modèles, en nous inspirant essentiellement de [Murray, 2002], et quelques considérations de [Hirsch et al., 2003] sur le cas à espèce unique.

2.2.1 Modèles à une espèce

Avant de parler de plusieurs espèces d'individus en interactions, il nous est indispensable de discuter comment croît naturellement une population constituée d'un seul type d'individus.

Le modèle le plus simple consiste à supposer que le taux de croissance de la population (i.e. x'/x) est constant, on obtient l'équation

$$x' = x\lambda. \quad (2.2)$$

C'est le modèle proposé par Malthus en 1798. Cependant, dès que $\lambda > 0$, la population croît sans limites, ce qui n'est pas très raisonnable.

Il est alors plus naturel de supposer que l'environnement à une capacité limitée N , et que lorsque le nombre d'individu est supérieur à cette capacité limite, la mortalité l'emporte sur la natalité.

C'est la version continue du *modèle logistique* de Verhulst en 1838 (rappelons que la version discrète a été discutée dans le chapitre précédent).

$$x' = \lambda x(1 - x/N). \quad (2.3)$$

La population tend asymptotiquement vers N . Nous renverrons notre lecteur à [Murray, 2002] pour la preuve expérimentale de la validité de ce modèle, en relation avec de vraies données issues de la biologie.

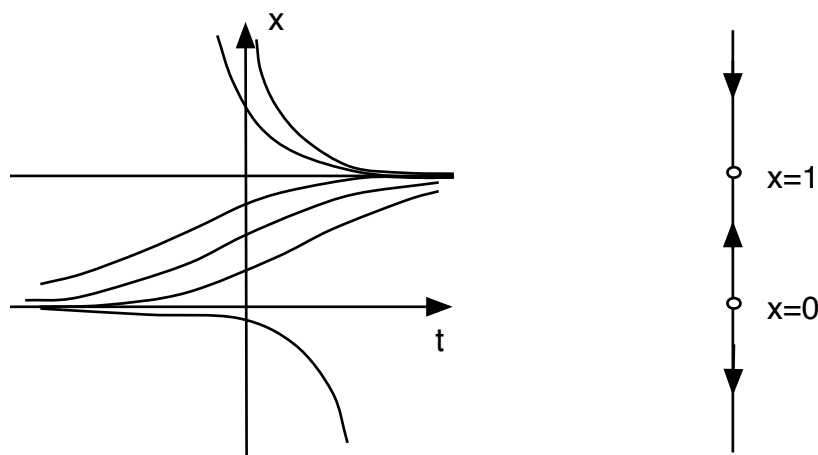


FIG. 2.2 – A gauche : quelques trajectoires de $x' = x(1 - x)$. A droite : ligne de phase.

2.2.2 Présence de chasseurs

Posons $N = 1$. Supposons qu'un adversaire (par exemple un chasseur) tue les individus avec un taux h . On obtient l'équation

$$x' = x(1 - x) - h. \quad (2.4)$$

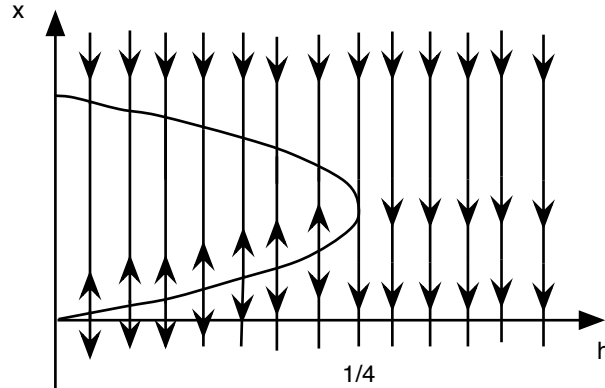


FIG. 2.3 – Diagramme de bifurcation de $x' = x(1 - x) - h$.

Comme observé dans [Hirsch et al., 2003], il se produit un phénomène de bifurcation : pour $0 < h < 1/4$, si la population est en dessous d'un certain seuil elle n'est pas suffisamment nombreuse pour se reproduire. Dès que ce seuil est dépassé, elle converge vers une population limite. Pour $1/4 \leq h$, la population disparaît ultimement.

On observe donc un passage abrupt, à $h = 1/4$ entre une dynamique où la population subsiste, à la disparition complète de la population. Ce type de phénomène de bifurcations est souvent discuté pour la modélisation de phénomènes de disparitions soudaine d'espèces en biologie, comme la catastrophe écologique qui a résulté de l'introduction de la perche du Nil dans le lac Victoria dans les années 1960 discutée dans [Murray, 2002]. Nous renvoyons notre lecteur à [Murray, 2002] pour d'autres exemples de tels phénomènes.

2.2.3 Phénomènes saisonniers

Continuons l'exercice de modélisation, comme dans [Hirsch et al., 2003]. Il est raisonnable de supposer que la chasse est un phénomène saisonnier. Le modèle devient par exemple

$$x' = x(1 - x) - h(1 + \sin(2\pi t)). \quad (2.5)$$

Le système possède toujours un phénomène de bifurcation avec disparition de la population pour h plus grand qu'un certain seuil. En dessous de ce seuil, il y a apparition de trajectoires closes périodiques, avec une trajectoire périodique attractive, et une trajectoire périodique répulsive [Hirsch et al., 2003] : voir la figure 2.4.

En d'autres termes, la présence de saisons introduit des oscillations.

2.2.4 Phénomènes spatiaux

Supposons maintenant que l'on veuille modéliser le fait que la population n'est pas homogène, et se déplace naturellement.

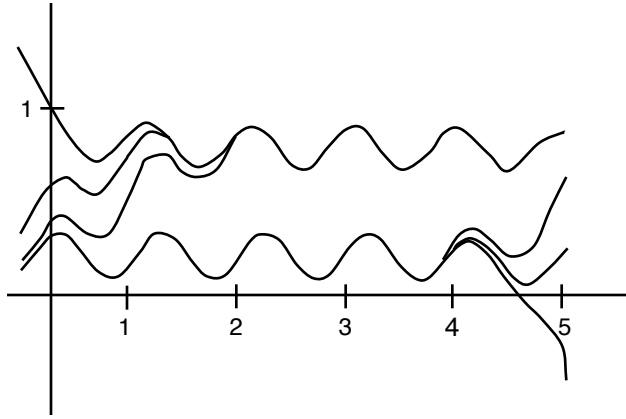


FIG. 2.4 – Quelques solutions de $x' = 5x(1 - x) - 0.8(1 + \sin(2\pi t))$.

En suivant les arguments classiques, repris par exemple dans l'excellent ouvrage [Murray, 2002], cela correspond à remplacer l'équation différentielle ordinaire précédente $u' = f(u)$ par une équation aux dérivées partielles, avec un terme de diffusion, pour devenir

$$\frac{\delta u}{\delta t} = f(u) + D \frac{\delta^2 u}{\delta u^2}. \quad (2.6)$$

Le système se met à posséder des solutions qui correspondent à des vagues qui se propagent : la population se déplace à une certaine vitesse. Nous renvoyons à [Murray, 2002], [Murray, 2003] pour de très intéressantes discussions sur les phénomènes spatiaux, et leur pendant expérimental observé sur de vraies données.

2.2.5 Modèles à plusieurs espèces

Oublions maintenant les effets spatiaux ou saisonniers, et les chasseurs, et supposons maintenant qu'il y ait deux types d'espèces : une population de prédateurs dénotée par y et une population de proies dénotée par x . Supposons que la population de proies soit la seule nourriture disponible pour les prédateurs, Supposons qu'en l'absence de prédateurs, i.e. quand $y = 0$, les proies croissent selon $x' = ax$. Lorsque des prédateurs sont présents, la population de proies décroît avec un taux proportionnel au nombre de prédateurs proies rencontrés. Le modèle le plus simple pour cela est une décroissance du taux de croissance d'un facteur $-bxy$. Faisons les hypothèses opposées pour les prédateurs. En l'absence de proies, ils décroissent avec un taux $-c$. En présence de proies, ils croissent à un taux proportionnel au nombre de prédateurs proies rencontrés.

On obtient le système suivant

$$\begin{cases} x' &= x(a - by) \\ y' &= y(-c + dx). \end{cases} \quad (2.7)$$

C'est précisément le modèle proposé par Volterra [Volterra, 1931], déjà discuté précédemment. Qu'il corresponde au modèle de Lotka [Lotka, 1920], motivée par la chimie, n'est pas si étonnant : discuter de population d'individus, ou de molécules est, au niveau de modèles, assez équivalent, nous y reviendrons.

Le système possède donc des trajectoires closes, qui correspondent aux courbes de niveau d'une certaine fonction H .

Plus généralement, les dynamiques de population, dans le cas général de deux populations, mènent à des dynamiques du type

$$\begin{cases} x' &= M(x, y)x \\ y' &= N(x, y)y. \end{cases} \quad (2.8)$$

où M et N sont des fonctions des deux variables.

Nous laisserons à notre lecteur le soin de deviner le cas de n populations en interactions. Par exemple, l'équation de Lotka-Volterra n -dimensionnelle est un système d'équations du type

$$x'_i = x_i(b_i - \sum_j a_{i,j}N_j). \quad (2.9)$$

2.3 Modèles de la virologie

2.3.1 En biologie

Les modèles de diffusions d'épidémies en biologie sont aussi des modèles de populations particuliers.

Par exemple, le modèle SIR découpe la population d'individus en trois types d'individus. Les individus S , pour susceptibles d'être infectés, I pour infectés, R pour guéris. Il porte le nom de SIR puisqu'un individu susceptible peut devenir infecté, puis un infecté peut devenir guéri. Le modèle $SIRS$ est sur le même principe, si ce n'est qu'on ajoute le fait qu'un individu guéri peut redevenir susceptible, et ainsi de suite pour différents acronymes de modèles comme SIS où un susceptible peut devenir guéri, et un guéri susceptible.

On trouvera un panorama des modèles dans le survol [Hethcote, 2000], ou dans la monographie [Murray, 2002].

Si l'on suppose qu'on a affaire à une maladie comme la malaria où les gens guéris ne peuvent pas retomber malade, on est dans le cas SIR , et on obtient le modèle

$$\begin{cases} S' &= -\beta SI \\ I' &= \beta SI - \nu I \\ R' &= \nu I. \end{cases} \quad (2.10)$$

où S, I, R désignent le nombre d'individus dans chaque population, avec $S' + I' + R' = 0$, i.e. une population constante.

Cette façon de formaliser avec des acronymes S, I, R est parfois appelée le modèle de Kermack-McKendrick. Le modèle SIR a été proposé historiquement pour expliquer la diffusion de la peste à Londres en 1665-1666, à Bombay en 1906, ou du choléra à Londres en 1865.

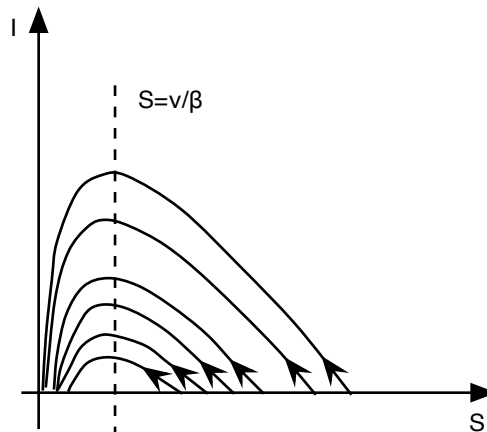


FIG. 2.5 – Portrait de phase du modèle SIR

Une étude mathématique simple du modèle montre que le paramètre important est le *seuil épidémique* donné par $R = \beta S/\gamma$. Si ce seuil est strictement inférieur à 1, l'infection finira par disparaître. S'il est strictement supérieur à 1, l'infection va se répandre sans limites.

Si l'on considère des maladies ou l'on peut retomber malade, on obtient le modèle *SIRS*, dont la dynamique est similaire en introduisant une nouvelle constante modélisant l'intensité des passages de l'état R vers l'état S : voir [Murray, 2002], [Hethcote, 2000].

Les maladies encore plus complexes, comme le SIDA, où il y a des états comme la séropositivité, mène à des modèles plus complexes, mais toujours selon le même principe, avec un nombre de classes plus grand : voir [Murray, 2002], [Hethcote, 2000].

2.3.2 En informatique

En informatique, la modélisation de la diffusion épidémique des virus informatiques se base essentiellement sur les mêmes modèles, au détail près qu'il semble nécessaire de prendre en compte la dynamique de protection résultante d'une infection, ou les phénomènes de surinfection (saturation du système par le virus lui-même) non présents en biologie.

Parmi les premiers modèles, il y a [Kephart and White, 1991], qui illustre bien que pour parler de propagation de virus, comme dans les modèles classiques de populations, le principe est d'abstraire des individus pour parler de proportions.

Cet article qui fait intervenir la topologie du réseau en la supposant probabiliste selon une certaine loi, montre ainsi clairement que choisir un graphe sous-jacent aléatoire revient à abstraire les interactions en termes de probabilités qu'un individu d'un type donné infecte un individu d'un autre type. Au final, l'article retombe sur le modèle *SIS* de virologie en biologie lorsque les graphes sont de degré moyen constant. Des simulations sont faites pour comprendre ce qui se passe sur des familles de graphes plus proches des graphes rencontrés en pratique sur les réseaux.

Le modèle *SIS* est assez critiquable en virologie informatique, car une fois infecté, et un antivirus administré, un programme ne redeviendra pas malade du même virus. Le modèle *SIR* plus haut est donc nettement plus pertinent. L'article [Staniford et al., 2002] modélise ainsi la diffusion du code rouge I par le modèle logistique à temps continu.

Le modèle est ensuite étendu légèrement dans [Zou et al., 2002] pour introduire un modèle à deux facteurs, permettant de modéliser le principe que le taux d'infection β décroît en réalité avec le temps, puisque le nombre de contre-mesures ou de protections fait que les gens ont tendance à se protéger. Cela revient d'une certaine façon à considérer un modèle *SIRQ*, où Q désigne des individus, avec une dynamique du type

$$\begin{cases} S' &= -\beta(t)SI - \mu SJ \\ I' &= \beta(t)SI - \nu I \\ R' &= \nu I \\ Q' &= \mu SJ \\ \beta(t) &= \beta_0(1 - I/(S + I + R + Q))^\alpha. \end{cases} \quad (2.11)$$

En prenant en compte la structure hiérarchique de l'Internet, en systèmes autonomes (AS), les auteurs de [Serazzi and Zanero, 2003] proposent un modèle compartimenté. Si on note a_i la proportion d'hôtes infectés dans l'AS numéro i , et N_i le nombre d'hôtes susceptibles dans cette AS, on obtient une dynamique du type

$$a'_i = \left(\sum_{j=1}^n N_j a_j \right) (1 - a_i) K / N, \quad (2.12)$$

où K est une constante.

En fait, dans ce modèle, si on pose $a = (\sum_{j=1}^n N_j a_j) / N$, on obtient

$$\begin{cases} a' &= aK(1 - a) \\ a'_i &= a(1 - a_i)K, \end{cases} \quad (2.13)$$

et donc, a suit un modèle logistique. Chacun des a_i est une dynamique indépendante convergente vers la valeur limite 1 de a .

Le modèle est ensuite étendu dans [Serazzi and Zanero, 2003] pour prendre en compte la saturation de la bande passante du réseau, lors de la contamination.

Citons quelques alternatives. L'article [Zou et al., 2003] tente d'étudier un modèle probabiliste de la diffusion de virus par Email, en se basant sur des lois observées en pratique sur la topologie des réseaux sous-jacents, des temps de lectures des mails, etc... L'étude relève plutôt de la simulation, que de modèles analytiques. L'article [Chen et al., 2003] présente un modèle discret de la transmission de vers. Ici encore l'étude relève plutôt de la simulation que de modèles analytiques. D'autre part, plusieurs des hypothèses derrière le modèle, en particulier l'intérêt de discrétiser, semblent discutables : cela est critiqué explicitement par exemple dans [Serazzi and Zanero, 2003].

2.3.3 Phénomènes spatiaux

Dans tous les modèles qui précèdent, la modélisation des phénomènes spatiaux conduit, selon les arguments classiques, à l'ajout d'un terme de diffusion à chacune des équations de dynamique : voir [Murray, 2002], [Murray, 2003].

Cela est en fait vrai dans tous les modèles qui précèdent, que ce soit des modèles de biologie des populations ou de virologie, même si cela n'a pas été fait explicitement à notre connaissance dans le domaine de la virologie informatique.

À ce moment encore, il est très instructif d'observer les phénomènes spatiaux de vagues d'infection qui se propagent, à la fois dans les modèles et dans les données expérimentales : voir [Murray, 2002], [Murray, 2003] pour la biologie. Le volume [Murray, 2003] est consacré entièrement aux phénomènes spatiaux en biologie.

2.4 Modèles de la théorie des jeux

2.4.1 Introduction à la théorie des jeux

La théorie des jeux est une des façons de modéliser les situations de concurrence. Elle vise à prédire vers quelle(s) situation(s) doivent se placer un ensemble de partenaires rationnels en situation de concurrence. Nous renvoyons notre lecteur à la référence classique [Osbourne and Rubinstein, 1994] pour une présentation en anglais, ou à [Binmore, 1999] en français.

On peut faire remonter certaines de ses idées au 18ième siècle, mais le développement principal de la théorie remonte dans les années 1920 avec les travaux d'Emile Borel et de John von Neumann. Un événement décisif a été la publication du livre [von Neumann and Morgenstern, 1944] en 1944 par John von Neumann et Oskar Morgenstern, qui a fixé la terminologie et la présentation des problèmes encore utilisées à ce jour. À cette époque, l'attention était essentiellement sur les jeux à somme nulle, à deux joueurs. Une certaine attention était portée sur les jeux coopératifs, mais les jeux non coopératifs étaient largement ignorés.

Dans les années 50, John Nash prouvait dans [Nash, 1950] que tout jeu possède une situation d'équilibre mixte, dite *d'équilibre de Nash*, dans laquelle aucun joueur n'a intérêt unilatéral de s'écarter. Ce concept majeur d'équilibre pour les jeux a été un point central de la plupart de ses développements depuis lors. L'attention est maintenant essentiellement sur les jeux non coopératifs.

La théorie des jeux a commencé dans ces années à être utilisée en économie et en sciences politiques, mais c'est seulement vers les années 1970 qu'elle a réellement provoqué une révolution en économie. Elle a aussi de nombreuses applications en biologie, sociologie et psychologie. Les économistes restent parmi les plus gros utilisateurs de ses concepts.

La reconnaissance de l'intérêt pour l'économie des apports de la théorie des jeux est attestée par l'attribution de plusieurs prix Nobel : prix Nobel d'économie en 1994 à John Nash, John Harsanyi et Reinhard Selten ; celui de 2005 à Thomas Schelling et à Robert Aumann.

Une autre attestation de sa reconnaissance a été l'enrôlement de théoriciens des jeux éminents pour la conception des enchères pour l'attribution des fréquences du spectre électromagnétique aux USA dans les années 1990 : voir [McMillan, 1994].

La théorie algorithmique des jeux, qui connaît un certain essor depuis l'exposé de Christos Papadimitriou en 2001 [Papadimitriou, 2001], se distingue de cette théorie mathématique, aux constructions parfois purement existentielles, par la prise en compte des aspects algorithmiques et de complexité dans ses constructions.

Ses domaines d'applications sont variés : elle vise à comprendre la complexité de problèmes liés aux calculs des équilibres [McKelvey and McLennan, 1996], les pertes de performances provoquées par les comportements individuels en algorithmique distribuée : voir [Papadimitriou, 2001], [Anshelevich et al., 2003] et [Correa et al., 2004], les problèmes de tarification de services dans certains protocoles [Feigenbaum et al., 2001], les problèmes liés à la théorie des enchères [Briest et al., 2005], la conception de mécanismes incitatifs en algorithmique [Nisan and Ronen, 1999], etc. . .

2.4.2 Concepts de base de la théorie des jeux

Présentons les concepts les plus simples de la théorie des jeux. Nous nous focaliserons sur les jeux non coopératifs, à information complète, en forme extensive.

Le jeu le plus simple est un jeu à deux joueurs I et II avec un ensemble fini d'options, appelées *stratégies pures*, $Strat(I)$ et $Strat(II)$. Notons par $a_{i,j}$ (respectivement : $b_{i,j}$) le gain (ou si cela est une variable aléatoire sa moyenne) pour le joueur I (resp. II) lorsque I utilise la stratégie $i \in Strat(I)$ et II la stratégie $j \in Strat(II)$.

Les gains sont donc donnés par des matrices nm A et B , où n et m sont les cardinalités de $Strat(I)$ et $Strat(II)$.

Exemple 1 (Jeu des prisonniers) *Le cas où A et B sont les matrices suivantes*

$$A = \begin{pmatrix} 3 & 0 \\ 5 & 1 \end{pmatrix}, B = \begin{pmatrix} 3 & 5 \\ 0 & 1 \end{pmatrix}$$

est appelé jeu des prisonniers. On note C (pour coopération) la première stratégie, et D (pour défection) la deuxième stratégie de chaque joueur.

La *stratégie mixte* du joueur I qui consiste à utiliser $i \in Strat(I)$ avec probabilité x_i sera noté par le vecteur $\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_n)^T$. On doit avoir $\sum_{i=1}^n x_i = 1$, i.e. $\mathbf{x} \in S_n$, où S_n est le simplexe unitaire de \mathbb{R}^n , engendré par les vecteurs \mathbf{e}_i de la base unitaire standard de \mathbb{R}^n .

De façon similaire, une stratégie mixte pour II correspond à $\mathbf{y} = (y_1, \dots, y_m)^T$ avec $\mathbf{y} \in S_m$.

Si le joueur I utilise la stratégie mixte \mathbf{x} , et le joueur II la stratégie mixte \mathbf{y} , alors le premier a le gain moyen $\mathbf{x}^T A \mathbf{y}$ et le deuxième $\mathbf{x}^T B \mathbf{y}$.

Une stratégie $\mathbf{x} \in S_n$ est dite une meilleure réponse à la stratégie $\mathbf{y} \in S_m$, noté $\mathbf{x} \in BR(\mathbf{y})$ si

$$\mathbf{z}^T A \mathbf{y} \leq \mathbf{x}^T A \mathbf{y} \tag{2.14}$$

pour toute stratégie $\mathbf{z} \in S_n$.

Une paire (\mathbf{x}, \mathbf{y}) est un *équilibre de Nash mixte* si $\mathbf{x} \in BR(\mathbf{y})$ et $\mathbf{y} \in BR(\mathbf{x})$. Le théorème de Nash de [Nash, 1950] affirme, par un argument de point fixe, qu'un tel équilibre mixte existe toujours. Cependant, il n'est pas nécessairement unique.

En d'autres termes, deux stratégies (\mathbf{x}, \mathbf{y}) forment un équilibre de Nash, si cet état est tel qu'aucun des deux joueurs n'a intérêt unilatéral à s'en écarter.

Un équilibre de Nash en stratégies pures, c'est-à-dire avec $\mathbf{x} \in \{0, 1\}^n$, $\mathbf{y} \in \{0, 1\}^m$, n'existe pas toujours.

Exemple 2 *Sur l'exemple du jeu des prisonniers, $BR(\mathbf{y}) = (0, 1)$ pour tout \mathbf{y} , et $BR(\mathbf{x}) = (0, 1)$ pour tout \mathbf{x} . Donc (D, D) est l'unique équilibre de Nash, et il est pur. Dans celui-ci chacun des joueurs gagne 1. Le paradoxe est que si ils avaient joués (C, C) (la coopération) ils auraient gagné 3, soit plus. L'optimum social, (C, C) , diffère de l'équilibre atteint par les joueurs rationnels (D, D) , car en tout autre état chacun craint que l'adversaire ne joue C .*

Il est important de comprendre que la théorie des jeux n'est pas du tout une théorie visant à parler de dynamisme, mais plutôt d'équilibres en présence de joueurs rationnels. En fait, on suppose profondément que chaque jeu n'est joué qu'une seule et unique fois, et la théorie vise à prédire ce qu'il faut jouer. Il est vrai qu'il est très déroutant d'interpréter ce que signifie une stratégie mixte, c'est-à-dire des probabilités, concrètement, si on ne joue qu'une fois : voir la discussion dans le début du livre [Osbourne and Rubinstein, 1994].

Pour introduire un certain dynamisme en théorie des jeux, il existe deux grandes approches. La première consiste à répéter les jeux. La seconde à utiliser les modèles de la théorie évolutionnaire des jeux.

2.4.3 Jeux répétés

Répéter k fois un jeu, revient à étendre l'espace des choix en $Strat(I)^k$ et $Strat(II)^k$: le joueur I (respectivement II) choisit son action $\mathbf{x}(t) \in Strat(I)$, (resp. $\mathbf{y}(t) \in Strat(II)$) au temps t pour $t = 1, 2, \dots, k$. Cela est donc équivalent à un jeu à deux joueurs avec respectivement n^k et m^k choix pour chacun.

Conformément à [Binmore, 1999], pour éviter les confusions, nous nommerons *actions* les choix $\mathbf{x}(t), \mathbf{y}(t)$ de chacun à un instant donné, et *stratégies* les suites $X = \mathbf{x}(1), \dots, \mathbf{x}(k)$ et $Y = \mathbf{y}(1), \dots, \mathbf{y}(k)$, c'est-à-dire les stratégies pour le jeu global.

Si le jeu est répété un nombre infini de fois, une stratégie devient une fonction des entiers vers les actions, et le jeu reste équivalent à un jeu à deux joueurs¹.

On comptabilise en général le gain d'un joueur avec un taux d'escompte $\delta > 0$ (que l'on peut prendre égal à 1, si k est fini ; on choisit $\delta < 1$ si k est infini). Concrètement, le gain du joueur I (respectivement II) avec les stratégies X, Y est comptabilisé comme

$$Gain(X, Y) = \sum_{i=1}^k \delta^{i-1} gain(i), \quad (2.15)$$

où $gain(t)$ est le gain du joueur au temps t , c'est-à-dire $\mathbf{x}(t)^T A \mathbf{y}(t)$ pour le joueur I (resp. $\mathbf{x}(t)^T B \mathbf{y}(t)$ pour le joueur II).

Répéter un nombre fini et fixe de fois un jeu n'apporte rien en général aux comportements espérés. Par exemple, un simple raisonnement de récurrence en arrière montre que chacun des joueurs a toujours intérêt à jouer D aux temps $n, n-1, \dots, 1$ dans le dilemme des prisonniers itéré, si celui-ci est répété un nombre fini k , connu par chacun, de fois : voir [Binmore, 1999].

Il est plus intéressant de répéter le jeu un nombre infini de fois. Cette fois, la stratégie de coopération systématique (c'est-à-dire $\mathbf{x}(t) = \mathbf{y}(t) = (1, 0)^T = "C"$ pour tout t) devient un équilibre de Nash pour le jeu répété : en d'autres termes, coopérer devient intéressant pour chacun.

Observons que le gain comptabilisé par l'équation 2.15 possède une autre interprétation simple : si l'on suppose que l'on répète le jeu un nombre fini, mais aléatoire, de fois le jeu, avec à chaque étape une probabilité δ que le jeu continue encore une étape de plus, et $1 - \delta$ que ce soit la dernière étape, alors la probabilité que l'on joue la i ème étape vaut δ^i . En moyenne, le gain de chacun des joueurs est donc donné par l'équation 2.15 : voir [Binmore, 1999].

Le problème est que la stratégie de coopération systématique n'est pas le seul équilibre de Nash. La stratégie de défection systématique reste un équilibre de Nash du jeu répété. En fait, on montre que pour tout point (x, y) de la zone grisée de la figure 2.6, il y a une paire de stratégie (X, Y) qui garantit le gain x pour le joueur I , y pour le joueur II , et tel que (X, Y) soit un équilibre de Nash pour le jeu répété : voir [Binmore, 1999]. En d'autres termes, le nombre d'équilibres de Nash du jeu répété est indénombrable.

2.4.4 Comportements

En pratique, le joueur I (respectivement II) est confronté au problème suivant à chaque instant t : étant donnée l'histoire du jeu jusque là, c'est-à-dire, $X_{t-1} = \mathbf{x}(1), \dots, \mathbf{x}(t-1)$ et $Y_{t-1} = \mathbf{y}(1), \dots, \mathbf{y}(t-1)$ que jouer au temps t ? c'est-à-dire comment choisir $\mathbf{x}(t) \in Strat(I)$? (resp. $\mathbf{y}(t) \in Strat(II)$?)

¹mais dont les matrices sont infinies.

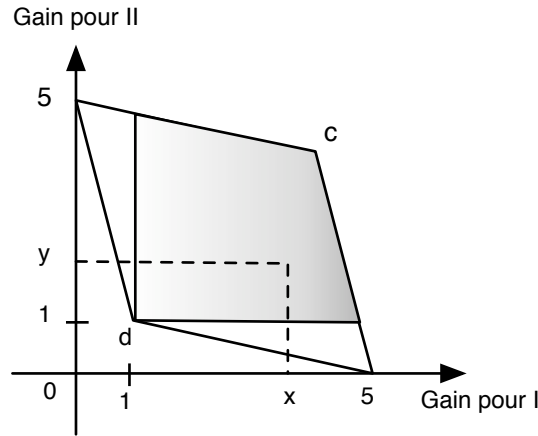


FIG. 2.6 – Pour tout point (x, y) de la zone grisée, il y a une paire X, Y de stratégies qui garantit le gain x pour le joueur I , y pour le joueur II , et tel que (X, Y) soit un équilibre de Nash pour le dilemme des prisonniers itéré. En particulier pour le point c qui correspond à la coopération systématique, et pour le point d qui correspond à la défection systématique.

Il est naturel de supposer que la réponse de chacun est donnée par certaines règles de comportement : $\mathbf{x}(t) = f(X_{t-1}, Y_{t-1})$, $\mathbf{y}(t) = g(X_{t-1}, Y_{t-1})$ où f (respectivement g) est une fonction qui détermine le comportement de I (resp. II).

La question de la meilleure règle de comportement à utiliser pour le dilemme des prisonniers itéré a fait couler beaucoup d'encre. En particulier, suite au livre [Axelrod, 1984], qui décrit le résultat de tournois de règles de comportements pour le dilemme des prisonniers itéré, et qui argumente qu'il existe un meilleur comportement, nommée *TIT – FOR – TAT*.

Le comportement *TIT – FOR – TAT* consiste à coopérer à la première étape, puis ensuite à faire la même chose que son adversaire aux temps ultérieurs. Nous renvoyons notre lecteur à [Beaufils, 2000], [Labani, 2003] pour des études critiques de ces résultats. De nombreux autres comportements, souvent avec des noms très imagés, ont été proposés et étudiés : voir [Axelrod, 1984], [Beaufils, 2000], [Labani, 2003].

2.5 Dynamiques issues de jeux

2.5.1 Jeux sur un graphe

Un exemple de comportement est le comportement *PAVLOV*.

Exemple 3 (Comportement *PAVLOV*) *Le comportement *PAVLOV* consiste dans le dilemme des prisonniers itéré, à fixer un seuil, disons 3, et à l'instant t , à rejouer l'action pure précédente si le gain est au dessus du seuil, et sinon à changer d'action.*

Concrètement, si l'on note + pour C, – pour D, on vérifiera facilement que cela donne les règles

$$\left\{ \begin{array}{ll} ++ & \rightarrow ++ \\ +- & \rightarrow -- \\ -+ & \rightarrow -- \\ -- & \rightarrow ++, \end{array} \right. \quad (2.16)$$

où le membre gauche de chaque règle dénote $\mathbf{x}(t-1)\mathbf{y}(t-1)$, et le membre droit ce qui en résulte pour $\mathbf{x}(t)\mathbf{y}(t)$.

Le comportement *PAVLOV* est Markovien : un comportement f est *Markovien*, si $f(X_{t-1}, Y_{t-1})$ ne dépend que de $\mathbf{x}(t-1), \mathbf{y}(t-1)$.

À partir d'un ensemble de telles règles, il est facile d'établir une dynamique distribuée. Par exemple, suivons [Dyer et al., 2002].

Supposons qu'on ait un graphe connexe $G = (V, E)$, avec N sommets. Les sommets correspondent à des joueurs. Une configuration instantanée du système est donnée par un élément de $\{+, -\}^N$, c'est-à-dire par l'état $+$ ou $-$ de chaque sommet. Il y en a donc 2^N configurations.

À chaque instant t , on tire au hasard uniformément une arête du graphe (i, j) . À ce moment-là, les joueurs i et j jouent le jeu du dilemme des prisonniers avec le comportement *PAVLOV*, c'est-à-dire les règles de l'équation 2.16.

Quel est l'état final atteint par le système ?

Le modèle sous-jacent est une énorme chaîne de Markov avec 2^N états. L'état $E^* = \{+\}^N$ est absorbant. Si le graphe G ne possède pas de sommet isolé, c'est l'unique état absorbant, et il existe une suite de transformations qui transforme n'importe quel état E en cet état E^* .

Par conséquent, quelle que soit la configuration initiale, avec probabilité 1, le système finira par être dans l'état E^* : voir [Brémaud, 2001]. Le système est *autostabilisant*.

On trouvera plusieurs résultats sur le temps de convergence vers cet état stable dans [Dyer et al., 2002], et [Fribourg et al., 2004], pour les anneaux et les graphes complets.

Ce qui est intéressant dans cet exemple est qu'il montre comment passer d'un jeu, et d'un type de comportement à une dynamique distribuée sur un graphe. Clairement, il est facile d'associer une dynamique similaire à n'importe quel comportement² Markovien sur un jeu symétrique.

Une question très intéressante est la suivante :

Question 1 *Quelles sont les dynamiques distribuées qui correspondent à un jeu ?*

Nous pensons la question intéressante pas uniquement pour cette façon d'associer une dynamique distribuée à un jeu, mais pour les différents moyens naturels d'associer une dynamique à un jeu.

Il existe ainsi d'autres moyens naturels d'associer une dynamique à des jeux, que ce soient des jeux à 2-joueurs, ou des jeux distribués avec des affrontements par paires comme dans la section précédente.

2.5.2 Jeux spatiaux

Tout d'abord, discutons de jeux distribués particuliers sur la grille, ne seraient-ce que parce que ceux-ci sont bien connus et très souvent cités.

Les articles [May et al., 1995] et [Nowak and May, 1992] discutent du jeu des prisonniers itéré joué sur une grille bidimensionnelle. À chaque instant, chaque joueur joue avec ses voisins immédiats au dilemme des prisonniers. Le score d'un joueur est la somme des gains de ses jeux avec ses voisins. Au début de la génération suivante, le joueur choisit l'action du voisin avec le meilleur score parmi lui-même et ses voisins.

Ces articles s'intéressent ainsi expérimentalement à l'évolution de la coopération, et aux phénomènes comme les motifs spatiaux, et le chaos qui apparaissent dans ce jeu.

Un autre jeu spatial intéressant, ne serait-ce que par ses vertus pédagogiques est le jeu du solitaire de Schelling, présenté par son auteur par exemple dans [Schelling, 1978], [Schelling, 1971a]. Nous suivrons ici la présentation de [Binmore, 1999].

Il se veut un modèle (simpliste) de la ségrégation raciale et se joue sur un échiquier. Chaque case représente une maison, noire ou blanche. Chaque pion blanc souhaite qu'au moins la moitié de ses voisins soit blanc. Chaque pion noir souhaite qu'au moins un tiers de ses voisins soit noir. À chaque génération, un pion noir ou blanc qui ne voit pas sa contrainte satisfaite se déplace au point le plus près qui le satisfait. L'ordre dans lequel les pions mécontents sont déplacés n'est pas important, et l'on peut le supposer aléatoire. Le processus est prolongé jusqu'à ce que tous les pions satisfassent leurs contraintes.

²Pas nécessairement pavlovien. A vrai dire le comportement *PAVLOV* comme décrit ici n'est pas ambigu seulement sur les matrices 2×2 comme le dilemme des prisonniers.

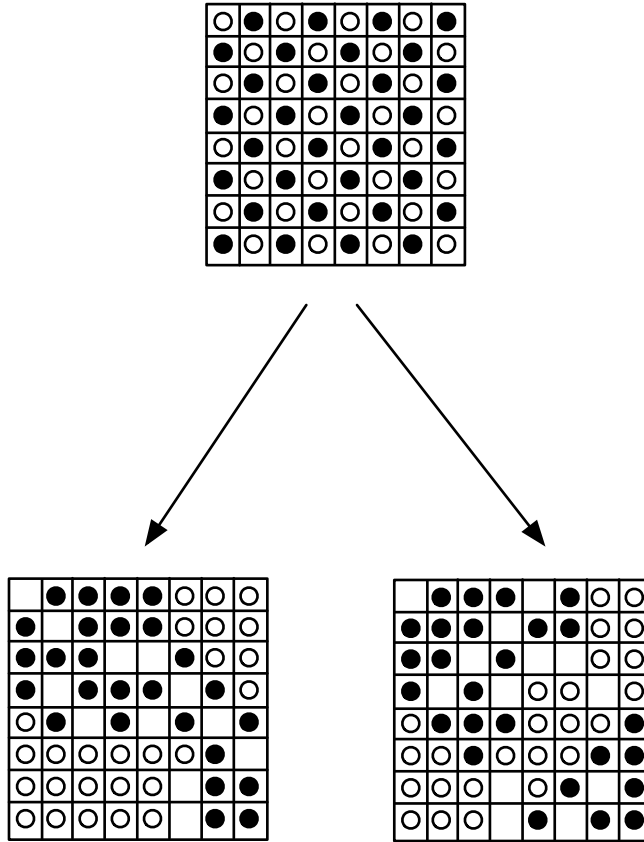


FIG. 2.7 – Le solitaire de Schelling

Si l'on débute avec des configurations comme sur la figure 2.7 en haut, par simulation, on termine avec des configurations typiquement comme celles sur la figure 2.7 en bas, c'est-à-dire avec une forte ségrégation raciale. En d'autres termes, les choix individuels de chacun, qui ne sont pas nécessairement oeuvres d'une ségrégation manifeste, mènent à une situation de forte ségrégation globale. L'équilibre social qui résulte de préférences individuelles n'est pas celui que chacun désire réellement en son sein.

Nous renvoyons aux articles [Schelling, 1971a], [Schelling, 1978], [Schelling, 1969], [Schelling, 1971b] pour l'étude de variantes sur différents paramètres, et à l'intense littérature citant ces articles pour des discussions sur les implications sociales ou philosophiques de tels phénomènes.

2.5.3 Dynamique Myope

Dans le cas général, à tout jeu à 2 joueur répété, on peut associer le comportement *myope*. Il consiste à ce qu'un joueur fasse systématiquement l'hypothèse que le joueur opposé rejouera au temps t la même chose qu'au temps $t - 1$. Par conséquent, ce comportement consiste au temps t à choisir systématiquement la (ou une) meilleure réponse à l'action du joueur adverse au temps précédent :

$$f(X_{t-1}, Y_{t-1}) \in BR(\mathbf{y}(t-1)).$$

Prenons comme [Binmore, 1999], l'exemple du jeu d'une duopole de Cournot. Le modèle du duopole de Cournot est un modèle économique de la concurrence entre deux producteurs d'un même article. Dans

ce modèle, la production d'un article coûte c . On fait l'hypothèse que la demande totale est de la forme $q = q_1 + q_2 = M - p$, où p est le prix de vente, et q_1 et q_2 le nombre d'articles produits par chacune des firmes.

Le problème de la firme I (respectivement II) est de fixer q_1 (resp. q_2) de telle sorte à maximiser son bénéfice $(p - c)q_1$ (resp. $(p - c)q_2$). On montre facilement (voir [Binmore, 1999]), que la meilleure réponse à q_2 est de poser

$$q_1 = 1/2(M - c - q_2), \quad (2.17)$$

et que la meilleure réponse à q_1 est de poser

$$q_2 = 1/2(M - c - q_1), \quad (2.18)$$

de telle sorte que l'équilibre de Nash unique corresponde à l'intersection des droites définies par les équations 2.17 et 2.18.

La dynamique myope pour les deux joueurs donne alors sur ce jeu

$$\begin{cases} q_1(t) &= 1/2(M - c - q_2(t-1)) \\ q_2(t) &= 1/2(M - c - q_1(t-1)). \end{cases}$$

Il est facile de montrer que quel que soit le point initial, une telle dynamique converge vers l'équilibre de Nash. La dynamique collective converge vers l'équilibre rationnel.

Malheureusement, comme le montre [Binmore, 1999] ce n'est pas toujours le cas : inverser par exemple les courbes de réactions sur ce jeu, mène à un système dynamique qui converge vers certains des équilibres de Nash pour certaines conditions initiales, mais qui parfois ne converge pas (oscille) pour d'autres conditions initiales.

2.5.4 Dynamique du joueur fictif

Le comportement myope peut sembler vraiment trop basique. Un comportement plus raisonnable semble le suivant : pour prédire ce que va faire le joueur adverse au temps t , utilisons la statistique de ce qu'il a fait au temps $1, 2, \dots, t-1$: s'il a joué l'action i n_i fois, estimons qu'il jouera l'action i avec probabilité $x_i = n_i/(t-1)$ au temps t . Il s'agit de ce que l'on nomme la *dynamique du joueur fictif*.

Pour simplifier l'étude, suivons [Binmore, 1999], et supposons que $n = m = 2$, et que les matrices sont données par

$$A = \begin{pmatrix} 0 & 3 \\ 2 & 1 \end{pmatrix}, B = \begin{pmatrix} 2 & 0 \\ 1 & 3 \end{pmatrix}.$$

Si aux temps $1, 2, \dots, t-1$ le joueur II a utilisé n_i fois l'action numéro i , le joueur I estimera que le joueur II jouera au temps t l'action i avec probabilité $y_i(t) = n_i/(t-1)$. Le joueur II évaluera la probabilité $x_i(t)$ que le joueur I joue l'action i de façon symétrique.

Pour étudier la dynamique, comme le montre [Binmore, 1999], il suffit de passer d'un temps discret à un temps continu.

Une analyse simple (voir [Binmore, 1999]) montre que aussi longtemps que $(x_2(t), y_2(t))$ reste dans la zone A de la partie gauche de la figure 2.8, le joueur I voudra utiliser sa seconde stratégie pure, et le joueur II sa première stratégie pure.

La dynamique $(x_2(t), y_2(t))$ restera donc dans cette zone jusqu'à l'instant $t + \tau$ pour $\tau > 0$ suffisamment petit. Puisqu'on connaît le choix du joueur II entre le temps t et $t + \tau$, on peut donc évaluer $y_2(t + \tau)$ comme

$$y_2(t + \tau) = \frac{ty_2(t)}{t + \tau}. \quad (2.19)$$

Ce qui s'écrit encore

$$\frac{y_2(t + \tau) - y_2(t)}{\tau} = -y_2(t).$$

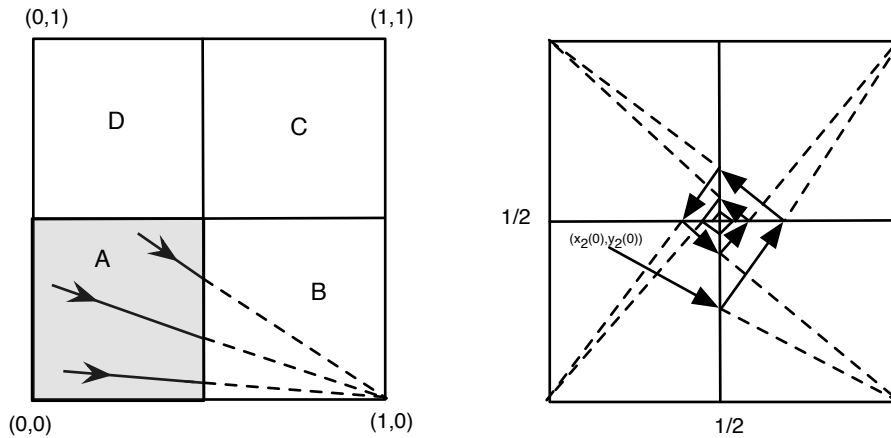


FIG. 2.8 – Convergence vers un équilibre mixte.

En faisant tendre τ vers 0, on obtient

$$y_2'(t) = \frac{y_2(t)}{t}.$$

De façon similaire, on obtient

$$x_2'(t) = \frac{1 - x_2(t)}{t}.$$

Les points qui satisfont ces deux équations se situent sur une ligne droite qui part de $(x_2(t), y_2(t))$ et qui joint le point $(1, 0)$. Une étude similaire sur les zones B, C , et D de la partie gauche de la figure 2.8 montre que la dynamique doit être celle de la partie droite de la figure 2.8. Elle converge donc vers l'équilibre de Nash mixte du jeu. Là encore, la dynamique collective converge vers l'équilibre rationnel.

Malheureusement, là encore, ce n'est pas le cas sur tous les jeux : on peut facilement considérer des jeux où les trajectoires ne convergent pas, ou avec des cycles limites [Binmore, 1999].

2.5.5 Dynamique par libration sociale

Toujours selon [Binmore, 1999], considérons le même jeu, mais supposons maintenant que nous avons une grande population de joueurs. Nous avons deux types de joueurs, garçons et filles. Les garçons seront les joueurs I , et les filles les joueurs II . Chaque joueur, quel que soit son sexe, choisit de jouer à jamais la stratégie pure 1 ou la stratégie pure 2. On suppose qu'à tout instant, on fait disparaître certains joueurs : pendant n'importe quelle durée T , la probabilité qu'un joueur quitte la population est λT .

On remplace chaque joueur qui disparaît, par un joueur dont l'action est la meilleure réponse à la situation globale statistique du sexe opposé : si dans la population courante une fraction $y_i(t)$ (respectivement $x_i(t)$) d'individus fille (resp. garçon) utilise l'action i , alors le garçon (resp. fille) injecté jouera l'action qui est la meilleure réponse à la stratégie mixte $(y_1(t), y_2(t))$ (resp. $(x_1(t), x_2(t))$). C'est-à-dire l'action qui lui procurera le meilleur bénéfice s'il rencontre aléatoirement un joueur du sexe opposé dans un jeu deux à deux.

On montre (voir [Binmore, 1999]) que l'on doit avoir lorsqu'on est dans la zone A

$$x_2'(t) = -\lambda x_2(t) + \lambda,$$

et

$$y_2'(t) = -\lambda y_2(t).$$

La dynamique est différente de celle de la section précédente, cependant les points qui satisfont ces deux équations se situent toujours sur une ligne droite qui part de $(x_2(t), y_2(t))$ et qui joint le point $(1, 0)$.

Une étude similaire sur les zones B, C , et D de la partie gauche de la figure 2.8 montre que les trajectoires sont identiques à celles de la section précédente (mais pas la vitesse de déplacement sur ces trajectoires) : voir [Binmore, 1999].

2.6 Théorie évolutionnaire des jeux

La théorie évolutionnaire des jeux est une autre façon d'associer des dynamiques à des jeux.

2.6.1 Motivation biologique

La théorie des jeux évolutionnaire est née du livre de Maynard Smith [Maynard-Smith, 1981]. Ce livre présente quelques applications de la théorie des jeux à la biologie.

Pour illustrer comment, à un jeu, on peut associer une dynamique biologique reprenons l'exemple fictif d'une population d'individus de [Binmore, 1999]. Binmore choisit d'appeler ces individus des *dodos*.

La journée d'un dodo dure une fraction τ d'une année. Il y a n types de dodos : les dodos qui jouent l'action 1, les dodos qui jouent l'action 2, ..., les dodos qui jouent l'action n .

On s'intéresse à la proportion $x_i(t)$ de dodos qui jouent l'action i . On a bien entendu $\sum_{i=1}^n x_i(t) = 1$.

À la fin de chaque journée les dodos se combattent deux à deux. L'issue des combats influe sur leur fécondité. On lit sur une matrice A $n \times n$ à l'entrée $a_{i,j}$ la fécondité du dodo s'il est du type i et si lors du combat, il a été confronté avec un individu du type j : son nombre espéré d'oisillons dodo au jour suivant est $\tau a_{i,j}$.

Combien un dodo de type i peut-il espérer avoir d'oisillons dodo au jour suivant ? La réponse est

$$\sum_{j=1}^n x_j(t) \tau a_{i,j} = (A\mathbf{x})_i \tau.$$

En effet, puisque les appariements pour les combats le soir entre dodos sont choisis uniformément parmi la population, en moyenne sa fécondité est donnée par l'expression précédente.

Le nombre de dodos de type i le lendemain matin sera donc

$$Nx_i(t)(1 + (A\mathbf{x})_i \tau).$$

La mortalité n'étant pas fonction du type du dodo, le lendemain, la fraction de dodos de type i sera donnée par

$$x_i(t + \tau) = \frac{Nx_i(t)(1 + (A\mathbf{x})_i \tau)}{Nx_1(t)(1 + (A\mathbf{x})_1 \tau) + \dots + Nx_n(t)(1 + (A\mathbf{x})_n \tau)}.$$

Soit

$$x_i(t + \tau) = \frac{x_i(t)(1 + (A\mathbf{x})_i \tau)}{1 + \mathbf{x}^T A \mathbf{x} \tau}.$$

où $\mathbf{x}^T A \mathbf{x} \tau$ s'interprète comme le nombre moyen de naissances par dodos en un jour.

Cela peut encore s'écrire

$$\frac{x_i(t + \tau) - x_i(t)}{\tau} = x_i(t) \frac{(A\mathbf{x})_i - \mathbf{x}^T A \mathbf{x}}{1 + \mathbf{x}^T A \mathbf{x} \tau}.$$

En passant à la limite quand τ tend vers 0, on obtient

$$x'_i = x_i((A\mathbf{x})_i - \mathbf{x}^T A \mathbf{x}).$$

C'est ce qu'on appelle *une équation de réplication*. Une telle équation modélise que les populations d'individus dont le gain (fitness) donnée par la matrice A est supérieure au gain (fitness) moyen ont tendance à se reproduire. Les autres à disparaître.

2.6.2 Objectifs de cette théorie

Le modèle parlant de dodos est relativement ad hoc, mais de nombreuses situations et modèles mènent au même type de dynamiques : nous renvoyons à [Maynard-Smith, 1981] pour cela.

La théorie évolutionnaire des jeux vise à étudier le comportement de telles dynamiques en fonction de la matrice A .

Elle possède ses propres notions d'équilibres, motivées par la stabilité des systèmes dynamiques sous-jacents, comme la notion d'équilibre évolutionnairement stable. Un équilibre évolutionnairement stable est un équilibre de Nash particulier.

Elle permet de relier les notions d'équilibre pour le jeu donné par A , aux notions de stabilité pour le système dynamique correspondant.

À vrai dire, elle ne considère pas seulement des dynamiques de réplication, mais aussi d'autres dynamiques comme les dynamiques d'imitation, de meilleure réponse, avec à chaque fois dans ces dynamiques l'idée que les individus ayant un plus grand gain (fitness) dans la matrice de jeu se reproduisent plus vite que les autres.

Nous renvoyons par exemple à [Maynard-Smith, 1981], [Weibull, 1995], [Hofbauer and Sigmund, 2003] pour une présentation de ses principaux résultats.

2.7 Algorithmique distribuée

2.7.1 Modèles et machines classiques

Nous en venons à notre motivation reliée à l'algorithmique distribuée.

Il existe plusieurs modèles en algorithmique distribuée, suivant le type de machines physiques considéré, et les contraintes associées : par exemple les types de communications utilisées, communications par messages, par variables partagées, etc. . . , l'existence ou non de mémoire partagée, les priorités entre lecture/écriture en cas de conflit, etc. . .

Cependant, de façon abstraite, ces modèles consistent à dire que l'ensemble des agents, correspond à un ensemble d'automates³ communicants particuliers [Lynch, 1997], [Tel, 1994].

En général, une hypothèse très forte dans tous ces modèles est que l'on suppose une topologie fixée. Il y a un graphe sous-jacent tel que les communications entre agents ne peuvent se faire qu'entre voisins dans le graphe. Effectivement, en pratique, les communications ne se font bien qu'entre voisins physiquement connectés, ou alors, comme dans les réseaux ad hoc, le graphe est dynamique, mais il varie peu localement.

Dans l'évaluation de la complexité des solutions, un paramètre important est le nombre de processeurs impliqués. Effectivement, en pratique, le nombre de processeurs physiquement existants est limité, et acheter de nouveaux processeurs a un coût.

Nous renvoyons à [Lynch, 1997], [Tel, 1994] pour une présentation de l'algorithmique distribuée classique, et de ses méthodes et à [Balcàzar et al., 1990] pour une présentation des modèles vus de l'angle de la complexité.

2.7.2 Vers une nouvelle algorithmique distribuée

Cependant, nous pensons qu'il est nécessaire de remettre en cause certaines de ces hypothèses.

Premièrement, la taille de certains réseaux est maintenant telle, qu'il semble nécessaire de ne plus parler d'individus, mais de statistiques. En effet, par exemple, lorsqu'on décrit l'état d'un réseau comme Internet, il n'est pas pertinent de décrire l'état d'un individu donné, mais plutôt de la proportion d'individus dans tel ou tel état. Autre exemple : lorsque l'on décrit comme [Adar and Huberman, 2000] le comportement d'éventuel *Free Riding* des agents dans une application pair à pair de téléchargement de fichiers, le seul moyen pertinent de le faire est de parler de proportions d'agents qui ont tel comportement plutôt qu'un autre.

Nous pensons ainsi qu'il est temps de raisonner en termes de statistiques, ou de proportions, c'est-à-dire avec des modèles comme ceux qu'utilisent les biologistes, les chimistes, pour décrire leurs systèmes avec un grand nombre d'agents (individus, molécules, etc. . .).

³Ou très rarement de machines de Turing

D'autre part, plusieurs développements envisagés autour de l'algorithmique distribuée remettent fortement en cause les hypothèses classiques : voir la discussion dans [Angluin et al., 2004] pour les réseaux de capteurs. En effet, on considère que le coût actuel de production de capteurs est maintenant tellement faible, que le nombre de capteurs impliqués n'est pas si important. D'autre part, dans certaines applications, les capteurs peuvent être conduits à ne pas contrôler quels sont leurs voisins : par exemple, lors d'un largage par avions de capteurs [Alberganti, 2006], on ne peut pas prédire à priori qui sera voisin de qui, ou lorsque la RATP équipe ses clients de capteurs [Alberganti, 2006], on ne peut pas prédire quel utilisateur viendra rencontrer quelle borne de lecture.

Par le même raisonnement que celui de l'auteur de [Kephart and White, 1991] lorsqu'il parle de virus informatiques dont on ne contrôle pas à priori les contacts avec des applications saines, ou par ceux fait par les chimistes, les biologistes, et les physiciens, pour établir tous les modèles précédents, cela revient à considérer statistiquement qu'il n'y a pas de topologie, ou au mieux, une statistique sur la topologie.

2.7.3 De la description vers la programmation

Les modèles des sections précédentes permettent de décrire des populations en interactions. Cela permet, bien entendu, d'étudier la dynamique d'un système comme Internet, ou la dynamique des utilisateurs de telle ou telle application.

Cependant, nous pensons qu'un enjeu est de passer de ces modèles en tant qu'outil pour décrire des populations, à leur utilisation pour la programmation.

Par exemple, comme les biologistes utilisent les modèles de diffusion d'épidémies pour anticiper la vague de propagation et déterminer la zone à traiter la plus économique [Murray, 2003], il est envisageable de lutter contre la diffusion de virus par le traitement anticipé local de certaines zones, ou par la diffusion d'un contre-virus utilisant la même faille que le virus pour se répandre.

Question 2 *Peut-on utiliser les modèles dynamiques précédents pour "programmer" des systèmes en concurrence, et non pas seulement pour les décrire ?*

Nous allons expliciter cette question par des exemples plus loin.

D'autre part, si cela est possible, cela légitime la question suivante.

Question 3 *Quelle est la puissance des modèles de la bioinformatique, de la biologie des populations, de la virologie, ou de la théorie évolutionnaire des jeux, des sections précédentes ?*

Nous avons à chaque fois affaire à des modèles de systèmes en concurrence. Pour beaucoup d'entre eux, il n'est pas raisonnable de supposer que l'on programme tous les individus, mais seulement une fraction d'entre eux. Les modèles de la théorie des jeux, et de la théorie évolutionnaire des jeux prennent alors tout leur intérêt, puisque l'on cherche à programmer un comportement global, à l'aide de comportements locaux, en présence de concurrence.

C'est pour ces raisons que nous sommes fortement impliqués (nous en sommes le coordinateur) dans l'action de recherche amont SOGEA autour de la théorie des jeux et des aspects dynamiques.

2.7.4 Protocoles de populations de Angluin et al

Ce type de questions mène de nouveau à comprendre la puissance, c'est-à-dire ce qu'on peut calculer, ou ne pas calculer, avec chacun des modèles.

Pour présenter un exemple de type de modèles qui va dans le sens de notre discussion, et les problèmes associés, nous allons présenter le modèle récent de *protocoles de populations* [Angluin et al., 2004] issu de l'algorithmique pour les réseaux de capteurs.

Dans ce modèle, un protocole consiste à se donner un ensemble fini d'états internes $Q = \{1, 2, \dots, k\}$, et une règle de transition $\delta : Q \times Q \rightarrow Q \times Q$. Pour $\delta(p, q) = (p', q')$, écrivons $\delta_1(p, q) = p'$, $\delta_2(p, q) = q'$.

Une configuration d'un système à un instant donné est donnée par les états internes de chacun des n individus.

On suppose les individus complètement identiques et indiscernables. Il en suit que l'état d'un système peut aussi se décrire par le nombre n_i d'individus dans l'état i , pour $1 \leq i \leq k$, plutôt que par l'état de chacun.

À chaque top discret, un unique individu i se voit mis en relation avec un autre individu j : à l'issue de cette rencontre l'individu i est dans l'état $\delta_1(q_i, q_j)$, et l'individu j est dans l'état $\delta_2(q_i, q_j)$.

On suppose que l'on ne contrôle pas les interactions, et qu'il y a une certaine équité : si de la configuration C on peut aller vers la configuration C' en une étape (noté $C \rightarrow C'$) alors dans toute dérivation $C_0 C_1 \dots$, avec $C_i \rightarrow C_{i+1}$ pour tout i , si C apparaît infiniment souvent, alors C' aussi.

On veut considérer certains protocoles de populations comme des reconnaissseurs de prédicats $\psi : \mathbb{N}^m \rightarrow \{0, 1\}$.

Pour cela, fixons sous-ensemble $Q^+ \subset Q$, et on dit qu'un uple $(n_1, \dots, n_m) \in \mathbb{N}^m$, pour $m \leq k$, est accepté (respectivement : refusé) par le protocole, si partant de toute configuration avec n_i individus dans l'état i , ultimement tous les individus seront dans un état interne qui appartient à Q^+ (respectivement : son complémentaire), et cela sera vrai à tout instant ultérieur.

On dit que le protocole reconnaît $\psi : \mathbb{N}^m \rightarrow \{0, 1\}$ si pour tout uple (n_1, \dots, n_m) , celui-ci est accepté lorsque $\psi(n_1, \dots, n_m) = 1$, et celui-ci est refusé lorsque $\psi(n_1, \dots, n_m) = 0$.

On a le résultat très joli suivant (rappelons que les ensembles définissables en arithmétique de Presburger coïncident avec les ensembles semi-linéaires sur les entiers).

Théorème 1 ([Angluin et al., 2006b]) – *Tout prédicat $\psi : \mathbb{N}^m \rightarrow \{0, 1\}$ définissable en arithmétique de Presburger est calculé par un protocole de population.*
– *Réciproquement tout prédicat $\psi : \mathbb{N}^m \rightarrow \{0, 1\}$ calculé est définissable en arithmétique de Presburger*

Par exemple, puisque cela est définissable en arithmétique de Presburger, il existe un protocole pour décider s'il y a plus que 5% d'agents dans l'état 1.

Ce théorème montre, si besoin est, que ces modèles diffèrent grandement des modèles classiques, comme les automates cellulaires. En effet, les automates cellulaires restent très proches des machines de Turing : il est facile de simuler une machine de Turing par un automate cellulaire. Par contre, le lien entre machines de Turing et ce type de modèles est loin d'être direct.

Nous renvoyons notre lecteur à [Angluin et al., 2005a], [Angluin et al., 2005b], [Angluin et al., 2006a] pour de nombreux résultats sur ce modèle, et sur quelques variantes.

2.7.5 Protocoles de populations

Le modèle précédent est motivé par les réseaux de capteurs. Mais, même s'il permet de décider des problèmes sur des proportions, comme "décider s'il y a plus que 5% d'agents dans l'état 1", le modèle n'a pas à faire avec des proportions, mais des nombres d'individus dans chaque état.

Si le nombre d'individus est grand, il est naturel de ne plus parler de nombres d'individus mais de proportions, ou de statistiques.

Par exemple, on peut considérer le protocole suivant : on a une population de n agents. Chaque agent est soit dans l'état +, soit dans l'état -. Une configuration correspond donc à un point de $S = \{+, -\}^n$.

On suppose le temps discret. À chaque top discret, les agents sont appariés deux à deux, selon les règles suivantes :

$$\begin{aligned} ++ &\rightarrow 1/2+, 1/2- \\ +- &\rightarrow + \\ -+ &\rightarrow + \\ -- &\rightarrow 1/2+, 1/2- \end{aligned}$$

Il faut interpréter la deuxième règle de la façon suivante : si un individu est du type + et qu'il est apparié avec un individu du type -, il devient du type +. Il faut interpréter la première règle de la façon suivante : si un individu est du type + et qu'il est apparié avec un individu du type +, il devient du type + avec probabilité 1/2, et - avec la probabilité 1/2. De même pour les deux autres règles.

On suppose que les appariements sont choisis au hasard uniformément.

Expérimentalement, la proportion de + dans la population tend vers $\sqrt{2}/2$, lorsque le nombre d'individus grandit.

Formellement, on pouvait s'y attendre, puisque si p désigne la proportion de +, avec probabilité p un individu rencontre un +, et $1 - p$ un -. Maintenant, la première et quatrième règle détruisent en moyenne $1/2+$ chacune, alors que les secondes et troisièmes règles créent un + chacune. En faisant le bilan de +, on trouve qu'en moyenne on crée

$$1/2p^2 + 2p(1 - p) + 1/2(1 - p)^2 = 1/2 + p - p^2$$

or à l'équilibre, il y a conservation, et donc cela doit valoir p , d'où

$$p^2 = 1/2.$$

$$p = \sqrt{2}/2.$$

Question 4 *Le système précédent semble converger vers $\sqrt{2}/2$. Quels sont les nombres calculables par de tels protocoles ?*

Bien entendu, en utilisant des appariements deux à deux, des probabilités rationnelles, et un nombre fini d'états internes.

Nous conjecturons qu'il s'agit de tous les nombres algébriques de $[0, 1]$, mais à cet instant précis, nous n'avons déjà pas la preuve formelle de la convergence du système précédent.

Question 5 *Peut-on caractériser comme dans le théorème précédent les prédicats calculables ?*

On dit qu'un prédicat est calculable, s'il capture la relation entre la proportion initiale et la proportion à la limite.

2.7.6 Pourquoi s'intéresser à de tels protocoles

Nous avons déjà évoqué plusieurs raisons pour lesquelles considérer ce type de systèmes nous semble intéressant.

Pour compléter, et valider l'intérêt de tous les modèles de cette section pour l'algorithmique distribuée, voici un joli exercice.

Question 6 *Parmi toutes les équations différentielles décrivant une dynamique dans ce chapitre, quelles sont celles qui correspondent bien à une dynamique d'un algorithme distribué ?*

On prendra algorithme distribué au sens d'un protocole de population, ou d'une variante simple à expliciter. On ne considérera pas nécessairement que le temps doit être discret, mais aussi le cas où on le prend continu. Par exemple, le système précédent de règles calculant $\sqrt{2}/2$ correspond la description par des règles d'une (énorme) chaîne de Markov à temps discret. Mais, en utilisant des appariements qui se produisent selon un processus de poisson, en temps continu, on calcule aussi $\sqrt{2}/2$. Probablement, que cela est plus naturel pour résoudre cet exercice.

Les gens de l'algorithmique distribuée nous reprocheront que l'hypothèse d'abstraction de la topologie dans les modèles que nous considérons est trop forte.

Nous prenons ces quelques lignes pour insister. Du moment, que le système global est tel que les proportions locales de configurations dans tel ou tel état ne dépend pas du point où l'on se place, c'est-à-dire qu'il n'y a pas de phénomènes spatiaux, au sens des modèles de populations précédents, même si topologie il y a, elle peut souvent être abstraite en termes statistiques.

Remarquons que s'il y a des phénomènes spatiaux, il est aussi possible d'utiliser les modèles de la dynamique des populations, avec ses méthodes, mais il s'agira d'équations aux dérivées partielles.

Bibliographie

- [Adar and Huberman, 2000] Adar, E. and Huberman, B. A. (2000). Free riding on gnutella. *First Monday*, 5(10). http://firstmonday.org/issues/issue5_10/adar/index.html.
- [Alberganti, 2006] Alberganti, M. (2006). Mille milliards de mouchards. *Le Monde*. Edition du 2 juin 2006.
- [Alur et al., 2001] Alur, R., Belta, C., and Ivancic, F. (2001). Hybrid modeling and simulation of biomolecular networks. In Benedetto, M. D. D. and Sangiovanni-Vincentelli, A. L., editors, *Hybrid Systems : Computation and Control, 4th International Workshop, HSCC 2001, Rome, Italy, March 28-30, 2001, Proceedings*, volume 2034 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 19–32. Springer.
- [Angluin et al., 2005a] Angluin, D., Aspnes, J., Chan, M., Fischer, M. J., Jiang, H., and Peralta, R. (2005a). Stably computable properties of network graphs. In Prasanna, V. K., Iyengar, S., Spirakis, P., and Welsh, M., editors, *Distributed Computing in Sensor Systems : First IEEE International Conference, DCOSS 2005, Marina del Rey, CA, USE, June/July, 2005, Proceedings*, volume 3560 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 63–74. Springer-Verlag.
- [Angluin et al., 2004] Angluin, D., Aspnes, J., Diamadi, Z., Fischer, M. J., and Peralta, R. (2004). Computation in networks of passively mobile finite-state sensors. In *Twenty-Third ACM Symposium on Principles of Distributed Computing*, pages 290–299. ACM Press.
- [Angluin et al., 2006a] Angluin, D., Aspnes, J., and Eisenstat, D. (2006a). Fast computation by population protocols with a leader. In *20th International Symposium on Distributed Computing (DISC'2006)*, Lecture Notes in Computer Science. Springer. To appear.
- [Angluin et al., 2006b] Angluin, D., Aspnes, J., and Eisenstat, D. (2006b). Stably computable predicates are semilinear. In *PODC '06 : Proceedings of the twenty-fifth annual ACM symposium on Principles of distributed computing*, pages 292–299, New York, NY, USA. ACM Press.
- [Angluin et al., 2005b] Angluin, D., Aspnes, J., Fischer, M. J., and Jiang, H. (2005b). Self-stabilizing population protocols. In *Ninth International Conference on Principles of Distributed Systems (OPODIS'2005)*, Lecture Notes in Computer Science, pages 79–90. Springer. To appear.
- [Anshelevich et al., 2003] Anshelevich, E., Dasgupta, A., Tardos, E., and Wexler, T. (2003). Near-optimal network design with selfish agents. In *Proceedings of the thirty-fifth annual ACM symposium on Theory of computing*, pages 511–520. ACM Press.
- [Axelrod, 1984] Axelrod, R. M. (1984). *The Evolution of Cooperation*. Basic Books.
- [Balcàzar et al., 1990] Balcàzar, J., Díaz, J., and Gabarrò, J. (1990). *Structural Complexity II*, volume 22 of *EATCS Monographs on Theoretical Computer Science*. Springer.
- [Batt et al., 2006] Batt, G., Casey, R., de Jong, H., Geiselmann, J., Gouzé, J.-L., Page, M., Ropers, D., Sari, T., and Schneider, D. (2006). Qualitative analysis of the dynamics of genetic regulatory networks using piecewise-linear models. In A. Maass, S. Martinez, E. P., editor, *Mathematical and Computational Methods in Biology*. Hermann.
- [Batt et al., 2005] Batt, G., Ropers, D., de Jong, H., Geiselmann, J., Mateescu, R., Page, M., and Schneider, D. (2005). Validation of qualitative models of genetic regulatory networks by model checking : analysis of the nutritional stress response in escherichia coli. *Bioinformatics*, 25 :19–28.

- [Beaufils, 2000] Beaufils, B. (2000). *Modèles et simulations informatiques des problèmes de coopération entre agents*. PhD thesis, Université de Lille I.
- [Binmore, 1999] Binmore, K. (1999). *Jeux et Théorie des jeux*. DeBoeck Universié, Paris-Bruxelles. Traduit du livre "Fun and Games : a text on game theory" par Francis Bismans et Eulalia Damaso.
- [Bower and Bolouri, 2000] Bower, J. and Bolouri, H. (2000). *Computational Modeling of Genetic and Biochemical Networks*. The MIT Press.
- [Brémaud, 2001] Brémaud, P. (2001). *Markov Chains, Gibbs Fields, Monte Carlo Simulation, and Queues*. Springer-Verlag, New York.
- [Briest et al., 2005] Briest, P., Krysta, P., and Vöcking, B. (2005). Approximation techniques for utilitarian mechanism design. In Gabow, H. N. and Fagin, R., editors, *Proceedings of the 37th Annual ACM Symposium on Theory of Computing (STOC), Baltimore, MD, USA, May 22-24, 2005*, pages 39–48. ACM Press.
- [Chen et al., 2003] Chen, Z., Gao, L., and Kwiat, K. (2003). Modeling the spread of active worms. In *Proceedings of 22nd Annual IEEE Conference on Computer Communications (INFOCOM'2003)*. IEEE Computer Society Press.
- [Correa et al., 2004] Correa, J. R., Schulz, A. S., and Moses, N. E. S. (2004). Selfish routing in capacitated networks. *Mathematical Operational Research*, 29(4) :961–976.
- [de Jong, 2002] de Jong, H. (2002). Modeling and simulation of genetic regulatory systems : A literature review. *Journal of Computational Biology*, 9(1) :67–103.
- [Dyer et al., 2002] Dyer, M. E., Goldberg, L. A., Greenhill, C. S., Istrate, G., and Jerrum, M. (2002). Convergence of the iterated prisoner's dilemma game. *Combinatorics, Probability & Computing*, 11(2).
- [Feigenbaum et al., 2001] Feigenbaum, J., Papadimitriou, C. H., and Shenker, S. (2001). Sharing the cost of multicast transmissions. *Journal of Computer and System Sciences*, 63(1) :21–41.
- [Fribourg et al., 2004] Fribourg, L., Messika, S., and Picaronny, C. (2004). Coupling and self-stabilization. In Guerraoui, R., editor, *Distributed Computing, 18th International Conference, DISC 2004, Amsterdam, The Netherlands, October 4-7, 2004, Proceedings*, volume 3274 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 201–215. Springer.
- [Ghosh and Tomlin, 2001] Ghosh, R. and Tomlin, C. (2001). Lateral inhibition through delta-notch signaling : A piecewise affine hybrid model. In Benedetto, M. D. D. and Sangiovanni-Vincentelli, A. L., editors, *Hybrid Systems : Computation and Control, 4th International Workshop, HSCC 2001, Rome, Italy, March 28-30, 2001, Proceedings*, volume 2034 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 232–246. Springer.
- [Gibson and Mjolsness, 2000] Gibson, M. and Mjolsness, E. (2000). *Computational Modeling of Genetic and Biochemical Networks [Bower and Bolouri, 2000]*, chapter Modeling the activity of single genes. The MIT Press.
- [Gillespie, 1977] Gillespie, D. T. (1977). Exact stochastic simulation of coupled chemical reactions. *J. Phys. Chem.*, 81(25) :2340–2361.
- [Goodwin, 1963] Goodwin, B. (1963). *Temporal Organization in Cells*. Academic Press.
- [Goodwin, 1965] Goodwin, B. (1965). Oscillatory behavior in enzymatic control processes. In Weber, G., editor, *Advances in Enzyme Regulation*, pages 425–438. Pergamon Press, Oxford.
- [Hethcote, 2000] Hethcote, H. W. (2000). The mathematics of infectious diseases. *SIAM Review*, 42(4) :599–653.
- [Hirsch et al., 2003] Hirsch, M. W., Smale, S., and Devaney, R. (2003). *Differential Equations, Dynamical Systems, and an Introduction to Chaos*. Elsevier Academic Press.
- [Hofbauer and Sigmund, 2003] Hofbauer, J. and Sigmund, K. (2003). Evolutionary game dynamics. *Bulletin of the American Mathematical Society*, 4 :479–519.
- [Kephart and White, 1991] Kephart, J. O. and White, S. R. (1991). Directed-graph epidemiological models of computer viruses. In *Proceedings of the 1991 IEEE Computer Society Symposium on Research in Security and Privacy (SSP '91)*, pages 343–361, Washington - Brussels - Tokyo. IEEE Computer Society Press.

- [Kitano, 2001] Kitano, H., editor (2001). *Foundations of system biology*. MIT Press.
- [Labbani, 2003] Labbani, O. (2003). Comparaison des théories des jeux pour l'étude du comportement d'agents. Master's thesis, Université de Lille I.
- [Lincoln and Tiwari, 2004] Lincoln, P. and Tiwari, A. (2004). Symbolic systems biology : Hybrid modeling and analysis of biological networks. In Alur, R. and Pappas, G. J., editors, *Hybrid Systems : Computation and Control, 7th International Workshop, HSCC 2004, Philadelphia, PA, USA, March 25-27, 2004, Proceedings*, volume 2993 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 660–672. Springer.
- [Lotka, 1920] Lotka, A. (1920). Analytical note on certain rhythmic relations in organic systems. *Proceedings of the National Academy of Science, USA*, 6 :410–415.
- [Lynch, 1997] Lynch, N. (1997). *Distributed Algorithms*. Morgan Kaufmann Publishers, Inc.
- [May et al., 1995] May, R. M., Bohoeffer, S., and Nowak, M. A. (1995). Spatial games and evolution of cooperation. In Morán, F., Moreno, A., Merelo, J. J., and Chacón, P., editors, *Proceedings of the Third European Conference on Artificial Life : Advances in Artificial Life*, volume 929 of *Lecture Notes in Artificial Intelligence*, pages 749–759, Berlin. Springer Verlag.
- [Maynard-Smith, 1981] Maynard-Smith, J. (1981). *Evolution and the Theory of Games*. Cambridge University Press, Cambridge.
- [McKelvey and McLennan, 1996] McKelvey, R. and McLennan, A. (1996). Computation of equilibria in finite games. In *Handbook of Computational Economics*. Elsevier.
- [McMillan, 1994] McMillan, J. (1994). Selling spectrum rights. *Journal of Economic Perspectives*, pages 145–162.
- [Murray, 2002] Murray, J. D. (2002). Mathematical biology. I : An introduction. In *Biomathematics*, volume 17. Springer Verlag, third edition.
- [Murray, 2003] Murray, J. D. (2003). Mathematical biology. II : Spatial models and biomedical applications. In *Biomathematics*, volume 18, pages xiv + 767. Springer Verlag, third edition.
- [Nash, 1950] Nash, J. F. (1950). Equilibrium points in n -person games. *Proc. of the National Academy of Sciences*, 36 :48–49.
- [Nisan and Ronen, 1999] Nisan, N. and Ronen, A. (1999). Algorithmic mechanism design (extended abstract). In *Proceedings of the thirty-first annual ACM symposium on Theory of computing*, pages 129–140. ACM Press.
- [Nowak and May, 1992] Nowak, M. A. and May, R. M. (1992). Evolutionary games and spatial chaos. *Nature*, 359(6398) :826–829.
- [Osbourne and Rubinstein, 1994] Osbourne and Rubinstein (1994). *A Course in Game Theory*. MIT Press.
- [Papadimitriou, 2001] Papadimitriou, C. (2001). Algorithms, games, and the Internet. In *Proceedings of the 33rd Annual ACM Symposium on Theory of Computing : Hersonissos, Crete, Greece, July 6–8, 2001*, pages 749–753, New York, NY, USA. ACM Press.
- [Schelling, 1969] Schelling, T. C. (1969). Models of segregation. *American Economic Review, Papers and Proceedings*, 59 :488–493.
- [Schelling, 1971a] Schelling, T. C. (1971a). Dynamic models of segregation. *Journal of Mathematical Sociology*, 1 :143–186.
- [Schelling, 1971b] Schelling, T. C. (1971b). On the ecology of micromotives. *The public interest*, 25 :61–98.
- [Schelling, 1978] Schelling, T. C. (1978). *Micromotives and Macrobehavior*. Norton, New York.
- [Serazzi and Zanero, 2003] Serazzi, G. and Zanero, S. (2003). Computer virus propagation models. In Calzarossa, M. and Gelenbe, E., editors, *MASCOTS Tutorials*, volume 2965 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 26–50. Springer.
- [Staniford et al., 2002] Staniford, S., Paxson, V., and Weaver, N. (2002). How to own the internet in your spare time. In Boneh, D., editor, *Proceedings of the 11th USENIX Security Symposium, San Francisco, CA, USA, August 5-9, 2002*, pages 149–167. USENIX.

- [Tel, 1994] Tel, G. (1994). *Introduction to Distributed Algorithms*. Cambridge University Press.
- [Volterra, 1931] Volterra, V. (1931). *Leçons sur la théorie mathématique de la lutte pour la vie*. Gauthier-Villars, Paris.
- [von Neumann and Morgenstern, 1944] von Neumann, J. and Morgenstern, O. (1944). *Theory of Games and Economic Behavior*. Princeton University Press, Princeton, New Jersey, first edition.
- [Weibull, 1995] Weibull, J. W. (1995). *Evolutionary Game Theory*. The MIT Press.
- [Zou et al., 2002] Zou, C. C., Gong, W., and Towsley, D. F. (2002). Code red worm propagation modeling and analysis. In Atluri, V., editor, *Proceedings of the 9th ACM Conference on Computer and Communications Security, CCS 2002, Washington, DC, USA, November 18-22, 2002*, pages 138–147. ACM Press.
- [Zou et al., 2003] Zou, C. C., Towsley, D., and Gong, W. (2003). Email virus propagation modeling and analysis. Technical report, University of Massachusetts, Amherst. Technical report TR-CSE-03-04.