



Projet Tutoré :

Etude de la relation entre température corporelle et taux de mortalité chez les chiots par l'analyse des données de l'ENVT via NeoCare

~

DELESTRE Clémence - ESTEBE Lisa - GUENNOG Denoëla - ROEHRIG Cécile

~

Tuteurs école : Mme Imen MEGDICH & M. Lofti CHAARI

Représentant client : Mme Amélie MUGNIER

Table des matières

1. Présentation du projet.....	3
1.1. Présentation de MOA (Maître d'Ouvrage).....	3
1.2. Présentation Projet.....	3
2. Analyse des besoins et identification des livrables.....	4
2.1. Analyse du problème.....	4
2.2. Un point sur les données.....	4
2.2.1. Évaluation du jeu de données.....	4
2.2.2. Notre utilisation des données.....	5
2.3. Sélection des processus analytiques et des techniques de data science.....	5
2.4. Le livrable.....	6
3. Les premiers éléments d'analyse de données.....	6
3.1. Répartition de l'effectif.....	6
3.2. Corrélation de Pearson.....	9
3.3. Support Vector Machine (SVM).....	10
4. Méthodes et Outils de gestion de Projet.....	14
4.1. Méthodes utilisés.....	14
4.2. Outils utilisés.....	15
4.2.1. Outils de communication directs entre acteurs.....	15
4.2.2. Trello.....	15
4.2.3. Google Drive.....	16
4.2.4. Figma.....	16
5. Planification du projet au second semestre.....	18

1. Présentation du projet

1.1. Présentation de MOA (Maître d'Ouvrage)

ENVT, Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse, est une grande école formant environ un quart des vétérinaires de France. NéoCare, Néonatalogie des Carnivores Reproduction et Elevage, est quant à elle une unité de recherche de l'ENVT créée en 2016. Il s'agit d'un centre dédié à l'élevage, la reproduction et la pédiatrie canine et féline regroupant vétérinaires, étudiants, éleveurs, refuges, propriétaires et chercheurs dans un but clinique, de formation, de recherche et de service.

NéoCare mène ainsi des travaux de recherche appliquée visant à améliorer la santé des chiots et des chatons sur les premiers mois de vie via des recherches sur le développement foetal, néonatal et pédiatrique et son impact sur leur vie adulte. Ce centre a pour but la production de données scientifiques robustes, la mise au point d'outils ou de solutions pratiques à l'usage des professionnels et la diffusion de connaissances vers les étudiants vétérinaires et éleveurs.

Notre interlocutrice, Mme Amélie Mugnier, est une doctorante et résidente ECVPH (The European College of Veterinary Public Health) travaillant sur le poids de naissance des chiots et des chatons au sein de NéoCare.

1.2. Présentation Projet

En élevage canin, la mortalité avant la fin de la période de sevrage est relativement fréquente. Il est donc essentiel d'investiguer les déterminants de santé chez le chiot pour améliorer sa survie. Pour cela, certains paramètres pourraient faire office de marqueurs précoces utiles à l'anticipation de la survenue de problèmes de santé et donc de prodiguer des soins adaptés aux animaux le plus tôt possible. C'est le cas, par exemple, de la température, qui est un des éléments cruciaux du suivi clinique. En effet, la capacité de digestion du nouveau-né est directement affectée par sa température : en dessous de 35°C, le lait n'est plus digéré. Le biberonnage ne peut donc pas sauver le chiot s'il reste à cette température.

C'est au sein de ces travaux de recherche que s'inscrit notre projet. Nous réaliserons l'analyse de facteurs de risques, une approche expérimentale ayant déjà été réalisée en amont par les chercheurs.

L'objectif de ce projet est d'étudier le lien entre fluctuations de température et survenue d'un problème de santé tel qu'un épisode de diarrhée, une hospitalisation ou une mort, chez 168 chiots issus d'un même élevage. Pour cela, nous disposons d'un tableau de données (Annexe 1 : DataV1_ChrotsTemperatures.xls), fourni par Mme Mugnier, regroupant les différentes données récoltées par l'équipe et les collaborateurs de NéoCare.

C'est grâce à l'exploitation de ces données lors de diverses analyses que nous démontrerons la corrélation entre fluctuations de température et mortalité chez le chiot. Faisant suite à tout cela, un outil prédictif pourra être développé afin de prévenir les risques encourus par le chiot et œuvrer à sa santé en temps réel.

2. Analyse des besoins et identification des livrables

2.1. Analyse du problème

Ce projet a pour objectif d'étudier le lien entre les fluctuations de température et la survenue d'un problème de santé (épisode de diarrhée, hospitalisation, mortalité) chez 168 chiots issus d'un même élevage. Une analyse du lien entre les fluctuations de température et les niveaux d'excrétion du parvovirus pourra également être envisagée.

Suite à une rencontre avec Mme Mugnier, nous avons défini comment nous pourrions atteindre cet objectif. Il est apparu que nous cherchions deux seuils de température (une basse et une élevée), qui une fois franchis augmenteraient les chances de problèmes de santé pour le chiot. Pour ce faire, nous aurons besoin de données de température, d'hospitalisation, de diarrhée ou encore de présence du parvovirus du chiot. Ces données, afin d'être le plus fiable possible, devront nous être fournies par Mme Mugnier.

2.2. Un point sur les données

2.2.1. Évaluation du jeu de données

Le jeu de données que nous avons reçu de Mme Mugnier se présente dans un tableur Excel composé de deux "feuilles". La première contient les données, les lignes représentant les différents chiots et les colonnes les différents types de données tels que la température aux différents jours ou encore les hospitalisations du chiot. La deuxième feuille contient quant à elle une documentation simple des différentes colonnes.

Il existe plusieurs caractéristiques qui permettent de déceler la pertinence de données pour le besoin d'une analyse.

- Caractéristiques clés des données : Fréquence de mise à jour, granularité et exhaustivité doivent convenir au but recherché.
- Haute Qualité des données : les éléments importants pour l'analyse doivent avoir le moins de "lacunes" possibles.
- Exactitude des données : les données doivent être exactes et doivent contenir ce que le data analyst pensent qu'elles contiennent.
- Sources de confiance : nécessité d'une source unique et de qualité pour chaque information et chaque contexte.
- Facilement accessibles : une documentation suffisante des données afin qu'elles puissent être utilisées par les personnes qui en ont besoin.
- Couplage des données : les données peuvent être réunis selon les besoins en fonction de l'élément de donnée clé

Dans notre cas, nous n'avons pas besoin de mise à jour concernant les données. En effet, nous travaillerons sur des données déjà récoltées. Néanmoins, nous sommes satisfaites de la granularité et de l'exhaustivité de celles-ci. En effet, le niveau de détail des données est amplement suffisant pour nos différentes analyses et nous n'observons que très peu de données manquantes sur les colonnes de données nous intéressant.

N'étant pas vétérinaire, nous ne pouvons garantir qu'il n'y ait pas d'erreur dans les données. Cependant, les données étudiées venant directement de l'équipe de NéoCare, nous

pouvons légitimement penser que celles-ci ont été vérifiées par des personnes compétentes. En conséquence, l'exactitude des données étudiées ainsi que le niveau de confiance de celles-ci sont fortement avérés.

Le jeu de données est également accompagné d'un glossaire, expliquant le rôle de chaque colonne de mesure dans un langage compréhensible par tous (pour la plupart des données) afin que toute personne ayant accès aux données puissent comprendre celles-ci.

Enfin, en ce qui concerne le couplage des données, nous n'y sommes pas confrontées pour le moment. En effet, nous travaillons sur un unique ensemble de données et n'avons pas besoin de le faire correspondre à un autre. Cela pourra être le cas dans une hypothèse de poursuite du projet si un nouvel ensemble de données, relatives à un autre facteur de risque potentiel était ajouté pour affiner la prédiction de survenu d'un décès du chiot.

Le seul souci du jeu de données, pour nous, est qu'il contient des colonnes de données "parasites". En effet, suite à notre discussion avec Mme Mugnier nous sommes arrivées à la conclusion que certaines colonnes de données ne sont pas pertinentes pour l'analyse. C'est le cas par exemple des taux de croissance de chaque chiot. Néanmoins, nous n'avons pas les compétences vétérinaires nécessaires pour trier ces données et sommes par conséquent dans l'attente du jeu de données épuré par NéoCare et sur lequel nous réaliserons les analyses.

Mme Mugnier doit nous envoyer ces données dans les semaines à venir. Nous pouvons néanmoins affirmer que notre jeu de données est adéquat pour être utilisé dans une analyse, ou pour le moment en tous cas, une première analyse qui devrait orienter la suite de notre travail.

2.2.2. Notre utilisation des données

Afin de réaliser une analyse la plus fiable possible, nous allons devoir, sans surprise, utiliser les différentes données de températures rectales du chiot entre le jour 21 et le jour 56. Nous allons également devoir utiliser les différentes données sur les épisodes de diarrhée, les hospitalisations et les morts afin de voir les potentielles corrélations entre températures et problèmes de santé. Enfin, pour mettre en évidence le lien entre parvovirus et fluctuation de température, il est essentiel d'utiliser les données sur l'excrétion de parvovirus par le chiot.

Nous devons étudier à la fois l'état de santé du chiot par rapport à sa température à un instant t que par rapport à l'évolution de sa température sur une période de plusieurs jours ou semaines. Notre démarche sera une démarche de recherche. Il faudra expérimenter différents algorithmes d'analyse de données sur différentes fourchettes de données jusqu'à obtenir les résultats les plus représentatifs et précis possibles.

2.3. Sélection des processus analytiques et des techniques de data science

Afin de faire une analyse précise pour ce projet, nous pensons appliquer à nos données différents algorithmes. Dans un premier temps, nous devons observer la répartition de nos données sur l'effectif des 168 chiots. En effet, cela nous permettra l'homogénéité de l'effectif étudié et de mettre en évidence de potentiels biais. Nous devons ensuite appliquer l'algorithme de corrélation de Pearson sur nos données afin d'obtenir une première image des relations qui pourraient être mises en évidence. Enfin, nous appliquerons la méthode SVN (Support Vector Machine) à ces données pour une analyse détaillée de nos données en regard de la problématique posée.

2.4. Le livrable

Suite à notre entrevue avec Mme Mugnier, nous avons convenu que le livrable serait sous forme d'un document de type Word contenant les différents graphes que nous aurons obtenus. Ces graphiques et les conclusions qui les accompagnent seront par la suite utilisés par les équipes de NéoCare dans le contexte d'une potentielle publication scientifique. Nos résultats pourront également être réutilisés dans le cadre du développement d'une application de suivi de l'état de santé des chiots d'élevage en temps réel. Les seuils de températures critiques découverts suite à l'analyse de données que nous aurons pratiquée seraient alors utilisés pour la détection d'anomalies et la notification d'alertes à l'éleveur.

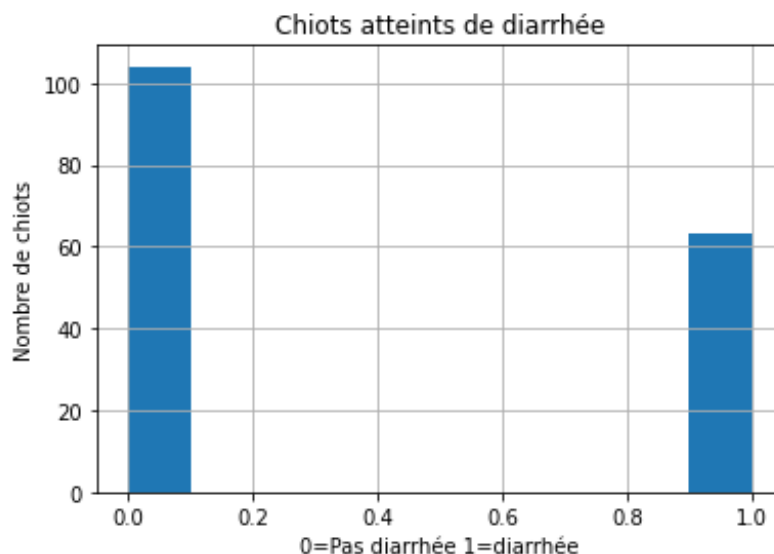
3. Les premiers éléments d'analyse de données

Bien que nous ne soyons pas encore actuellement en possession des données finales sur lesquelles l'analyse portera, nous avons appliqué plusieurs algorithmes au jeu de données dont nous sommes en possession. Ces premiers résultats pourront en effet orienter notre travail d'analyse du second semestre.

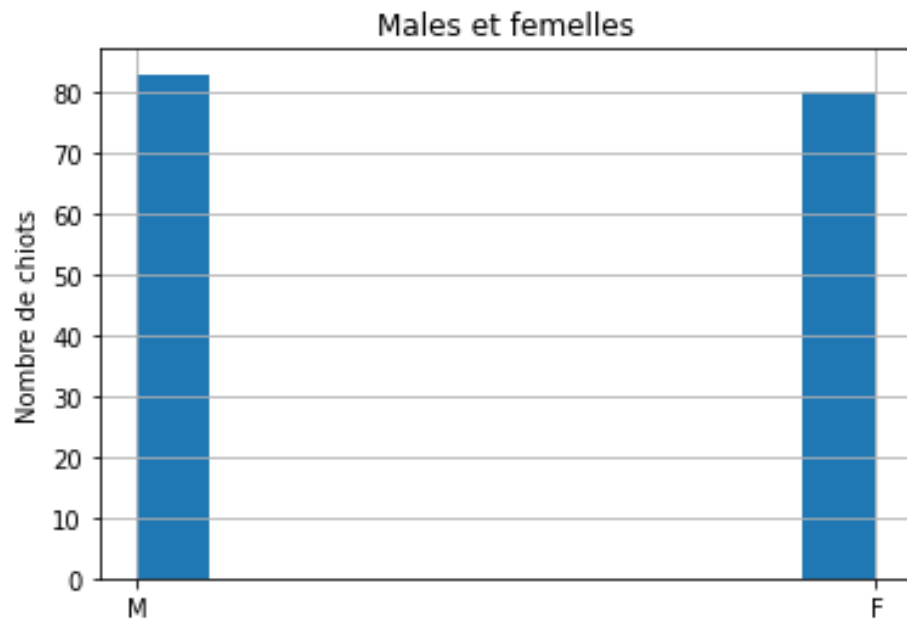
Nous avons donc réalisé cette analyse en trois temps. Dans un premier temps, nous avons observé la répartition de nos données sur l'effectif des 168 chiots. Nous avons ensuite appliqué l'algorithme de corrélation de Pearson sur nos données afin d'obtenir une première image des relations qui pourraient être mises en évidence. Enfin, nous avons appliqué la méthode SVN (Support Vector Machine) à ces données.

3.1. Répartition de l'effectif

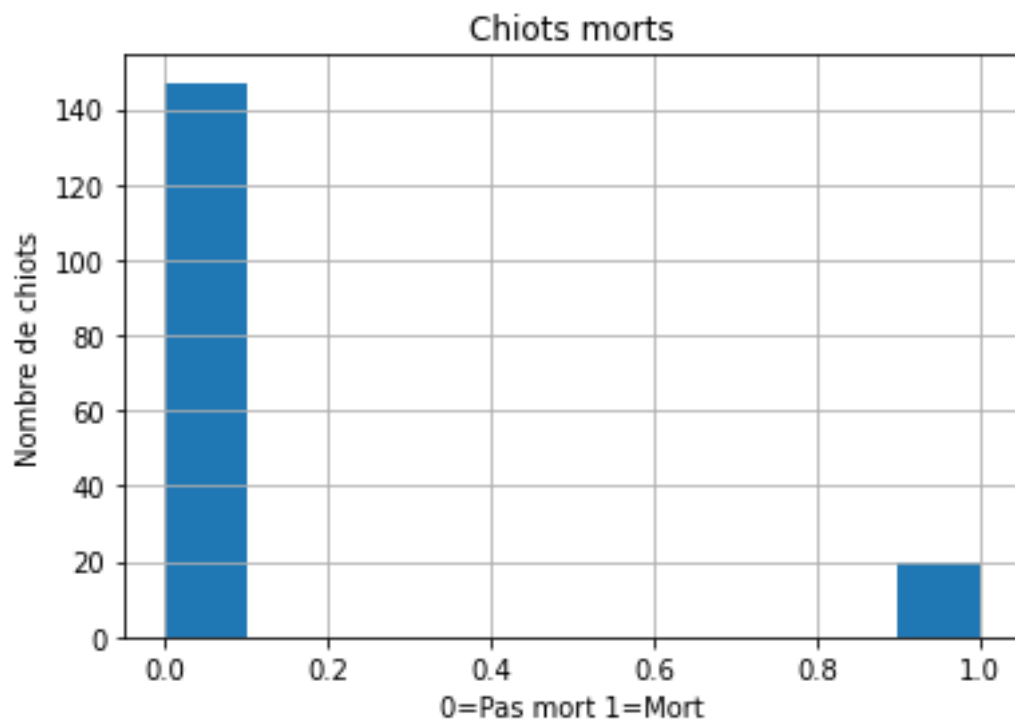
L'effectif des 168 chiots dont nous disposons des données pour notre analyse est réparti comme suit :



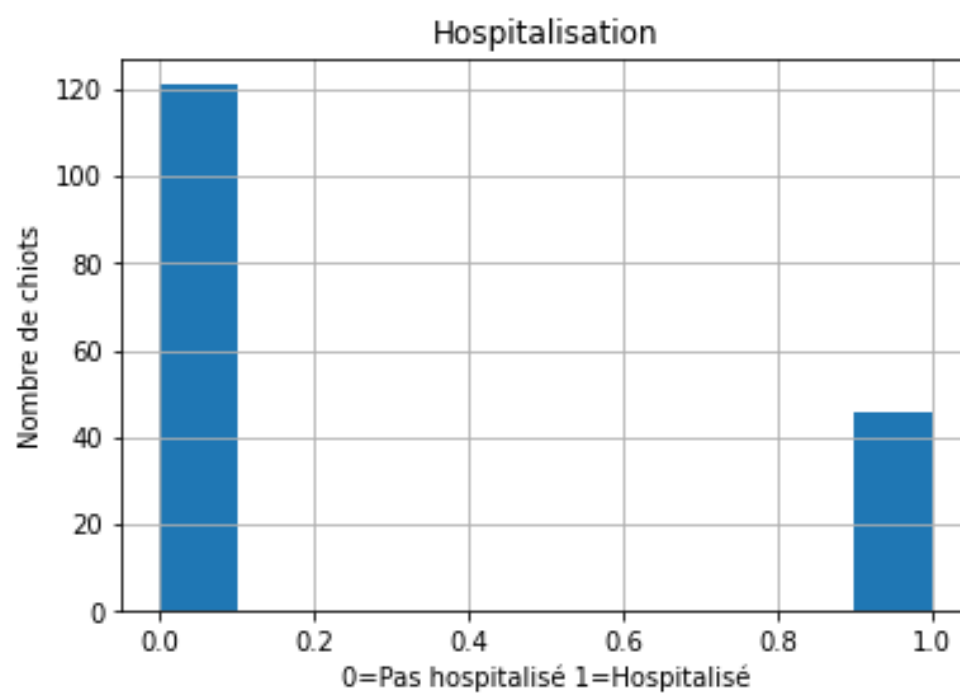
Graph 1 :chiots ayant présenté au moins un épisode de diarrhée



Graph 2 : nombre de chiots mâles et femelles



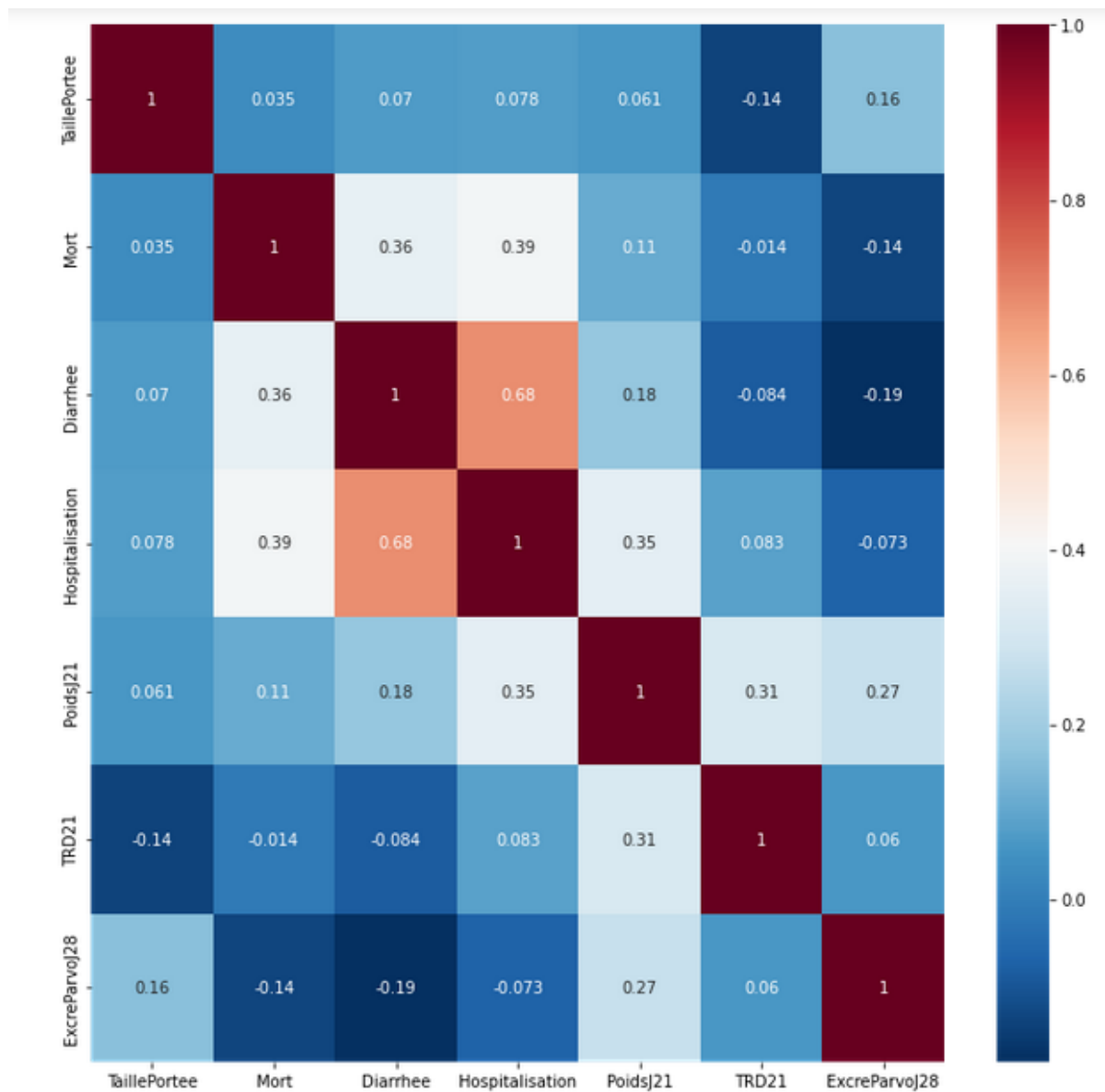
Graph 3 : chiots morts



Graph 4 : Hospitalisation chez les chiots

3.2. Corrélation de Pearson

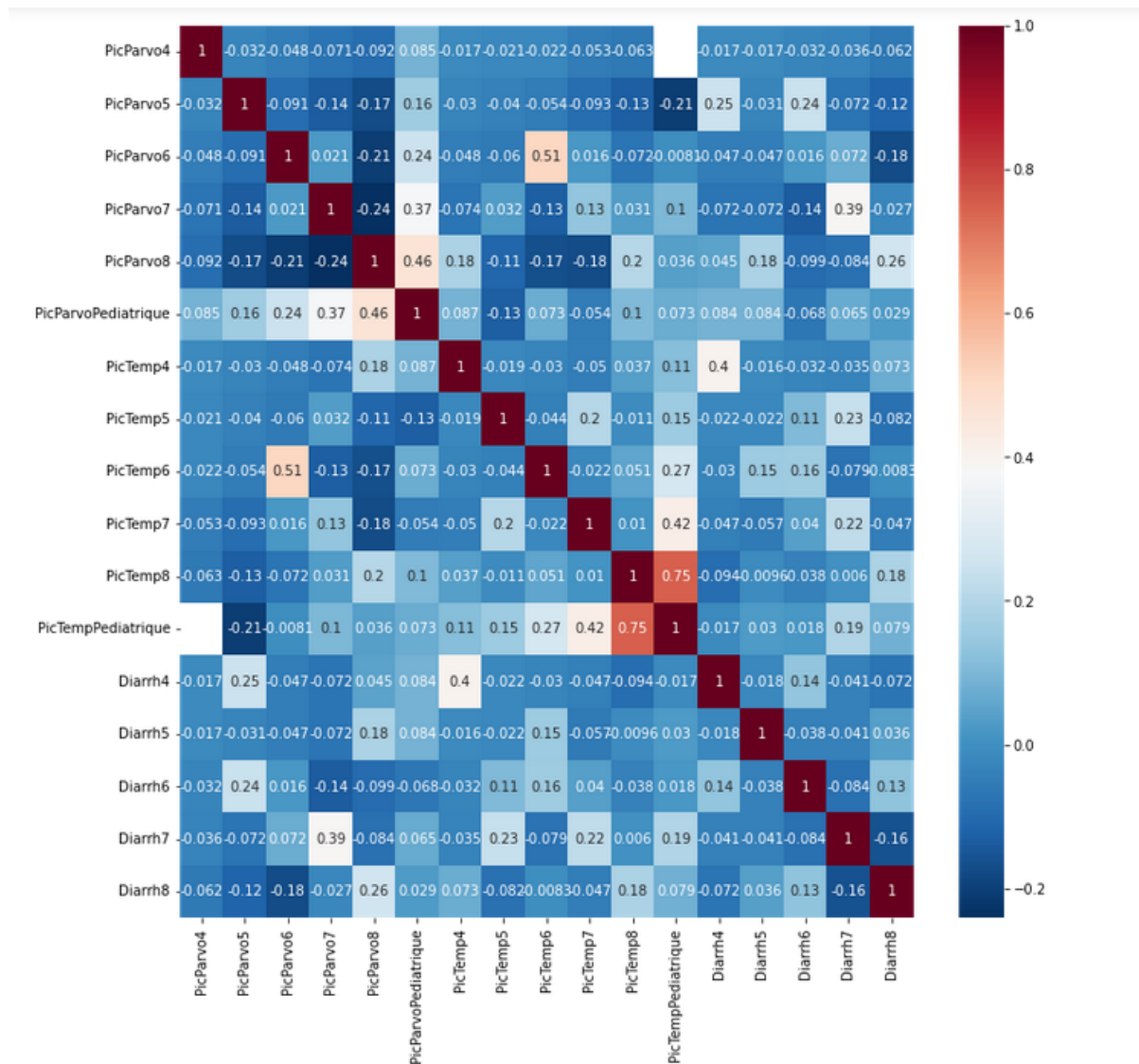
Les résultats de la corrélation de Pearson sont les suivants :



Grâce à ce graphe, on peut voir des corrélations entre :

- hospitalisation et diarrhée (0.68)
- hospitalisation et mort (0.39)
- mort et diarrhée (0.36)

Graph 5 : Corrélation de Pearson entre état de vie et maladie



A l'aide de cette matrice, on voit des corrélations entre :

- PicTemp semaine 6 et Pic Parvo semaine 6
- Pic température pendant la période pédiatrique et pic de température à la 8ème semaine

Graph 6 : Corrélation de Pearson entre température et parvovirus

3.3. Support Vector Machine (SVM)

Durant ce semestre, sous les conseils de Madame Megdich, nous avons pu commencer une approche de la prédiction des données grâce à la méthode Support Vector Machine (SVM). Cette ébauche devra être poursuivie au second semestre.

Les SVMs sont une famille d'algorithmes d'apprentissage automatique qui permettent de résoudre des problèmes de régression, de classification ou de détecter des anomalies. Leur but est de séparer les données en classes à l'aide d'une frontière, de telle sorte que la distance entre les groupes de données et la frontière soit maximale. On appelle cette distance la "marge" et on désigne les données les plus proches de la frontière par "vecteurs de support".

La méthode SVM se base donc sur deux idées :

- La maximisation de la marge, c'est-à-dire la distance entre la frontière de décision et les observations les plus proches appelés "vecteurs de supports".
- Le choix d'un hyperplan séparateur dans un nouvel espace de combinaisons non-linéaires entre les variables, dans lequel une séparation linéaire des individus est possible.

Cependant, les données étant rarement séparables par une droite linéaire, la méthode SVM repose sur l'utilisation de "noyaux" (kernel). L'utilisation de ces noyaux de différents types (linéaire, polynomial, base radiale...) permet de séparer les données en les projetant dans un espace vectoriel de plus grande dimension.

Grâce à cette méthode, nous devrons réussir à prédire la mort et l'hospitalisation d'un chiot en fonction de deux seuils de températures que nous allons devoir trouver : un seuil représentant l'hypothermie et un autre représentant l'hyperthermie. Cependant, n'ayant pas encore à disposition les données "nettoyées" par les spécialistes, nous avons fait seulement une ébauche de notre modèle.

En d'autres termes, le but serait d'analyser les températures rectales des chiots durant une durée de 35 jours à l'aide d'une fonction de fenêtre glissante prenant en paramètres un chiot et ses températures sur cinq jours. Pour entraîner notre modèle, nous pourrions prendre 80% de données d'apprentissage et 20% de données de test.

Nous allons vous présenter la démarche sous forme de tableaux, cela sera davantage compréhensible :

	TRD21	TRD22	TRD23	...	TDR55	TDR56	Diarrhée	Hospi	Mort
Chiot 1							0	1	0
Chiot 2							1	1	1
...						
Chiot 169							1	1	0

*TRD21 = Température Rectale Jour 21

Le but serait donc de créer une fonction prenant en paramètres un feature (un chiot) et 5 jours (un pas de 5). Cette fonction complètera le tableau ci-dessous en relevant les températures minimale et maximale sur 5 jours, la transformée de Fourier et la moyenne de celles-ci. Notre modèle SVM utilisera ces données pour prédire une hospitalisation, une diarrhée et dans un but ultime la mort. Il faudra donc entraîner notre modèle puis comparer les résultats des données entraînées aux informations réelles (de test) pour évaluer la précision du modèle pour ensuite pouvoir l'améliorer en changeant certains paramètres.

	Min	Max	FFT	Moyenne	Prédiction hospitalisation
Chiot 1					0
Chiot 2					1
...					...
Chiot 169					0

Dans nos premiers tests, nous avons trié le dataframe à notre disposition en utilisant seulement les données des températures et la présence de diarrhée.

Nous avons remarqué que certaines données de températures sont manquantes, soit par manque de relevé soit à cause de la mort du chiot. Pour pallier cela, nous avons fait une imputation par la moyenne sur nos données.

```
from sklearn.impute import SimpleImputer

imp_mean = SimpleImputer(missing_values=np.nan, strategy='mean')

imp_mean = imp_mean.fit(df_clean)

#On stocke les colonnes dans une variable pour qu'elles deviennent une liste
column = df_clean.columns

df_clean = imp_mean.transform(df_clean)

#On convertit df3 en dataframe
df_clean = pd.DataFrame(df_clean, columns=column)

df_clean
```

	ID	Mort	Diarrhee	Hospitalisation	TRD21	TRD22	Ti		Mort	Diarrhee	Hospitalisation	TRD21	TRD22
0	L2A	1	1	1	37.5	37.5		0	1.0	1.0	1.0	37.5	37.500000
1	L2B	0	1	0	37.4	37.8		1	0.0	1.0	0.0	37.4	37.800000
2	L2C	0	0	0	37.3	37.5		2	0.0	0.0	0.0	37.3	37.500000
3	L2D	0	1	1	37.3	37.8		3	0.0	1.0	1.0	37.3	37.800000
4	L2E	0	1	1	37.4	37.5		4	0.0	1.0	1.0	37.4	37.500000
...
162	L54A	0	0	0	37.8	37.6		162	0.0	0.0	0.0	37.8	37.600000
163	L54C	0	0	0	37.2	NaN		163	0.0	0.0	0.0	37.2	37.452121
164	L54G	0	0	0	37.4	37.5		164	0.0	0.0	0.0	37.4	37.500000
165	L55F	0	0	0	37.2	37.1		165	0.0	0.0	0.0	37.2	37.100000
166	L55H	0	0	0	37.6	37.3		166	0.0	0.0	0.0	37.6	37.300000

Ensuite, nous avons défini notre x en prenant toutes les colonnes de température et notre y en sélectionnant seulement la colonne booléenne de la diarrhée.

```
#On va créer notre dataframe avec les données tests et les données entraînées

# on garde toutes les colonnes de la température
x = df_clean.iloc[:, 5:40].values
print (df_clean.iloc[:,5:40])
# pour le y diarrhée ou pas
y = df_clean.iloc[:,1].values
print(df_clean.iloc[:,1])
```

Nous avons pris 25% de données tests et 75% de données d'entraînement pour notre modèle.

```
from sklearn.model_selection import train_test_split
x_train, x_test, y_train, y_test = train_test_split(x, y, test_size=0.25, random_state= 0)
```

Ensuite, nous avons créé notre modèle SVM et nous avons testé plusieurs paramètres dessus.

```
model_SVM = svm.SVC()
model_SVM.fit(x_train, y_train)
model_SVM.score(x_train, y_train)
y_predic_train_SVM= model_SVM.predict(x_train)
y_predic_SVM= model_SVM.predict(x_test)
```

Et nous avons obtenu ces résultats :

Classification Report for SVM				precision	recall	f1-score	support
0.0	0.78	1.00	0.88	76			
1.0	1.00	0.57	0.73	49			
accuracy			0.83	125			
macro avg	0.89	0.79	0.80	125			
weighted avg	0.87	0.83	0.82	125			

Classification Report for SVM				precision	recall	f1-score	support
0.0	0.72	0.93	0.81	28			
1.0	0.67	0.29	0.40	14			
accuracy			0.71	42			
macro avg	0.69	0.61	0.61	42			
weighted avg	0.70	0.71	0.68	42			

La précision permet de connaître le nombre de prédictions positives bien effectuées. En d'autres termes, c'est le nombre de positifs bien prédits (Vrai Positif) divisé par l'ensemble des positifs prédits (Vrai positifs + Faux positifs).

Le recall permet d'obtenir le pourcentage de positifs bien prédits par notre modèle. Le f1-score est la moyenne entre recall et précision.

Le premier rapport de classification est construit avec les données tests appliquées à notre modèle : on obtient 78% de précision, 100% de recall et un f1-score de 88% pour 0 (= pas de diarrhée.) Pour la présence de diarrhée, on obtient une précision de 100%, un recall de 57% et donc un f1 de 73%.

Le second rapport de classification est réalisé avec les données prédites et nous obtenons un f1 de 81% pour l'absence de diarrhée et de 40% pour la présence de diarrhée. Notre modèle est très loin d'être parfait et devra être retravaillé et analysé.

Cependant, nous avons testé avec différents paramètres passés à la méthode SVM et nous obtenons les meilleurs résultats avec un noyau de type base radiale, un paramètre C de 1 et un gamma de 10.

Pour un noyau de fonction de base radiale, gamma sert à contrôler la distance de l'influence d'un seul point d'entraînement. Le paramètre C est notamment utilisé avec un noyau linéaire, mais pour RBF, il doit être optimisé en même temps que gamma. Ici, nous avons pris $C = 1$ et nous avons obtenu :

```
model_SVM = svm.SVC(kernel='rbf', C= 1, gamma=10)
model_SVM.fit(x_train, y_train)
model_SVM.score(x_train, y_train)
y_predic_train_SVM= model_SVM.predict(x_train)
y_predic_SVM= model_SVM.predict(x_test)
print('Classification Report for SVM ', classification_report(y_train, y_predic_train_SVM))
print('Classification Report for SVM ', classification_report(y_test, y_predic_SVM))
```

Classification Report for SVM					precision	recall	f1-score	support
	0.0	1.00	1.00	1.00	76			
	1.0	1.00	1.00	1.00	49			
accuracy				1.00	125			
macro avg		1.00	1.00	1.00	125			
weighted avg		1.00	1.00	1.00	125			
Classification Report for SVM					precision	recall	f1-score	support
	0.0	0.67	1.00	0.80	28			
	1.0	0.00	0.00	0.00	14			
accuracy				0.67	42			
macro avg		0.33	0.50	0.40	42			
weighted avg		0.44	0.67	0.53	42			

On voit donc que le premier rapport de classification réalisé avec les données tests a une précision et un recall de 100% pour la présence et l'absence de diarrhée. En revanche, le second rapport est catastrophique concernant la présence de diarrhée, aucune donnée n'a été prédite.

4. Méthodes et Outils de gestion de Projet

Du point de vue de la gestion de projet, nous avons utilisé plusieurs outils pour collaborer au mieux ensemble sur ce projet. Afin d'être le plus efficaces possible nous avons privilégié des outils offrant des services collaboratifs en ligne. Ils nous permettront ainsi de travailler simultanément même à distance et de nous tenir informés en temps réel de notre avancement mutuel.

4.1. Méthodes utilisés

Pour mener à bien ce projet, et tout particulièrement cette première partie pour laquelle nous n'avons pas disposé d'énormément de temps, nous avons décidé de recourir à une méthode adaptée au travail d'équipe. C'est donc naturellement que nous nous sommes

tournées vers les méthodes Agile et plus particulièrement vers celle du Scrum.

Les méthodes Agile reposent sur une unité de temps nommée Sprint et pendant laquelle le client est placé au cœur de la réflexion. Il s'agit également de travailler sur des objectifs à court terme, en favorisant la communication entre les membres de l'équipe et l'adaptabilité de chacun. Ces derniers points rendent donc la méthode particulièrement adaptée à notre situation.

Le modèle d'application de méthode Agile que nous avons choisi de suivre est quant à lui le Scrum. Pour ce faire, nous avons défini des objectifs et mis en place plusieurs outils de gestion de projet comme un Trello. L'utilisation de ces outils, accompagné de rencontres régulières entre les membres de l'équipe projet nous ont permis de réaliser les premières étapes d'analyse présentées ci-avant et de rédiger ce rapport.

4.2. Outils utilisés

4.2.1. Outils de communication directs entre acteurs

Pour les besoins de ce projet il nous a fallu être en mesure de communiquer avec plusieurs parties prenantes distinctes. De plus, nous ne pouvions pas diffuser de la même manière les documents, questions et autres informations relatives à notre travail à l'intégralité de ces personnes. Nous avons donc séparé les intervenants de ce projet en trois groupes.

Dans un premier temps, il nous fallait pouvoir communiquer entre nous en temps qu'équipe. C'est conversation sont d'une importance primordiale lors d'un tel projet. Nous avons décidé très tôt dans le projet de les regrouper dans une conversation Messenger, outil de chat très utilisé au sein de notre promotion.

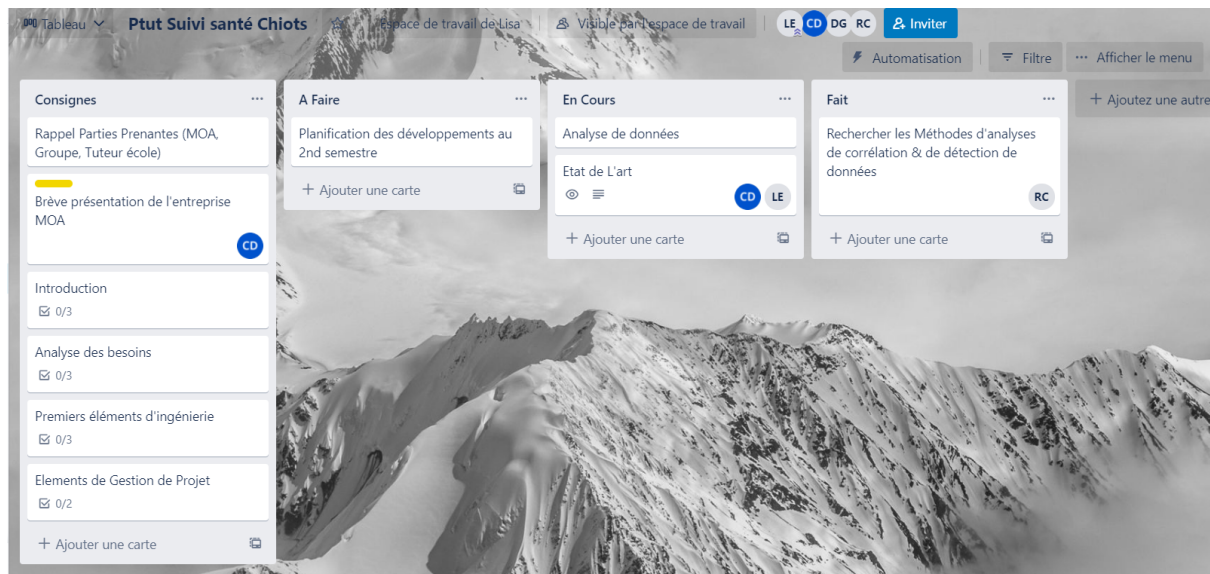
Il était également important que nous restions régulièrement en contact avec nos tuteurs école. Cela nous permet de leur poser des questions, de les tenir informés de nos avancés ou encore de prendre rendez-vous pour une réunion de suivi. Pour ce faire, nous avons créé avec eux un groupe de discussion Discord. Nous communiquons également au besoin par mail.

Pour échanger avec Mme Mugnier, notre contact chez NéoCare, nous avons choisi d'utiliser les mails.

Enfin, nous utilisons la suite Zoom dès lors que nous devons nous rencontrer à distance. Cela permet un contact direct, ce qui permet souvent d'éclaircir plus vite des points potentiellement bloquant du projet. Ce logiciel a également l'avantage de nous être rendu accessible par l'Université, ce qui facilite son utilisation.

4.2.2. Trello

Pour avoir une visualisation globale des tâches à réaliser tout au long du projet, nous avons utilisé Trello, outil collaboratif basé sur la méthode Agile. Comme montré sur l'illustration qui suit, les tâches sont classées en plusieurs catégories en fonction de leur état : à faire, en cours, fait, vérifié. Cette solution web, en plus d'être gratuite, permet à tout moment de déplacer un tâche d'une catégorie à une autre, de la modifier, la commenter ou encore de l'attribuer à une personne du groupe pour réalisation.



4.2.3. Google Drive

Toujours dans l'optique de partager en permanence l'état d'avancement de nos travaux, nous avons créé et partagé un Google Drive regroupant les documents fournis par le client, les tableaux de données étudiés, le rapport de projet, etc.

L'existence de ce drive permet avant tout à chacun des membres du groupe de retrouver l'ensemble des documents nécessaires à son travail dans un espace unique, accessible depuis n'importe quel appareil et à tout moment. Cela permet également à chacune d'entre nous d'avancer sur le projet aux horaires de son choix sans être dépendante des emplois du temps des autres.

4.2.4. Figma

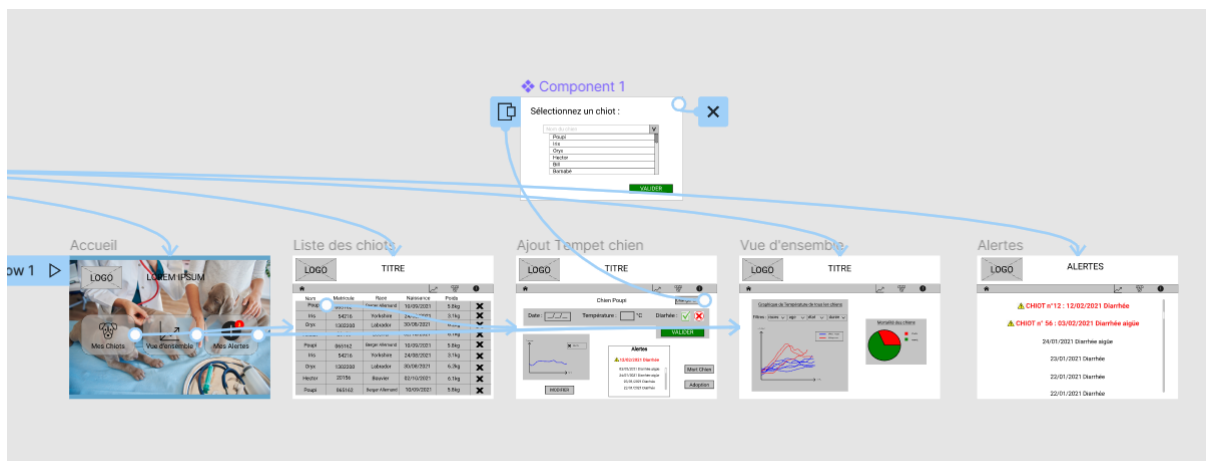
Bien que le besoin principal de NéoCare soit une analyse des données relatives à la température de ses chiots et à leur état de santé, il a été évoqué que la création d'une application de suivi de cet état pour chaque chiot serait à terme très utile.

Nous avons d'utiliser pour cela le logiciel web Figma afin de réaliser une maquette d'application pour le client. Cet outil, une fois de plus collaboratif, permet la création de wireframe et maquette pour différents formats d'écran et de les rendre très facilement cliquables. Cela permet de rendre très rapidement la maquette réalisée vivante, interactive et donc plus réaliste. Lors d'une présentation à un client, cela lui permet de s'y projeter beaucoup plus facilement.

N'ayant pas reçu tout de suite les données pour travailler sur la partie analyse, nous avons décidé de ne pas perdre de temps et de commencer une maquette pour cette application.



Page d'accueil du wireframe réalisé



Ébauche de wireframe



Cette maquette est consultable sur le lien suivant :

<https://www.figma.com/proto/jm0IWRU6fcndqdwpetr3aY/WireframeAppli?node-id=6%3A3&scaling=scale-down&page-id=0%3A1&starting-point-node-id=6%3A3>

Cette dernière n'est qu'à l'état d'ébauche mais donne une première idée de ce qui pourrait être réalisé. Enfin, il est peu probable qu'une application puisse être développée cette année, l'analyse des données étant la priorité. En revanche, cela pourrait faire l'objet d'un projet dans les années à suivre.

5. Planification du projet au second semestre

Au second semestre le projet sera repris par un autre groupe. Seule Denoëla Guennoc reste dans ce groupe. Cécile Roehrig, Clémence Delestre et Lisa Estebe seront remplacées par de nouveaux membres revenant de mobilités internationales. Cette nouvelle équipe n'a pas encore été constituée et le sera au plus tôt à leur retour de l'étranger au mois de février.

Plusieurs missions devront être réalisées au second semestre en fonction du nombre d'étudiants qui rejoindront l'équipe projet et du temps effectifs qui sera dédié aux projets tutorés. En effet, il faudra dans un premier temps finir l'analyse des données qui devraient nous avoir été communiquées dans leur version finale d'ici là.

A l'issue du travail d'analyse, nous pourrions également se baser sur les résultats obtenus pour développer un outil prédictif afin de prévenir les risques encourus par le chiot et œuvrer à sa santé de façon anticipée. Cette dernière partie du travail à réaliser pourra être faite le semestre prochain ou bien au cours des années qui suivront si l'analyse des données, prioritaire, ne nous en laisse pas le temps.

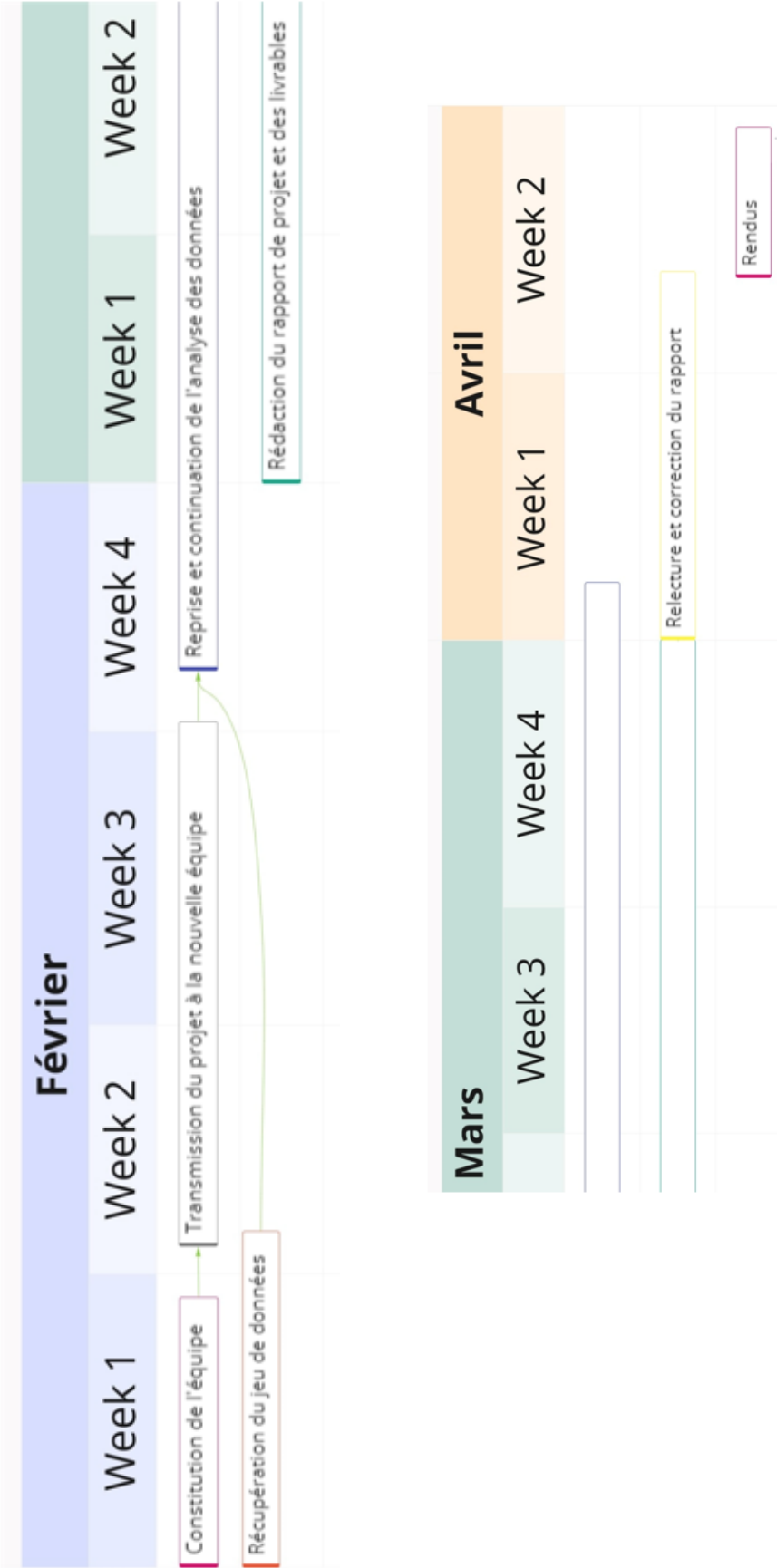


Diagramme de Gantt du semestre 2