Proposta de um modelo de classificação de padrões baseado no sistema imune: uma aplicação para a identificação de *SPAM*

Thiago dos Santos Guzella, Joaquim Quinteiro Uchôa, Tomaz A. Mota Santos
e Walmir Matos Caminhas

***Resumo*—Neste artigo, é proposto um modelo de classificação de padrões baseado no sistema imune. Esse modelo, denominado *IA-AIS* (*Innate and Adaptive Artificial Immune System*), é baseado na Teoria de Seleção Clonal e em componentes dos sistemas imune inato e adaptativo, tais como macrófagos, linfócitos B e T. O modelo proposto foi implementado para classificação de SPAM (mensagens de *e-mail* comerciais não solicitadas, enviadas em massa e automaticamente). Em testes realizados, foram obtidas taxas de acerto superiores a 98% na distinção entre SPAM e mensagens legítimas. Para efeito de comparação, os resultados foram confrontados com os obtidos a partir do Modelo Bayesiano de classificação também implementado.**

***Index Terms*—Classificação de textos, Identificação de *SPAM*, Sistema Imunológico Artifical, Aprendizado de Máquina, Reconhecimento de Padrões**

I. Introdução

Recentemente, tem-se observado um significativo aumento na quantidade de *SPAM* em circulação na rede mundial de computadores. Por *SPAM*, entende-se como sendo todas as mensagens de *e-mail* comerciais - pois geralmente anunciam os mais diversos tipos de produtos - não solicitadas, enviadas em massa e automaticamente - pois são enviadas sem o consentimento do destinatário, em grandes quantidades e usando programas de computador para a sua geração e envio automátizado. Essas mensagens causam prejuízos e incômodo a diversas entidades e usuários, principalmente pelo tempo gasto na sua remoção e o consumo de recursos computacionais para a sua entrega.

Por outro lado, o Sistema Imune Humano inspirou o desenvolvimento Sistemas Imunológicos Artificiais (SIAs [1] e [2]), com especial foco na área de segurança computacional ([3], [4]). Algumas similariedades entre *SPAM* e os microorganismos combatidos pelo sistema imune podem ser facilmente identificadas:

- assim como qualquer organismo vivo, os padrões de *SPAM* estão mudando constantemente, através da grafia alternativa de palavras (por exemplo, *"FR33"* ao invés de *"FREE"*), similar a um processo de variação antigênica descrito em [5]. Outras técnicas, como o uso de comentários HTML para dificultar a extração de texto e até mesmo a falsificação de cabeçalhos, para dificultar o rastreamento do remetente, são usadas;
- essas mensagens podem ser identificadas pelo seu conteúdo - mais especificamente, pelo seu texto, assunto e *tags* HTML -, da mesma forma com que padrões patogênicos são reconhecidos pelo sistema imune.

Desse modo, torna-se interessante explorar a possibilidade do uso de um sistema imunológico artificial para a resolução desse problema.

II. O Sistema Imune Humano

Segundo [6], o sistema imune humano pode ser dividido em dois sub-sistemas:

Sistema imune inato: formado por células imediatamente disponíveis para a resposta a uma limitada variedade de patógenos, que são identificados por padrões que não ocorrem em células do corpo. É composto pelas barreiras epiteliais, as células NK (*natural killer*), células dendríticas e macrófagos;

Sistema imune adaptativo: é capaz de identificar invasores nunca antes encontrados, e inclui os linfócitos B e T. Os primeiros são capazes de secretar anticorpos, moléculas capazes de reagir à antígenos; os últimos são responsáveis por regular e estimular a resposta de células B e eliminar células do nosso próprio corpo infectadas por estes agentes. O sistema imune adaptativo possui uma memória, aperfeiçoando a resposta a um antígeno a cada contato com ele. A Teoria de Seleção Clonal, proposta em [7], é um modelo que tenta explicar o mecanismo de criação e manutenção dessa memória imunológica.

Esses dois sub-sistemas não atuam independentemente um do outro: a imunidade inata produz proteínas de sinalização, chamadas citocinas, que levam induzem inflamação e estimulam células da imunidade adaptativa. Além do mais, os TLRs (*Toll-like Receptors*) [8], moléculas produzidas por

Thiago dos Santos Guzella é aluno do sexto período do Curso de Graduação em Engenharia Elétrica pela Universidade Federal de Minas Gerais; e-mail: tguzella@cpdee.ufmg.br

Joaquim Quinteiro Uchôa é professor do Departamento de Ciência da Computação da Universidade Federal de Lavras; e-mail: joukim@ginux.ufla.br

Tomaz A. Mota Santos é professor do Laboratório de Bioquímica e Imunologia de Parasitos da Universidade Federal de Minas Gerais; e-mail: tomaz@icb.ufmg.br

Walmir Matos Caminhas é professor do Departamento de Engenharia Elétrica da Universidade Federal de Minas Gerais; e-mail: caminhas@eee.ufmg.br

células do sistema inato, desempenham um importante papel nesse processo, ligando-se a moléculas secretadas por patógenos invasores, levando à produção de citocinas e, conseqüentemente, ativação dos linfócitos B e T.

A imunidade adaptativa, por sua vez, pode designar algumas células da imunidade inata para eliminar determinados patógenos. O reconhecimento de antígenos pelo sistema imune adaptativo é feito através da ligação de moléculas de anticorpos ou receptores, distribuídos sobre a membrana de linfócitos e outras células, a determinantes antigênicos, conhecidos como *epítopos*, enquanto que a imunidade inata reconhece padrões moleculares localizados na superfície de patógenos.

III. A Teoria de Seleção Clonal

Segundo a Teoria de Seleção Clonal [7], um antígeno pode induzir o organismo à produção de anticorpos especificamente reativos a ele, através da seleção de linfócitos. O linfócito selecionado secreta anticorpos e se divide, iniciando a resposta ao patógeno. Após a sua eliminação, alguns dos clones gerados se tornam células de memória, capazes de sobreviver durante um longo período de tempo, criando a estrutura para uma resposta mais ávida num encontro subseqüente com um antígeno idêntico ou semelhante. Essa hipótese, que é questionada por alguns pesquisadores [9], se baseia na existência de alguns mecanismos do sistema imune, dentre eles:

- a maturação de afinidade, em que os clones gerados por um linfócito são submetidos a um processo de hipermutação somática de seus receptores, aumentando a afinidade ao antígeno encontrado;
- a seleção negativa, submetendo linfócitos recém criados a um processo que elimina células reativas a antígenos próprios do corpo.

Desse modo, os linfócitos que sobrevivem para formar a população de linfócitos constituem uma fração daqueles produzidos, mas expressam um grande número de receptores, suficiente para reconhecer uma quantidade virtualmente ilimitada de patógenos.

IV. Modelo Proposto

O algoritmo de seleção clonal CLONALG, proposto em [10], constitui um algoritmo inspirado no comportamento do sistema imune durante a apresentação a um antígeno:

1. Um antígeno Ag é apresentado a todos os anticorpos da população Ab;
2. Os n anticorpos da população com maiores afinidades ao antígeno são selecionados, gerando um subconjunto Ab_n;
3. Os indivíduos do subconjunto Ab_n se proliferam proporcionalmente às afinidades ao antígeno, gerando uma população de clones C;
4. Cada clone da população é submetido a hipermutação de seus receptores, inversamente proporcional à sua afinidade pelo antígeno Ag, gerando uma população C_m;
5. Selecione o clone da população C_m com maior afinidade para ser inserido no conjunto de memória Ab_m; se o clone possuir uma afinidade maior do que a afinidade de algum anticorpo de Ab_m, então esse será substituído pelo clone;
6. Selecione os N clones restantes da população C_m com maiores afinidades ao antígeno e substitua o mesmo número de anticorpos na população Ab com menores afinidades à Ag.

O modelo proposto neste trabalho, batizado de IA-AIS (*Innate and Adaptive Artificial Immune System*), pode ser considerado como uma extensão deste algoritmo, especialmente pela inclusão de macrófagos (representando a imunidade inata) e células T no sistema. Esse novo modelo pode ser descrito como:

1. Apresenta-se um microorganismo M, que pode ser ligado por macrófagos e por linfócitos, à população de macrófagos;
2. Se algum macrófago for ativado, é iniciada uma resposta imune, com a eliminação do patógeno e estimulação ou indução de linfócitos B e T. Do contrário, continua-se a apresentação;
3. Apresenta-se M, como um grupo de antígenos, à população de células B;
4. Se nenhuma célula B for estimulada, uma resposta imune não é iniciada, e a apresentação é finalizada. Senão, continua-se;
5. Cada linfócito B estimulado processa o grupo de antígenos Ags e os apresenta à população de células T;
6. Se algum linfócito T t for capaz de se ligar à algum antígeno Ag pertencente ao conjunto Ags, a célula B apresentadora recebe um segundo sinal de estimulação, sendo finalmente ativada; caso contrário, ela será suprimida. É formada uma sub-população B_a de células B ativadas;
7. Se nenhuma célula B tiver recebido esse segundo sinal, uma resposta imune não é iniciada, e a apresentação é finalizada. Do contrário, continua-se para a reprodução da população B_a;
8. Para cada um dos N linfócitos da população B_a com maior afinidades aos antígenos apresentados, são gerados n clones, segundo a equação abaixo:

$$n = max_{N_{clones}} exp(-(1 - afinidade)) \qquad (1)$$

sendo $max_{N_{clones}}$ o número máximo de clones a serem gerados por célula B ativada;
9. Os clones gerados são submetidos a hipermutação somática de seus receptores, com probabilidade inversamente proporcional à afinidade pelo antígeno que estimulou o linfócito original, gerando uma população de clones C. A taxa de mutação da cadeia, representada pela probabilidade de mutação de cada *bits* da cadeia, é dada por:

$$T_{mutacao} = 1 - exp(-fator(1 - afinidade)) \qquad (2)$$

onde $fator$ é um valor positivo, diretamente proporcional à taxa de mutação;
10. Os clones gerados são apresentados ao mesmo antígeno que levou à ativação do linfócito original. Os N_c clones com maiores afinidades são adicionados à população de células B do sistema.

Pode-se observar que o algoritmo CLONALG faz uso de uma população específica de memória: todas as células presentes nessa população são, de fato, células de memória. No modelo proposto, não existe tal população, usando-se uma abordagem diferente: quando uma célula é criada, define-se um tempo de vida, um valor inteiro positivo representando a contagem regressiva para a morte da célula. Esse valor é decrementado após cada vez em que um microorganismo é apresentado ao sistema, com a eliminação de células com um valor nulo de tempo de vida. Para simular a competição pelo reconhecimento de patógenos, um *bônus* de tempo de

vida é usado; quando ativada, uma célula terá o seu tempo de vida incrementado por esse valor, garantindo que células com um elevado número de ativações sejam mantidas, e que células pouco estimuladas sejam substituídas. Desse modo, a característica de "memória" de uma célula é intrínseca: uma célula pode ser considerada como de memória se possuir um tempo de vida elevado e/ou um grande número de ativações.

Outra diferença evidente quando se compara o modelo proposto com o CLONALG é a inclusão de células inatas (macrófagos) e linfócitos T. Esses recursos extras são introduzidos para a constituição de um modelo mais preciso, de um ponto de vista biológico.

V. METODOLOGIA

Para o funcionamento do sistema, os dados contidos em uma mensagem de *e-mail* são usados para a geração de um microorganismo a ser apresentado ao sistema. São utilizados o endereço de *e-mail* do remetente, o texto da mensagem e as *tags* HTML, para o caso de uma mensagem em HTML, de acordo com a figura 1.

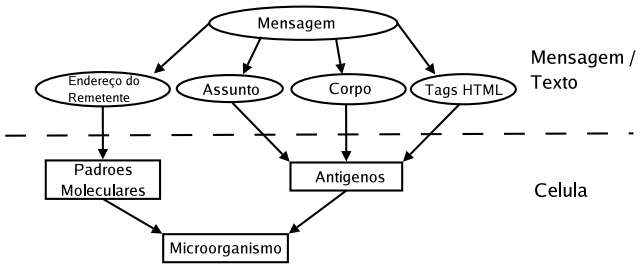

Figura 1. Passos para a criação de um microorganismo a partir de uma mensagem

Para a criação de células B, T, macrófagos, padrões moleculares e antígenos, é usada uma codificação especial de 6 *bits*, contendo caracteres alfa-numéricos e alguns símbolos, sendo atribuído um valor numérico a cada caracter. Caracteres semelhantes (como, por exemplo *O* e *0*, *E* e *3*) possuem valores que diferem apenas por um ou dois *bits*. A partir de uma seqüência de caracteres, gera-se uma cadeia binária, que é a representação usada e reconhecida pelo sistema.

Para checar a possibilidade de ligação entre um receptor e um determinante antigênico ou padrão molecular, calcula-se a afinidade entre eles, dada pela quantidade relativa de *bits* iguais nas duas cadeias. A afinidade entre duas cadeias X e Y, em que Y é mais curta ou de mesmo tamanho que X, é dada por:

$$afinidade = \frac{1}{B}(B - \sum_{i=1}^{B}(X_{i+offset} \oplus Y_i)) \qquad (3)$$

onde B é o número de *bits* em Y e $offset$ é a posição inicial de ligação em X, e o símbolo $\oplus$ indica o operador binário ou-exclusivo. Para o caso de duas cadeias idênticas, o somatório seria igual a zero, resultando numa afinidade igual a 1.

Essa medida difere da usada pelo sistema imune humano, em que o reconhecimento é feito por complementariedade, e não por similariedade. Usando essa função para cálculo da afinidade, em conjunto com a codificação descrita, é possível que uma célula com um receptor *"teste"* se ligue a um receptor *"t3st3"*, se a afinidade mínima para ligação permitir. Dessa forma, a grafia alternativa de palavras não impede a verificação de uma palavra.

Para a utilização do sistema, é necessário que seja feito o seu treinamento, em que o usuário classifica determinadas mensagens como sendo *SPAM* ou não. Após o treinamento, gera-se uma população inicial de células. O endereço de *e-mail* do remetente é usado para a geração de receptores de macrófagos, enquanto que o corpo e *tags* da mensagem são usados para a geração de receptores de linfócitos B e T, que têm um determinado número de sítios de ligação. Tais receptores são criadas a partir de padrões aleatórios de *SPAM* usados no treinamento. As células B geradas são submetidas à seleção negativa, em que são apresentadas aos antígenos gerados a partir de mensagens legítimas usadas no treinamento, com a eliminação das células B ativadas. Após serem gerados os receptores, resta ainda definir o tempo de vida, específico para cada tipo de célula.

A partir desse ponto, o sistema encontra-se funcional. Para analisar uma mensagem, cria-se um microorganismo correspondente, da mesma forma que no treinamento. Primeiramente, os padrões moleculares criados a partir do endereço de *e-mail* do remetente é apresentado aos macrófagos. Se algum deles for ativado, a mensagem é identificada como sendo *SPAM*, com a estimulação da imunidade adaptativa, através da criação de células B e T a partir dos demais padrões (antígenos) da mensagem. Se nenhum macrófago for ativado, então o microorganismo, como um grupo de antígenos, é apresentado aos linfócitos B; aqueles que forem estimulados apresentam os antígeno às células T do sistema, que permitem às essas células serem então ativadas. Ao final desse processo, a mensagem é identificada como *SPAM* se algum linfócito B tiver recebido esse sinal de ativação. Nesse caso, pode-se usar os dados dessa mensagem para adicionar aos padrões usados para a geração de células.

Uma importante otimização implementada é que, antes de se analisar o corpo da mensagem, uma operação cara, de um ponto de vista computacional, o assunto da mensagem e o endereço de *e-mail* do remetente são analisados. Essa modificação permite não somente diminuir o tempo de análise, mas também visualizar com que freqüência o sistema é capaz de identificar um *SPAM* somente pelo seu assunto e/ou remetente.

Apesar de inspirado no sistema imune, algumas decisões tomadas ao se adaptar o modelo proposto para a classificação de mensagens de *e-mail* violam claramente alguns princípios imunológicos:

- o fato de se usar o endereço de *e-mail* do remetente de uma mensagem classificada pelo sistema

como *SPAM* para a criação de macrófagos. Os padrões usados para gerar células inatas deveriam ser estáticos (ou seja, somente os padrões obtidos durante o treinamento poderiam ser usados). A geração de macrófagos dessa forma é uma tentativa de treinar o sistema com dados adicionais;

- quando uma mensagem é classificada como *SPAM* pela imunidade inata, o sistema adaptativo é estimulado através da criação de linfócitos a partir dos demais padrões da mensagem. Uma abordagem mais fiel biologicamente seria realmente estimular o sistema, através da secreção de citocinas. Por questões de simplicidade do modelo, a secreção dessas proteínas não foi proposta. Conseqüentemente, usou-se um procedimento de estimulação mais "direto".

Conforme mencionado, essas "violações" são introduzidas na expectativa de proporcionar melhores resultados do que os que seriam produzidos por uma implementação mais fiel biologicamente.

VI. Resultados obtidos

O modelo proposto foi implementado computacionalmente na linguagem C++ , numa plataforma AMD64™ de 2.2 GHz, usando código compilado em 64 *bits* em ambiente *Linux*™. Para análise do sistema, foi usado um conjunto de *SPAMs* disponíveis em [12], e mensagens legítimas de um dos autores. As variáveis do sistema usadas estão apresentadas na tabela I.

TABLE I
Variáveis usadas

Parâmetro	**Cél. B**	**Cél. T**	**Macróf.**
Tempo de vida (em Iterações)	150	400	1200
Bônus de tempo de vida (em Iterações)	70	100	800
Número de células adicionadas a cada iteração	8	5	3
Número máximo de células a serem clonadas	10	-	-
Número máximo de clones por célula	1	-	-
Fator de hipermutação	0.4	-	-

Para o treinamento do sistema, foram usados 1510 *SPAMs* e 1482 mensagens legítimas. Após a etapa de obtenção de padrões dessas mensagens, concluída em 60 segundos, foi feita a geração da população inicial, com 4500 células B, 5000 células T e 1000 macrófagos, realizada em cerca de 200 segundos.

Finalmente, iniciou-se a análise de 2918 mensagens, sendo 1547 *SPAMs* e 1371 legítimas. Foi escolhida uma heurística para evitar que todas as mensagens de um determinado tipo fossem analisadas em seqüência. Tal procedimento poderia levar a resultados incorretos, pela "super-estimulação" do sistema (durante a análise de *SPAM*) ou pela "super-supressão" a que poderia ser induzido o sistema durante a análise das mensagens legítimas. Dessa forma, as mensagens a serem analisadas foram misturadas aleatoriamente antes do processo, o que permite a obtenção de resultados mais confiáveis.

Adicionalmente, em caso de uma classificação incorreta, o sistema é corrigido da seguinte forma: para o caso de um falso positivo (mensagem legítima classificada como *SPAM*), são eliminadas as células que foram estimuladas pelo microorganismo correspondente; em caso de falso negativo (*SPAM* classificado como mensagem legítima), força-se o sistema a reconhecer o patógeno apresentado, através da geração de células especificamente reativas a ele.

O processo de análise foi concluído em cerca de 45 minutos, incluindo todo o tempo necessário para carregar as mensagens do disco, obtenção dos padrões, apresentação para as células, atualização do sistema, adição de novas células à população e correção do sistema, em caso de erro. Ao final da análise, o sistema havia classifido corretamente 1525 *SPAMs* (correspondendo a 98,6% de acerto) e 1349 mensagens legítimas (correspondendo a 98,4% de acerto). Dentre os 1525 *SPAMs* corretamente classificados, 213 foram identificados somente através da análise do assunto e endereço do remetente, sem nenhum falso positivo (mensagem legítima classificada como *SPAM*).

Em relação ao tempo de análise, a classificação de *SPAMs* levou, em média, 1 segundo, contra 0,7 segundos para a análise das mensagens legítimas. O tempo extra é gasto no processo de clonagem, envolvendo o cálculo do número de clones a serem gerados, a clonagem em si, a hipermutação, determinação das afinidades dos clones e adição dos clones à população.

Os gráficos nas figuras 2 até 4 ilustram o comportamento do sistema durante a análise das mensagens. De acordo com a figura 2, o número de células B no sistema aumenta linearmente à medida em que as mensagens são analisadas, até que uma determinada mensagem é apresentada. Isso é devido ao fato que linfócitos B jovens são adicionados ao sistema a cada iteração, além dos clones gerados pelas células B ativadas. Ao observar-se mais atentamente o gráfico, nota-se que, após analisar a mensagem número 150, exatamente o tempo de vida das células B, aproximadamente 2000 linfócitos B não estimulados são eliminados, correspondendo ao descarte de informação pelo sistema. Após esse momento, o número de células B na população continua a aumentar, mas não tão rapidamente. Um comportamente muito semelhante é mostrado nas figuras 3 e 4, lembrando que os tempos de vida de células T e macrófagos são, respectivamente, 400 e 1200. O tamanho dessas duas populações não aumenta tão rapidamente quanto a de células B porque mais linfócitos B são

adicionados a cada iteração e, ao contrário das células B, macrófagos e linfócitos T não podem se reproduzir, no modelo proposto.

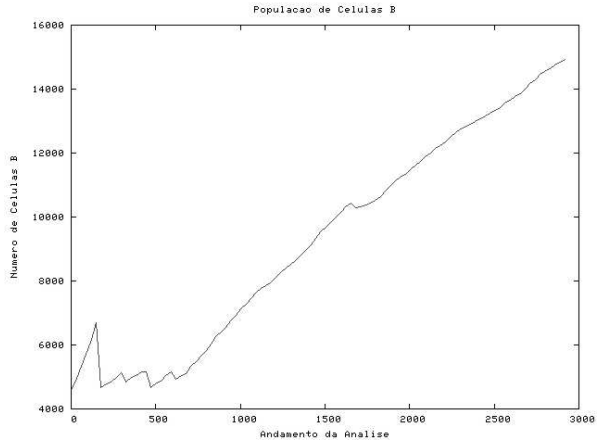

Figura 2. Tamanho da população de células B

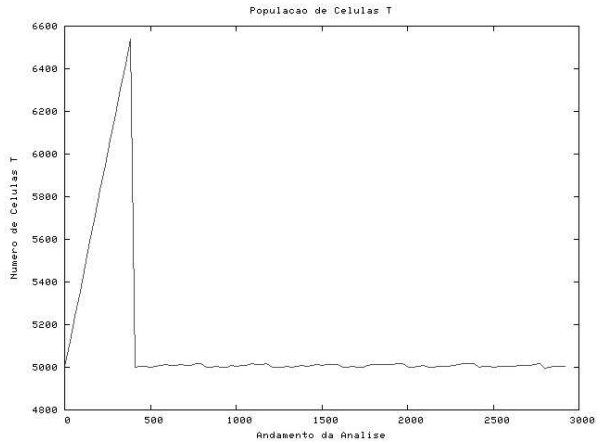

Figura 3. Tamanho da população de células T

É interessante observar que a população de células B (figura 2) não apresenta uma propriedade clássica do sistema imune: a estabilização do número de células após a eliminação do patógeno, com um decaimento sub-seqüente na quantidade dessas células. A ausência desse comportamento pode ser devido ao fato de que, antes que as células geradas em resposta a um determinado microorganismo sejam eliminadas, uma outra resposta tem que ser iniciada para um patógeno diferente, levando à geração de mais clones. Como células jovens são também geradas a cada iteração, o número de linfócitos B tende a aumentar continuamente. Uma forma de induzir o sistema a atingir esse comportamento de estabilização seria usar um tempo de vida menor para os clones gerados, ao invés de usar o mesmo valor de linfócitos jovens.

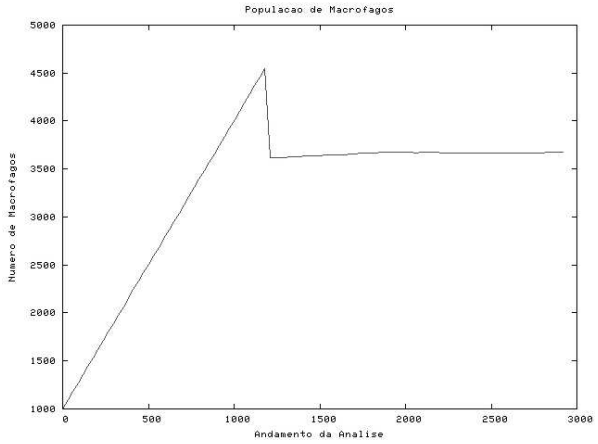

Figura 4. Tamanho da população de Macrófagos

VII. Comparação com outros modelos

Para efeito de comparação, foi implementado um modelo de classificação de mensagens de *e-mail* proposto em [13], com as alterações e otimizações sugeridas em [14].

O modelo *Bayesiano* se baseia na determinação de uma "probabilidade" para cada palavra que ocorre em mensagens legítimas e de *SPAM* usados no treinamento. Esse valor constitui a probabilidade que determinada palavra tem de ser indicativo de um *SPAM*, e é calculado, de maneira simples, da seguinte forma:

$$P_{spam} = \frac{N_{spam}}{N_{spam} + N_{legitimas}} \tag{4}$$

onde N_{spam} e $N_{legitimas}$ são os números de ocorrências da palavra em SPAM e em mensagens legítimas, respectivamente.

Para classificar uma mensagem, são obtidas as probabilidades de todas (ou um determinado número) as palavras que ocorrem no texto. A probabilidade de se tratar de um *SPAM* é dada por:

$$P_{mensagem} = \frac{\prod_{i=1}^{n} P_i}{\prod_{i=1}^{n} P_i + \prod_{i=1}^{n} (1 - P_i)} \tag{5}$$

em que P_i a probabilidade da *i-ésima* palavra da mensagem.

A execução foi feita na mesma máquina, usando as mesmas mensagens para treinamento e análise, e conseqüentemente, exatamente os mesmos padrões em cada mensagem. A etapa de treinamento foi concluída em cerca de 60 segundos, enquanto que a análise durou aproximadamente 140 segundos. Dentre os 1547 *SPAMs* analisadas, 1453 foram corretamente classificadas (94% de acerto), enquanto que 1367 das 1371 mensagens legítimas foram corretamente classificadas (99,7% de acerto).

O primeiro modelo de SIA conhecido para a classificação de mensagens de *e-mail* foi proposto em [15], e extendido mais tarde em [16]. A proposta do *IA-AIS* difere desse primeiro modelo pela inclusão de macrófagos e células T, que

é, de fato, uma grande diferença em relação a outros modelos de SIAs. Além disso, vários níveis de ligação são permitidos (variando de 0 a 1), enquanto [15] faz uso de expressões regulares para o reconhecimento de padrões, juntamente com um processo diferente de eliminação de células (baseado em pesos).

VIII. Considerações finais

Neste artigo, foi apresentado um modelo de Sistema Imunológico Artificial para a classificação de *SPAM*.

Pode-se observar que o modelo aqui proposto classificou corretamente 72 *SPAMs* a mais (equivalendo a 4,6%), e 18 mensagens legítimas a menos (ou seja, 1.3%) que o modelo *Bayesiano*, na configuração proposta.

Os resultados permitem concluir que esta é uma promissora ferramenta para a identificação de *SPAM*, apesar do maior tempo de análise. Verifica-se, também, uma menor taxa de acerto na classificação de mensagens legítimas, em comparação com o modelo *Bayesiano*. Esse é um ponto crítico para a maioria dos usuários, já que o bloqueio de uma mensagem legítima é, em geral, problemático. Assim, este constitui um ponto do modelo a ser aperfeiçoado. Já o maior tempo de análise se deve à necessidade de apresentar cada padrão da mensagem a ser analisada a todas as células do sistema, o que possui um custo computacional elevado; no modelo *Bayesiano*, basta apenas pesquisar o padrão desejado na base de dados, uma operação otimizada através do uso de algoritmos de pesquisa adequados.

Ainda em relação à questão do tempo de processamento, é importante lembrar que, para análise posterior e verificação, o microorganismo gerado (ou seja, a mensagem sendo analisada) foi apresentado a todas as células B antes de se determinar a sua classificação. Uma primeira otimização seria parar a análise assim que uma célula B fosse ativada por uma célula T, o que levaria a uma diminuição no tempo de análise de *SPAMs*.

Como trabalhos futuros, serão investigados melhoramentos no tempo de análise da implementação, de modo a viabilizar a sua aplicação em clientes de *e-mail*, e uma melhoria da regulação pelas células T, visando atingir uma menor taxa de falsos positivos.

IX. Agradecimentos

Os pesquisadores gostariam de agradecer ao apoio financeiro da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPQ). Este trabalho contará, a partir de agosto de 2005, com o apoio do UOL - www.uol.com.br.

Referências

[1] Leandro N. C. Silva and Fernando J. V. Zuben, "Learning and optimization using the clonal selection principle," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation, Special Issue on Artificial Immune Systems*, vol. 6, pp. 239–251, 2002.

[2] Leandro N. C. Silva and J. Timmis, "Artificial immune systems: A novel paradigm to pattern recognition," in *Artificial Neural Networks in Pattern Recognition*, J. M. Corchado, L. Alonso, and C. Fyfe, Eds., pp. 67–84. University of Paisley, Paisley (UK), 2002.

[3] Steven A. Hofmeyr, Stephanie Forrest, and Anil Somayaji, "Intrusion detection using sequences of system calls," *Journal of Computer Security*, vol. 6, no. 3, pp. 151–180, 1998.

[4] Steven A. Hofmeyr and Stephanie Forrest, "Architecture for an artificial immune system," *Evolutionary Computation*, vol. 8, no. 4, pp. 443–473, 2000.

[5] Etienne Pays, Luc Vanhamme, and David Peréz-Morga, "Antigenic variation in trypanosoma brucei: facts, challenges and mysteries," *Current Opinion in Microbiology*, , no. 7, pp. 369–374, 2004.

[6] Charles A. Janeway, Paul Travers, Mark Walport, and Mark Shlonmchik, *Imunobiologia - O Sistema Imune na saúde e na doença*, Artmed, Porto Alegre, 5 edition, 2002.

[7] F.M. Burnet, "The clonal selection theory of acquired immunity," 1959, Cambridge Press.

[8] Akiko Iwasaki and Ruslan Medzhitov, "Toll-like receptor control of the adaptive immune responses," *Nature Immunology*, vol. 5, pp. 987–995, oct 2004.

[9] N. M. Vaz and A. M. Faria, *Guia Incompleto de Imunologia*, Coopmed, Belo Horizonte, 1993.

[10] Leandro N. C. Silva and Fernando J. V. Zuben, "The clonal selection algorithm with engineering applications," in *GECCO'00 Workshop Preceedings*, Las Vegas, Jul 2000, pp. 36–37.

[11] Bjarne Stroustrup, *The C++ Programming Language*, Addison-Wesley, Reading, 3 edition, 1999.

[12] Jim Dornbos, "Spam: What can you do about it?," 2002, (www.dornbos.com/spam01.shtml).

[13] Mehran Sahami, Susan Dumais, David Heckerman, and Eric Horvitz, "A bayesian approach to filtering junk E-mail," in *Learning for Text Categorization*, Madison, WI, 1998, AAAI TR WS-98-05.

[14] Paul Graham, "A plan for spam," Aug 2002, (www.paulgraham.com/spam.html).

[15] Terri Oda and Tony White, "Developing an immunity to spam.," in *Genetic and Evolutionary Computation Conference*, Chicago, July 2003, vol. 2723, pp. 231–242, Springer.

[16] Terri Oda and Tony White, "Increasing the accuracy of a spam-detecting artificial immune system," in *Proceedings of the Congress on Evolutionary Computation*, Canberra, Australia, December 2003, vol. 1, pp. 390–396.