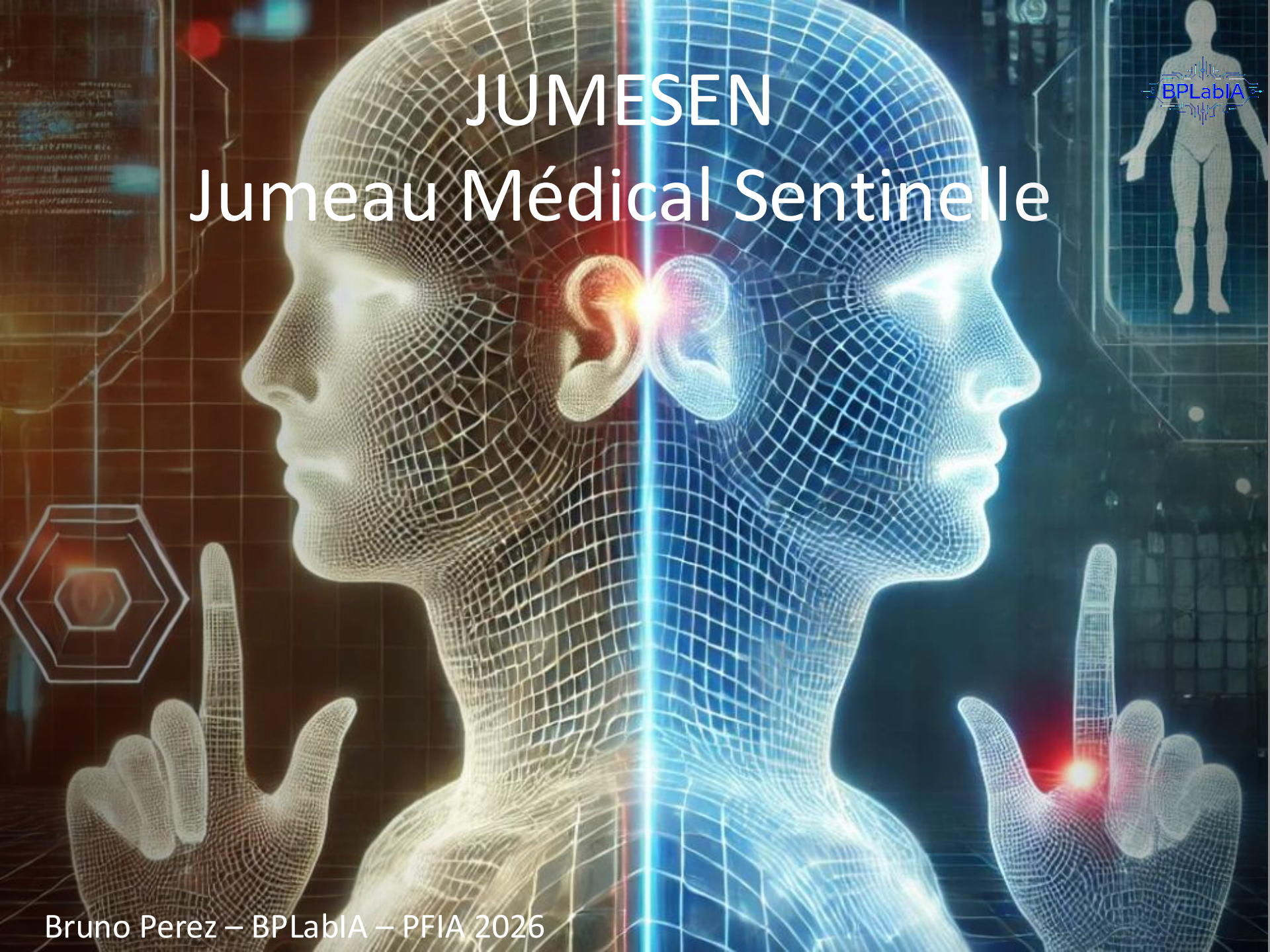
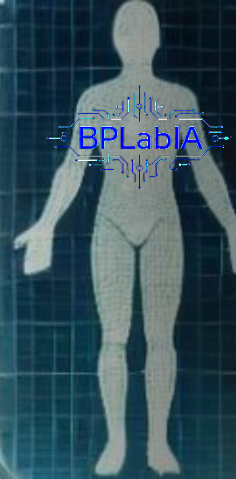


JUMESSEN

Jumeau Médical Sentinelle



Contexte et enjeux

- ✓ Croissance des maladies chroniques (ex. : diabète, insuffisance cardiaque) sous l'effet du vieillissement de la population
- ✓ Les maladies chroniques représentent près des deux tiers des dépenses de l'assurance maladie en France (*AM juin 2022*)
- ✓ 20% des réhospitalisations sont évitables par détection précoce selon HAS
- ✓ Limites des systèmes réactifs actuels

Problématique scientifique

- ✓ Détection précoce des dégradations de santé
- ✓ Intégration de données multimodales
(analyses biologiques, capteurs IoT, capteurs biologiques)
- ✓ Identification de corrélations dynamiques
entre variables
- ✓ Adaptation continue aux données émergentes

Contributions principales

- ✓ Jumeau numérique évolutif (modèles mécanistiques + IA)
- ✓ Architecture multi-agents spécialisée et modulaire
- ✓ Intégration de cellules sentinelles (IoT, biomarqueurs)
- ✓ Approche proactive, holistique et personnalisée

FORMALISATION DU SYSTÈME MULTI-AGENTS JUMESSEN

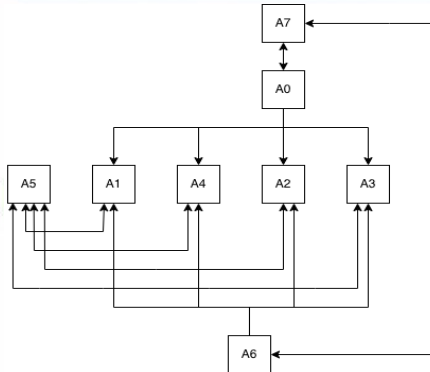
Initialisation des agents – Interactions – Apprentissage

1 MODÈLE GÉNÉRAL

Le système est représenté par un graphe orienté

$G = (V, E)$ où :

- $V = \{A_0, A_1, \dots, A_7\}$ est l'ensemble des agents
- $E \subseteq V \times V$ est l'ensemble des interactions (flux d'information)



A₀ : Collecteur
A₁ : Analyseur
A₂ : Prédicteur
A₃ : Corrélations
A₄ : Alertes
A₅ : Explorateur
A₆ : Contrôle
A₇ : Superviseur

4 FONCTIONNEMENT DES INTERACTIONS

À chaque pas de temps t :

- Un agent A_i produit un message m_{ij}^t destiné à A_j si $M_{ij} = 1$
- Le message est une fonction de l'état et des connaissances :
$$m_{ij}^t = f_{ij}(s_i^t, K_i^t, \theta_i^t)$$
- L'agent A_j met à jour son état à partir des messages reçus :

$$s_j^{t+1} = g_j(s_j^t, \{m_{ij}^t : M_{ij} = 1\})$$

Exemple :

L'agent Collecteur (A_0) envoie ses données brutes à A_1, A_2, A_3, A_4 et A_7 .
Chaque agent spécialisé traite puis transmet à l'Explorateur (A_5).

2 INITIALISATION DES AGENTS

Chaque agent A_i est initialisé par :

- un état interne s_i^0
- un ensemble de connaissances K_i^0 (modèles, règles, seuils)
- un jeu de paramètres θ_i^0

Formellement :

$$A_i^0 = (s_i^0, K_i^0, \theta_i^0), \quad \forall i \in \{0, \dots, 7\}$$

Exemples :

- A_2 (Prédicteur) : θ_2^0 = paramètres du modèle prédictif (LSTM, ARIMA...)
- A_3 (Corrélations) : θ_3^0 = paramètres des réseaux bayésiens / clustering
- A_6 (Contrôle) : K_6^0 = règles de cohérence, seuils de validation

5 APPRENTISSAGE DES AGENTS

Chaque agent adapte ses connaissances et paramètres à partir de l'expérience et des retours.

- Mise à jour des paramètres (apprentissage supervisé / RL) :

$$\theta_i^{t+1} = \theta_i^t - \eta_i \nabla_{\theta_i} \mathcal{L}_i^t$$

η_i : taux d'apprentissage
 $\mathcal{L}_i^t$: fonction de perte locale

- Mise à jour des connaissances :

$$K_i^{t+1} = \mathcal{U}_i(K_i^t, D_i^t, s_i^t)$$

D_i^t : données / observations reçues
 $\mathcal{U}_i$: opérateur d'actualisation

- Apprentissage par renforcement (si applicable) :

$$Q_i^{t+1}(s, a) = Q_i^t(s, a) + \alpha \left[r_i^t + \gamma \max_{a'} Q_i^t(s', a') - Q_i^t(s, a) \right]$$

r_i^t : récompense | α : taux d'apprentissage | γ : facteur d'actualisation

3 INTERACTIONS ENTRE AGENTS

Les interactions sont décrites par la matrice d'adjacence

$M \in \{0, 1\}^{8 \times 8}$ où :

- $M_{ij} = 1$ si l'agent A_i envoie de l'information à A_j
- $M_{ij} = 0$ sinon

Depuis ↓	Vers →							
	A ₀	A ₁	A ₂	A ₃	A ₄	A ₅	A ₆	A ₇
A ₀	0	1	1	1	1	0	0	1
A ₁	0	0	0	0	0	1	0	0
A ₂	0	0	0	0	0	1	0	0
A ₃	0	0	0	0	0	1	0	0
A ₄	0	0	0	0	0	1	0	0
A ₅	0	1	1	1	1	0	0	0
A ₆	0	1	1	1	1	0	0	1
A ₇	1	0	0	0	0	0	1	0

1 : interaction / flux d'information | 0 : pas d'interaction directe

6 SUPERVISION ET CONTRÔLE

L'agent Contrôle (A_6) valide la cohérence globale via des règles :

$$v^t = h(\{s_i^t, K_i^t\}_{i=1}^5)$$

Si incohérence détectée :

- demande de recalcul / révision aux agents concernés
- pondération des alertes et réduction des faux positifs



OBJECTIF GLOBAL

Maximiser la détection précoce et fiable des dégradations de santé tout en minimisant les faux positifs.

Fonction objectif globale :

$$J = w_1 \cdot \text{Détection} - w_2 \cdot \text{FauxPositifs} + w_3 \cdot \text{Anticipation}$$



JUMESSEN : une architecture adaptative, collaborative et apprenante pour une médecine prédictive proactive et personnalisée.

Paradigme RAPC

Recognize : acquisition des données

$x(t) \in \mathbb{R}^n$: vecteur des variables physiologiques

$$x(t) = \begin{bmatrix} 95 \\ 72 \\ 120 \\ 0 \end{bmatrix} \begin{pmatrix} \text{Glycemie (mg/dL)} \\ \text{Frequence cardiaque (bpm)} \\ \text{Pression artérielle (mmHg)} \\ \text{Indice hematurie} \end{pmatrix}$$

Analyze : détection de tendances et corrélations

$$T(x) = \frac{dx(t)}{dt}$$

$$c(x) = \text{Corr}(x_i, x_j)$$

Plan : génération d'alertes et recommandations

$$A(t) = f(x(t), T(x), C(x))$$

Control : validation croisée et supervision

$V(A) = \sum w_i A_i$ avec validation multi-agents (w_i : poids de l'agent i)

Adapté aux systèmes multi-agents en flux continu

$$x(t + 1) = F(x(t), A(t))$$

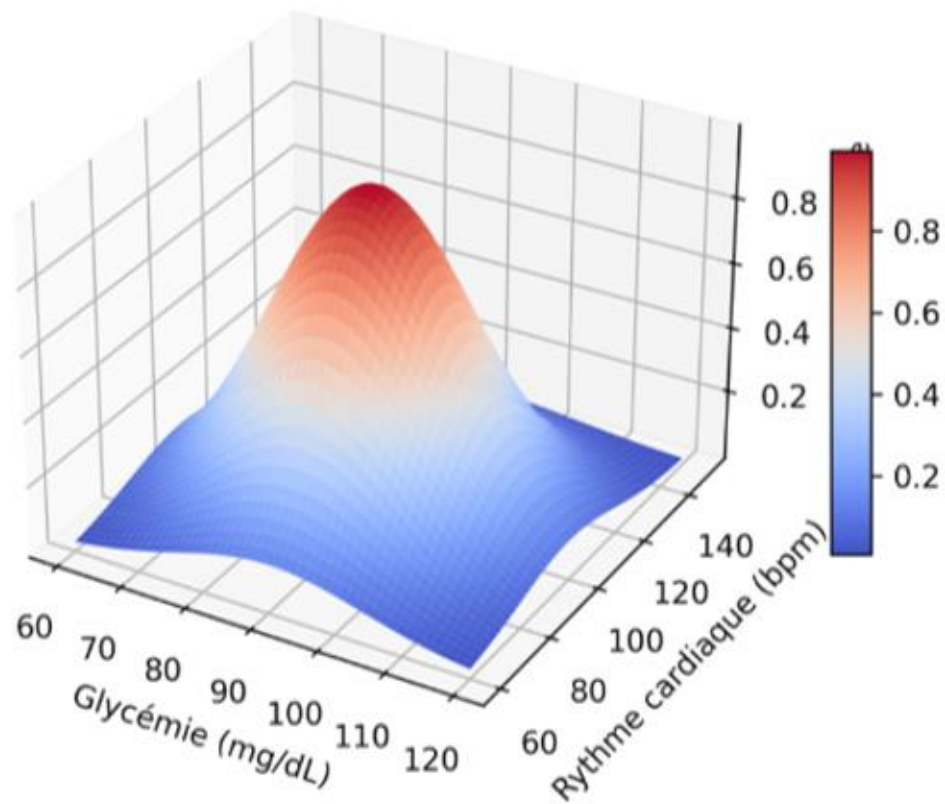
Résultats – Hypoglycémie

- ✓ Taux de détection : 85% (vs 60% pour ARIMA)
- ✓ Délai moyen : 120 minutes avant l'épisode (vs 30 min)
- ✓ Faux positifs réduits à 13% (vs 20%) grâce à l'agent Contrôle

Résultats – Données émergentes

- ✓ Agent Explorateur détecte 92% des nouveaux biomarqueurs
- ✓ Catégorisation correcte dans 88% des cas
- ✓ Temps moyen de catégorisation : 150 ms

Surface de corrélation dynamique



Importation des Données

Mise à Jour Dossiers Patients

Suivi des Constantes

Analyse des Corrélations

Sentinelles

Capture Données Capteurs

Analyse Données Capteurs

Capture Cellule Sentinelle

Analyse Cellule Sentinelle

Fusion Holistique

Module fusion holistique

Patient

P0 (M)

Constantes biologiques

Tout sélectionner | Tout désélectionner

ASC × BIL × BLO × CRE × GLU × KET × LEU × NIT × PRO × SG × URO × pH ×

Capteurs IoT

Tout sélectionner | Tout désélectionner

FC — FC × TEMP — TEMP ×

Cellules sentinelles

Tout sélectionner | Tout désélectionner

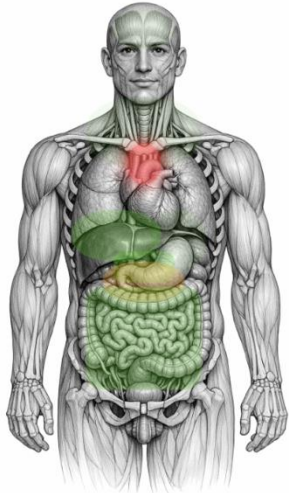
CEL_GLY — GLY ×

Fourchette de Dates

01/04/2026 — 25/04/2026

Lancer la fusion | Afficher corps humain | Seuil corrélation min : 0.3 | Lancer corrélations entre variables | Effacer les corrélations

Visualisation corporelle



Résumé global par système

Système cardio-respiratoire

Critique Prédiction : À surveiller

Organes : Cœur

Masquer les précos

Capteur IoT — FC

Préco instant t : Consulter en urgence : FC < 40 ou > 130 bpm avec symptômes (douleurs, essoufflement)

Préco prédiction : Amélioration : poursuivre le traitement et surveiller de près pour éviter une rechute

Système digestif

Normal Prédiction : Critique

Organes : Foie, Pancréas, Intestins

Afficher les précos

Système rénal

À surveiller Prédiction : Critique

Organes : Reins

Afficher les précos

Autres

À surveiller Prédiction : Critique

Organes : Vésicule biliaire, Vessie, Hypothalamus

Afficher les précos

Détail organe

Coeur

Synthèse globale patient

Risque clinique à investiguer

Score global : 0.857

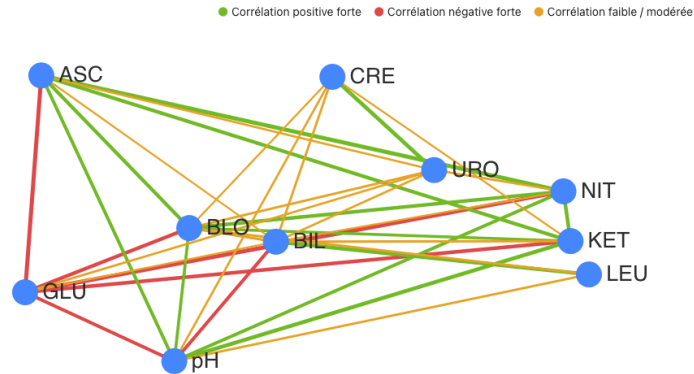
Nombre de séries fusionnées : 15



Résultats de la fusion

Source	Constante	Organe	Date début	Date fin	Valeur initiale	Valeur finale	Moyenne	Écart	Alertes	Évolution	Évaluation finale
Analyse biologique	ASC	Foie	01/04/2026	04/04/2026	1.2	1.1	1.125	0.1	0	-0.1	Normal
Analyse biologique	BIL	Vésicule biliaire	01/04/2026	04/04/2026	1.5	1.6	1.525	0.1	0	0.1	Normal
Analyse biologique	BLO	Rein	01/04/2026	04/04/2026	115.5	98.1	104.8	17.4	0	-17.4	Normal (dérive)
Analyse biologique	CRE	Rein	01/04/2026	04/04/2026	351.3	356.6	348.15	26.3	0	5.3	Normal
Analyse biologique	GLU	Pancréas	01/04/2026	04/04/2026	1	1.1	1.075	0.1	0	0.1	Normal
Analyse biologique	KET	Foie	01/04/2026	04/04/2026	2.1	1.9	1.975	0.2	0	-0.2	Normal
Analyse biologique	LEU	Rein	01/04/2026	04/04/2026	1.9	2.07	1.9175	0.27	0	0.17	Normal
Analyse biologique	NIT	Vessie	01/04/2026	04/04/2026	1.1	1	1.025	0.1	0	-0.1	Normal

Graphe réseau des corrélations



Résumé holistique par variable

Variable	Source	Constante	Organe	Influences positives	Influences négatives
bio::ASC	Analyse biologique	ASC	Foie	NIT (1) KET (0.8704) BLO (0.8643)	GLU (-1) BIL (-0.3333)
bio::BIL	Analyse biologique	BIL	Vésicule biliaire	LEU (0.9072) CRE (0.4657) URO (0.4402)	pH (-0.7746) BLO (-0.5412) KET (-0.5222)
bio::BLO	Analyse biologique	BLO	Rein	ASC (0.8643) NIT (0.8643) pH (0.682)	GLU (-0.8643) BIL (-0.5412) LEU (-0.4934)
bio::CRE	Analyse biologique	CRE	Rein	URO (0.9484) BIL (0.4657) BLO (0.3469)	pH (-0.4269) KET (-0.3324)
bio::GLU	Analyse biologique	GLU	Pancréas	BIL (0.3333)	ASC (-1) NIT (-1) KET (-0.8704)

Conclusion & perspectives

- ✓ Les résultats montrent le potentiel du système
- ✓ Validation clinique sur cohortes réelles en cours
- ✓ Intégration prévue aux dossiers patients (DPI)
- ✓ Architecture robuste, traçable et évolutive
- ✓ Vers une médecine prédictive et personnalisée