Développement Web : HTML 5 / CSS 3 / JavaScript Projet final

Charlotte HÉRICÉ charlotte.herice@u-bordeaux.fr

Université de Bordeaux M1 Bio-Informatique Année 2019-2020

Sujet

Vous étudiez le mécanisme de liaison d'un neurotransmetteur à son récepteur.

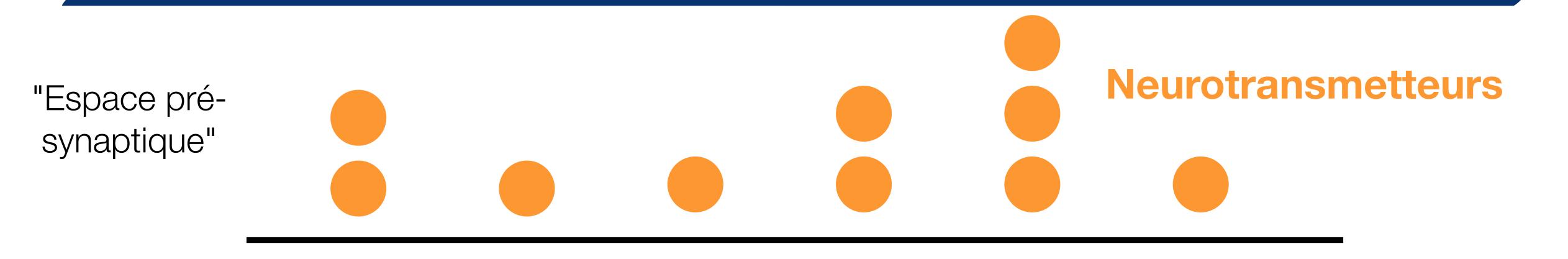
Le récepteur est fermé par défaut.

Lorsqu'un neurotransmetteur rencontre un récepteur fermé, ils vont former le récepteur ouvert.

Vous allez utiliser le modèle géométrique fourni (10 sujets possibles) pour modéliser ce mécanisme: neurotransmetteur + récepteur fermé = récepteur ouvert

Notation

- Date de rendu: vendredi 10 avril avant minuit.
- Documents à rendre:
- Archive avec les **fichiers HTML, CSS et JavaScript** commentés (sans oublier nom, prénom, numéro du sujet) et fonctionnels
- **Rapport** type article (2 colones, 3-4 pages, en LaTeX) avec des illustrations du rendu de votre programme, éventuellement graphes d'évolution du nombre de molécules au cours du temps, une explication de votre code et de l'algorithme, une brève conclusion du résultat de la modélisation (nombre de molécules au départ, nombre de récepteurs ouverts à la fin en fonction de vos paramètres et de votre configuration).
- La note finale tiendra compte du code (60%) et du rapport (40%).
- J'ai essayé de faire en sorte que tous les sujets soient tous d'une difficulté équivalente. Je préfère un rendu plus simple mais avec un code bien écrit et bien expliqué plutôt qu'un rendu "artistique" avec un code mal écrit et/ou mal expliqué (et encore mois si ce n'est pas de vous).
- Si vous avez des questions, difficultés pour le code, le rapport ou LaTeX, je suis disponible par mail et sur le forum du Moodle.
- Le projet est à faire individuellement

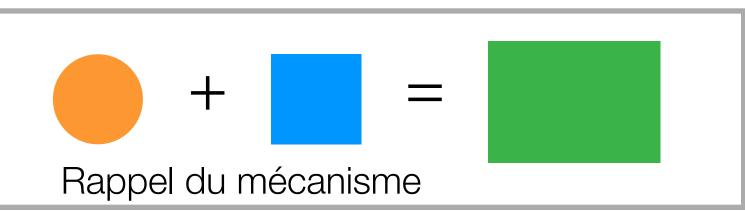


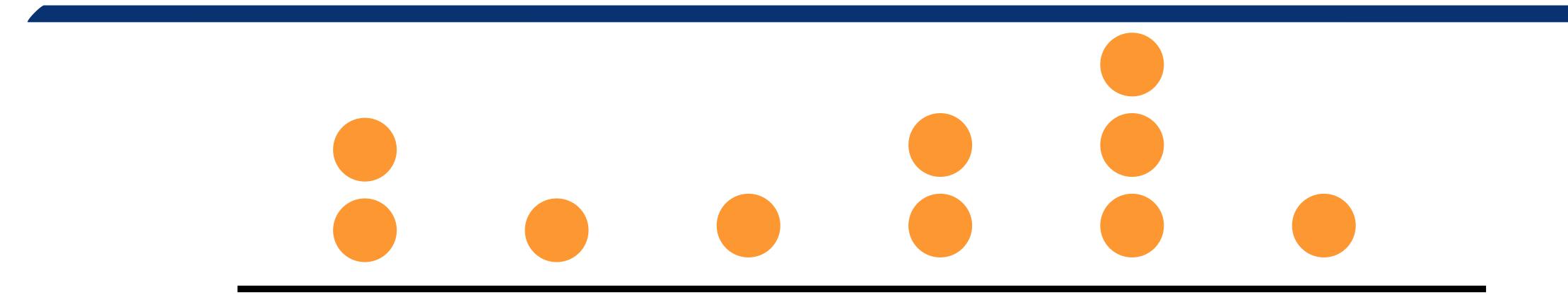
"Espace intersynaptique"

Exemple de rendu



Récepteurs fermés

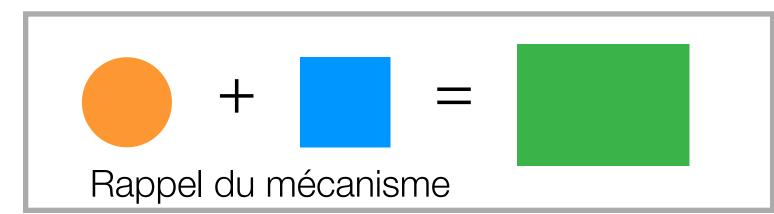


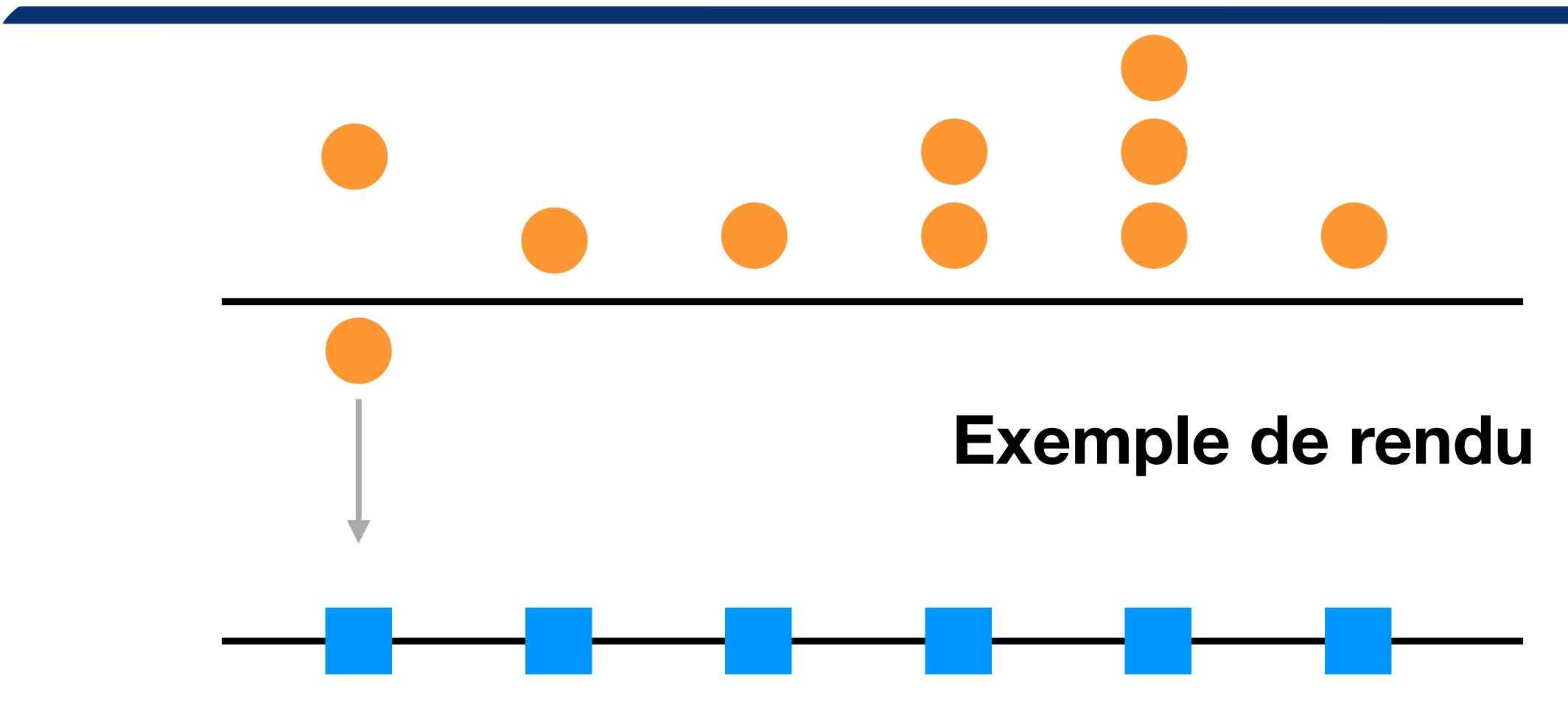


Exemple de rendu



Au départ, toutes les molécules de neurotransmetteurs et de récepteurs fermés sont affichées à l'écran. Leur nombre et positions sont aléatoires.

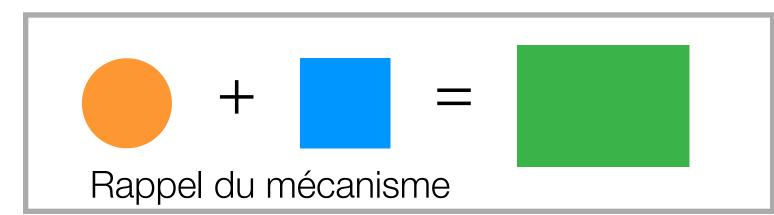


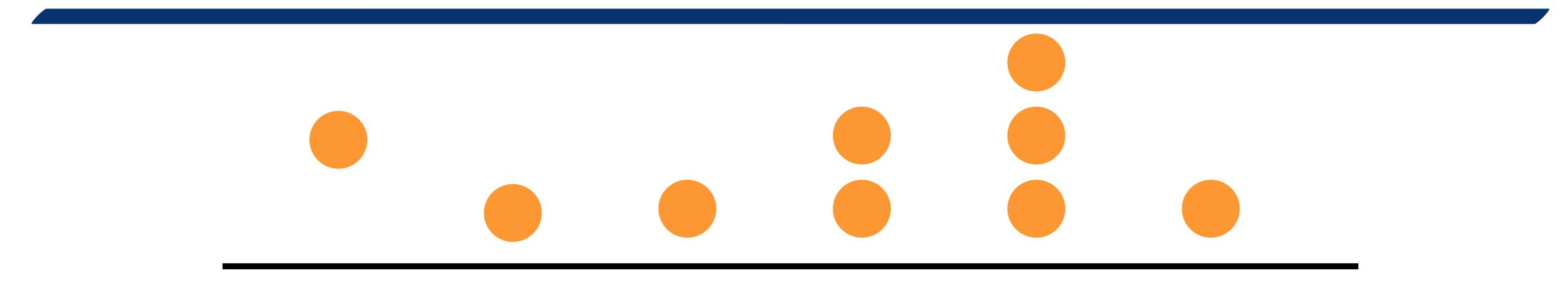


≈ Les neurotransmetteurs vont sortir de l'espace présynaptique, à vitesse constante.

La "sortie" de chaque molécule se fait aléatoirement.

Dans cette configuration, les neurotransmetteurs n'ont qu'un déplacement vertical.

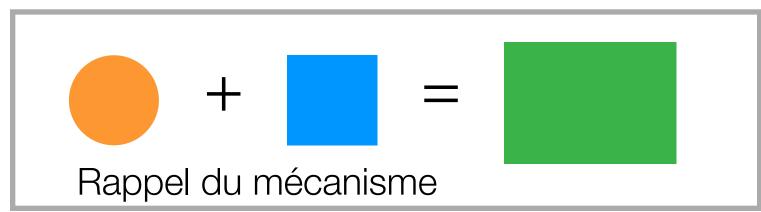


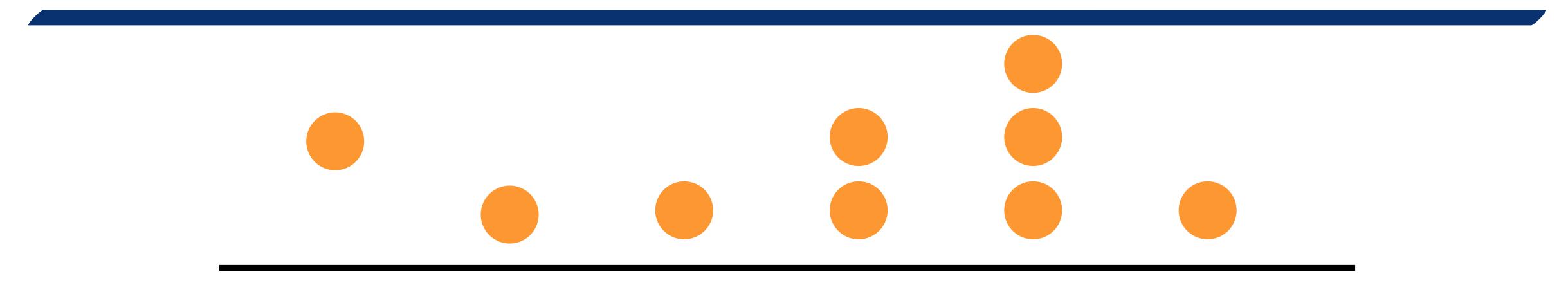


Exemple de rendu

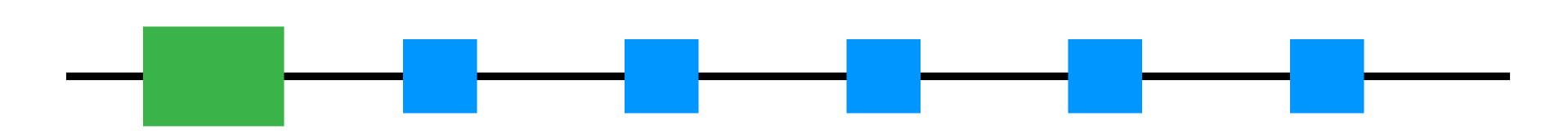


Lors d'une collision (aidez-vous du code Bouncing Balls) entre le neurotransmetteur et le récepteur fermé, ces deux éléments disparaissent pour faire apparaitre aux mêmes coordonnées le récepteur ouvert

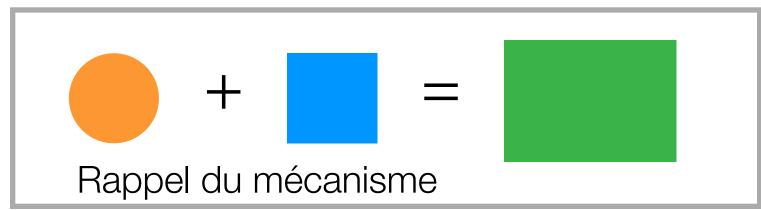


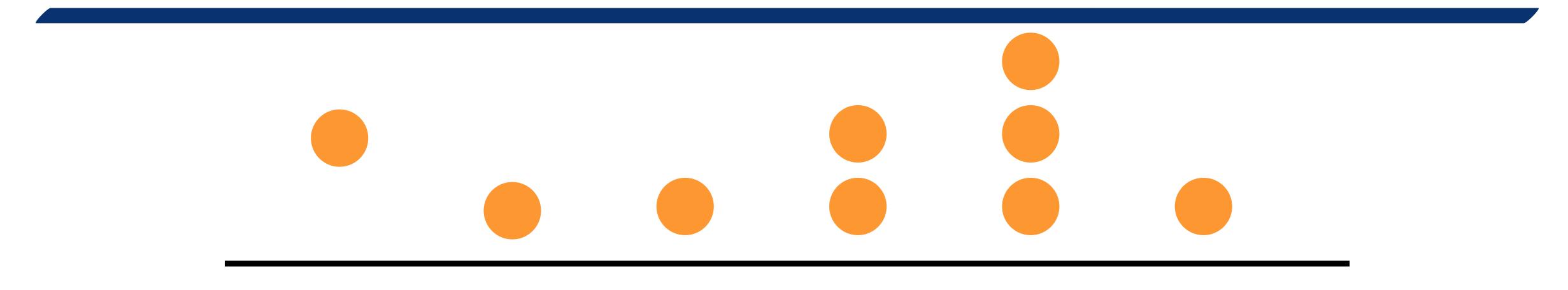


Exemple de rendu



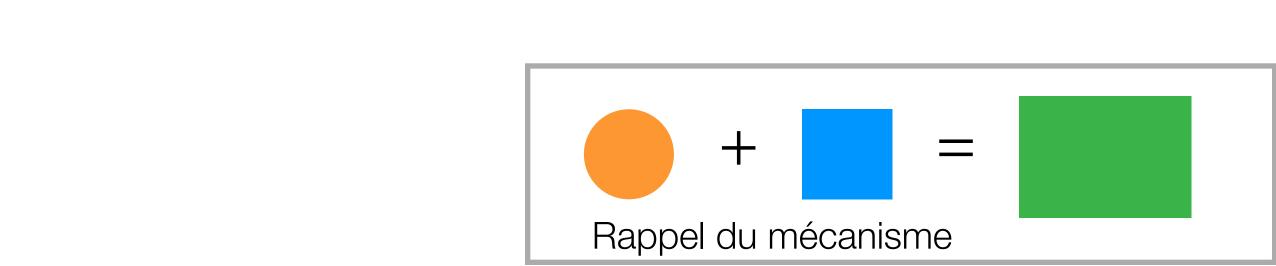
Lors d'une collision (aidez-vous du code Bouncing Balls) entre le neurotransmetteur et le récepteur fermé, ces deux éléments disparaissent pour faire apparaitre aux mêmes coordonnées le récepteur ouvert





Ce récepteur ouvert va alors continuer sur la trajectoire du neurotransmetteur, jusqu'à ce qu'il sorte du canvas

Exemple de rendu



Sujet

Vous étudiez le mécanisme de liaison d'un neurotransmetteur à son récepteur.

Le récepteur est fermé par défaut.

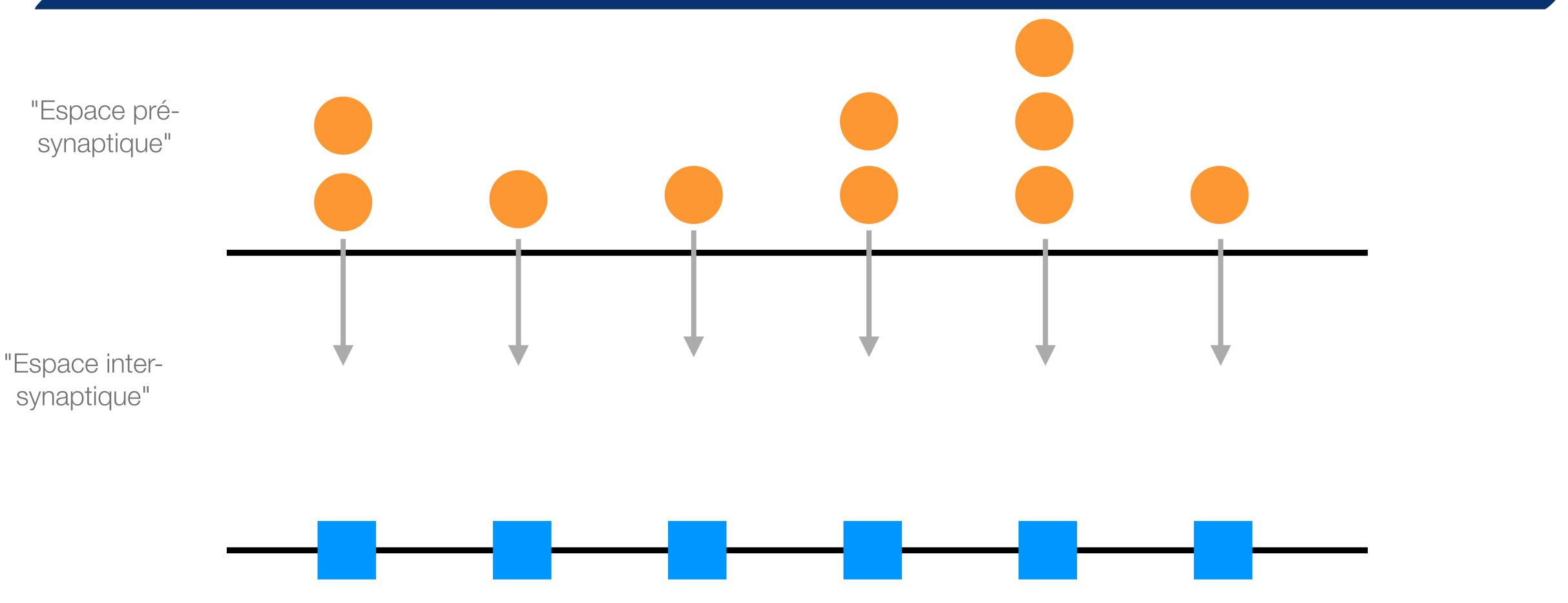
Lorsqu'un neurotransmetteur rencontre un récepteur fermé, ils vont former le récepteur ouvert.

Vous allez utiliser le modèle géométrique fourni (10 sujets possibles) pour modéliser ce mécanisme:

neurotransmetteur + récepteur fermé = récepteur ouvert

De manière générale, seuls les neurotransmetteurs et les récepteurs ouverts bougent, les fermés sont immobiles.

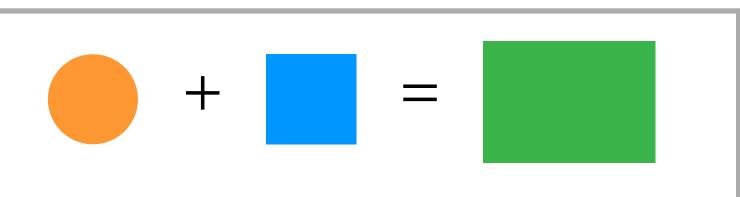
Plusieurs modèles géométriques: 10 au total (sujet tirés au sort)

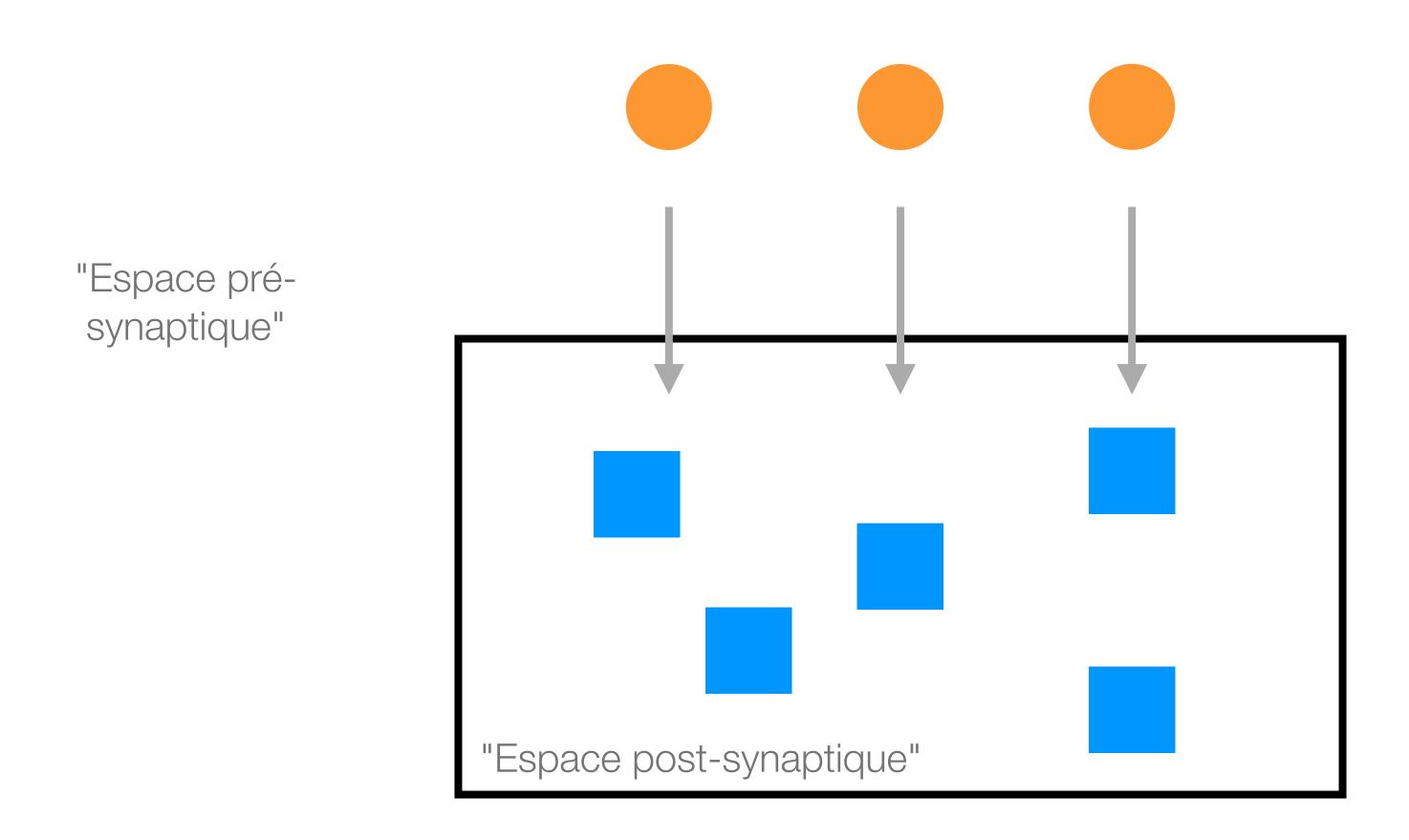


"Espace postsynaptique"

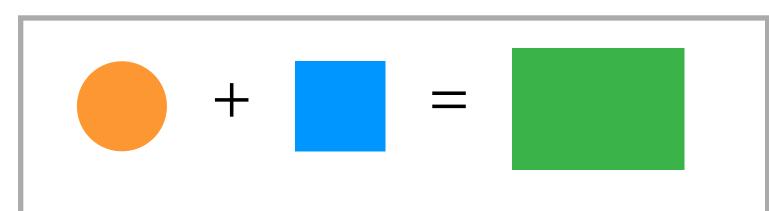
Sujet 1

Les positions des neurotransmetteurs et récepteurs fermés sont aléatoires, mais ils sont alignés. Toutes les molécules sont placées et présentes à l'écran en début de simulation.



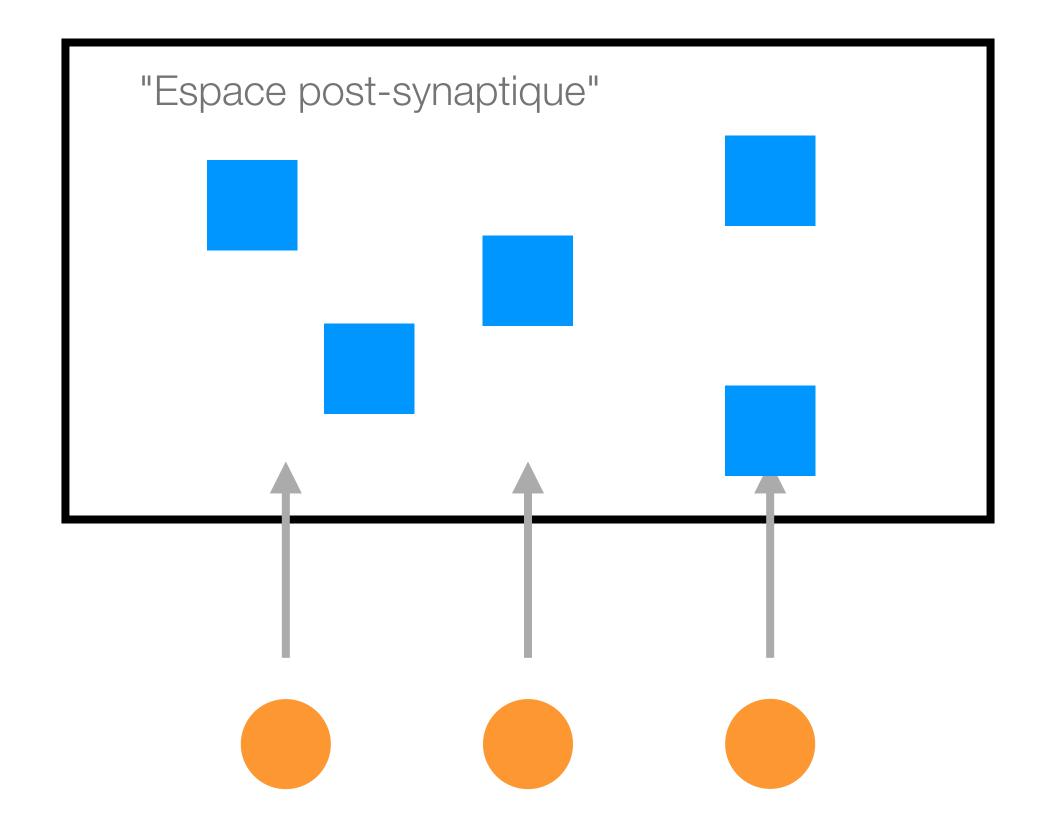


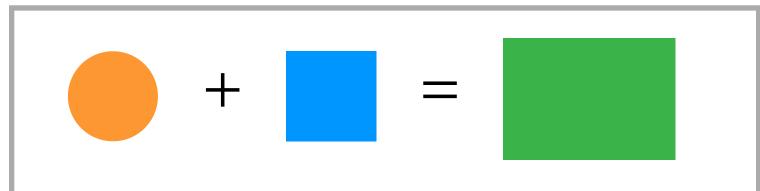
Les positions des neurotransmetteurs et récepteurs fermés sont aléatoires, mais ne sont pas alignés. Toutes les molécules sont placées et présentes à l'écran en début de simulation.

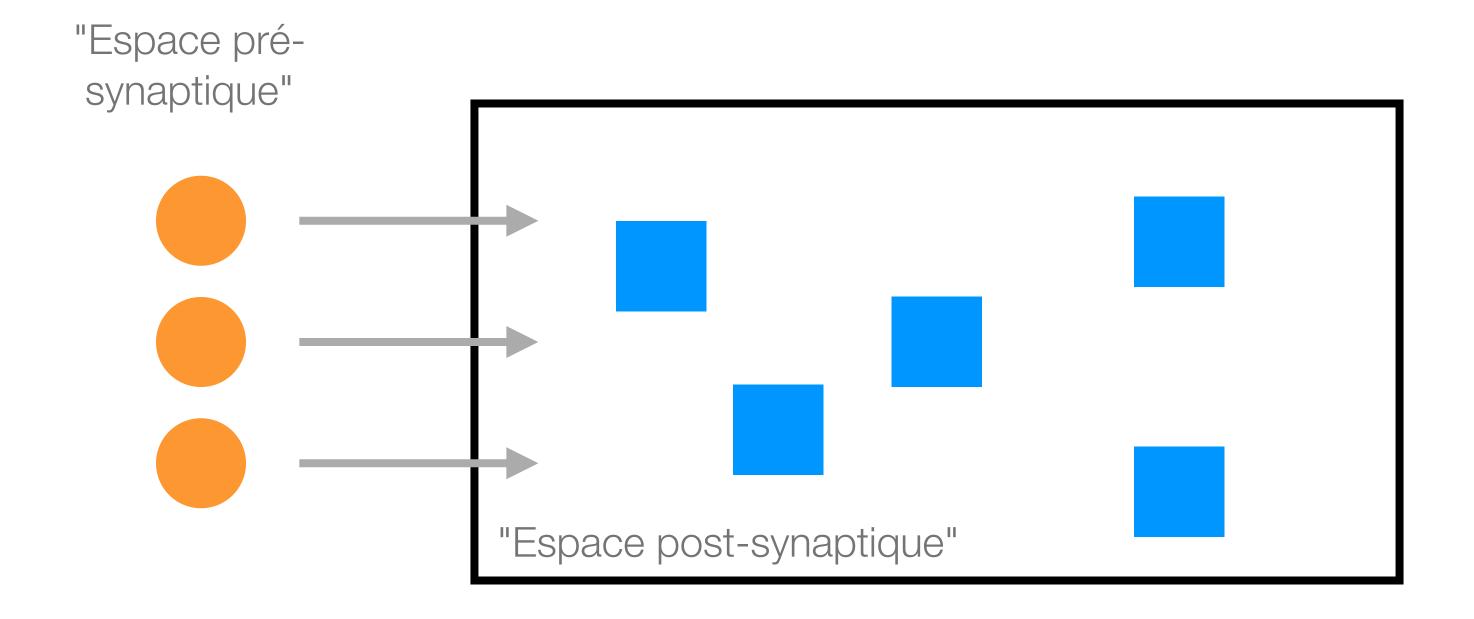


Les positions des neurotransmetteurs et récepteurs fermés sont aléatoires, mais ne sont pas alignés. Toutes les molécules sont placées et présentes à l'écran en début de simulation.

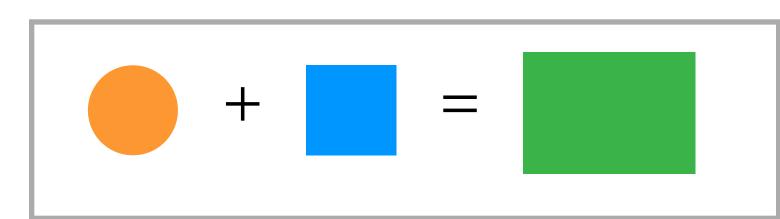
"Espace présynaptique"



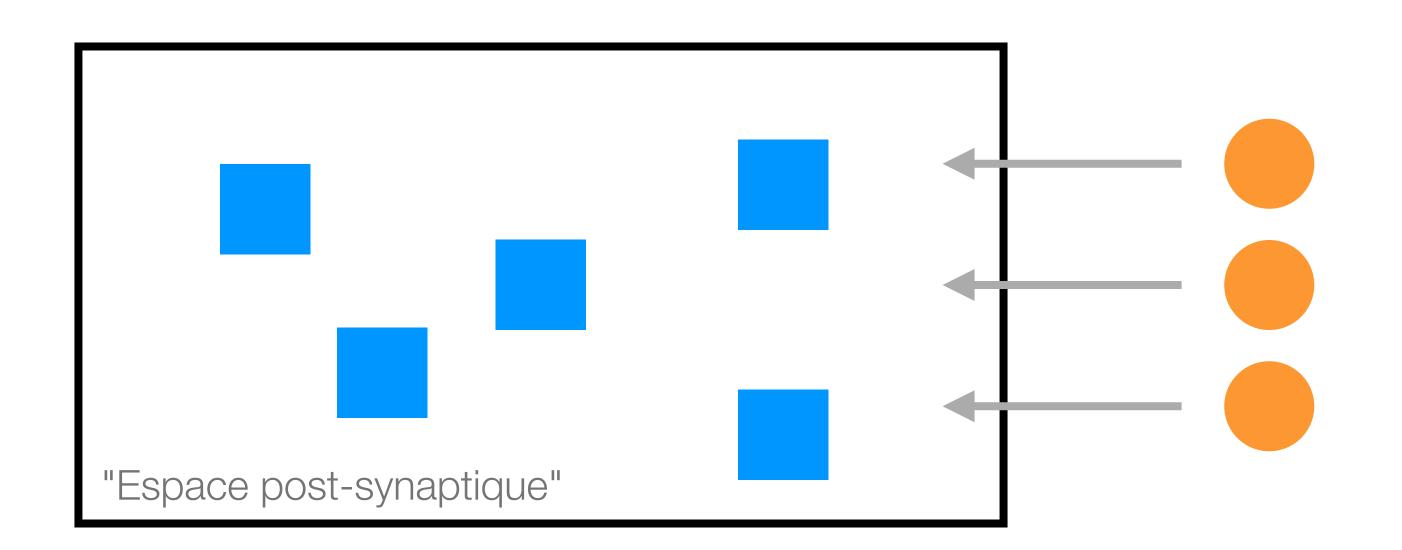




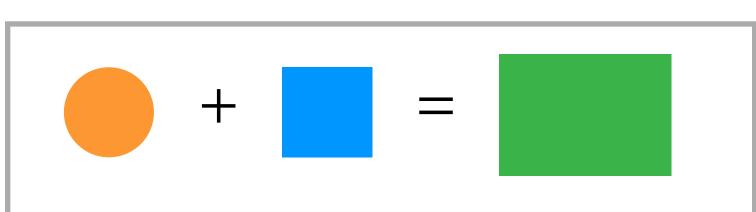
Les positions des neurotransmetteurs et récepteurs fermés sont aléatoires, mais ne sont pas alignés. Toutes les molécules sont placées et présentes à l'écran en début de simulation.

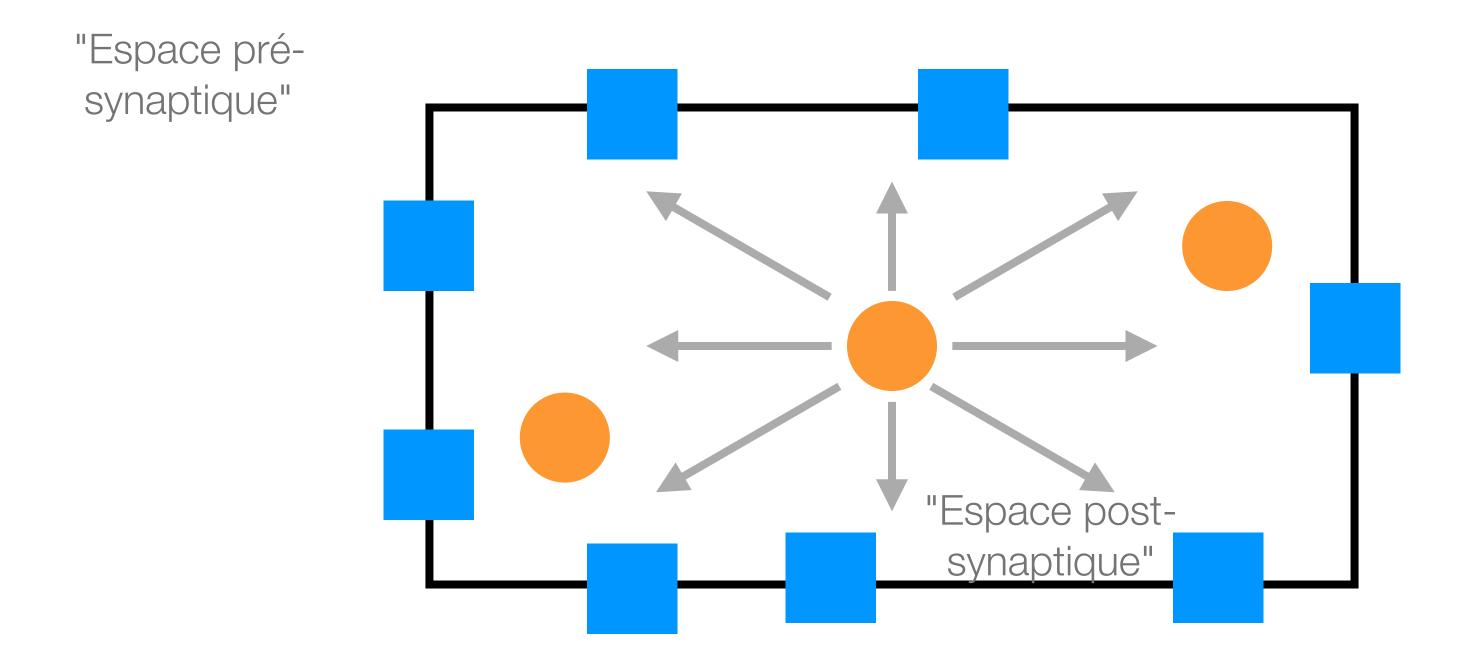


"Espace présynaptique"

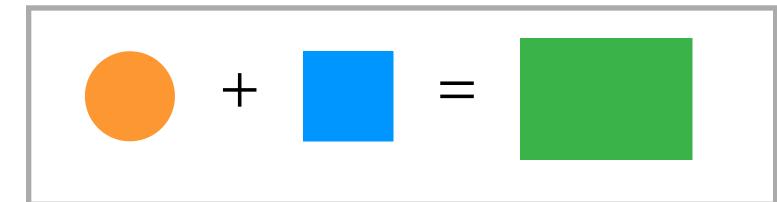


Les positions des neurotransmetteurs et récepteurs fermés sont aléatoires, mais ne sont pas alignés. Toutes les molécules sont placées et présentes à l'écran en début de simulation.

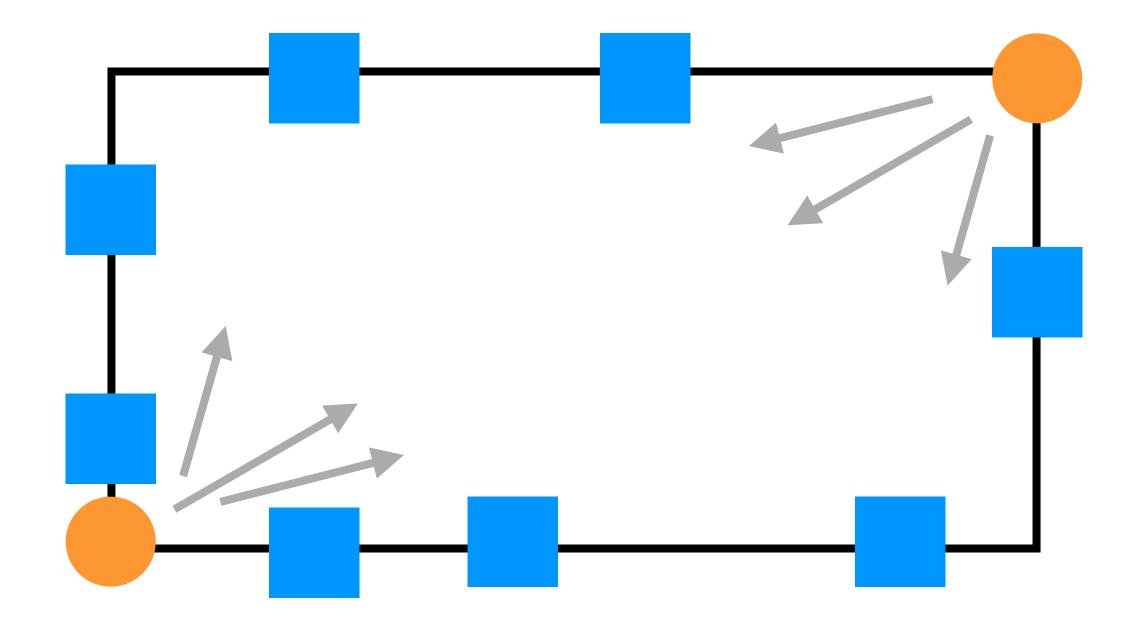


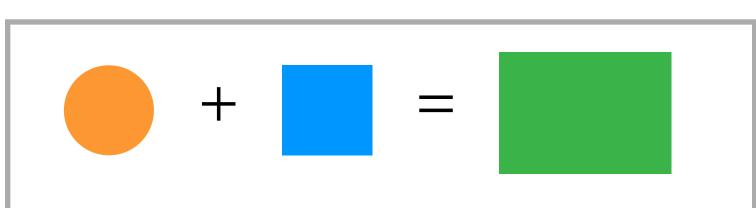


Les positions des neurotransmetteurs et récepteurs fermés sont aléatoires, mais ne sont pas alignés. Toutes les molécules sont placées et présentes à l'écran en début de simulation.

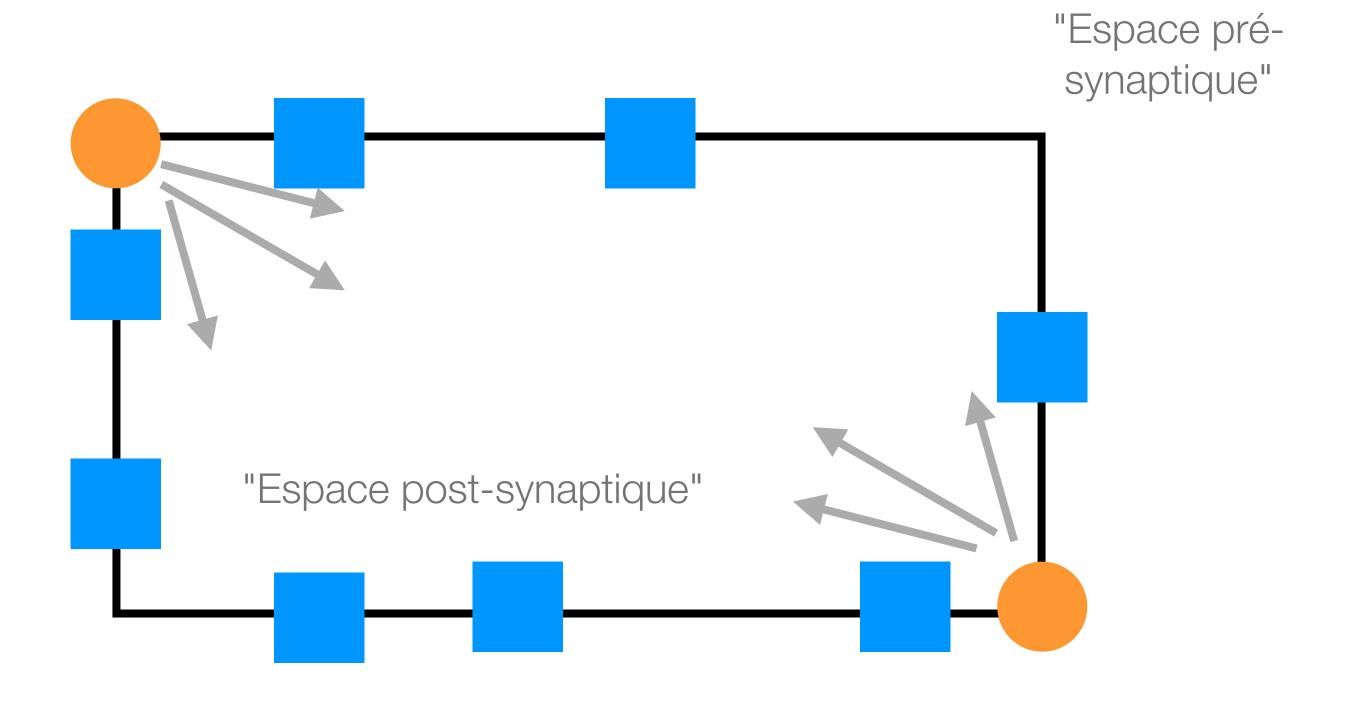


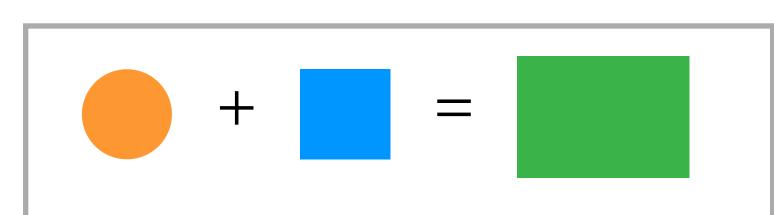
Les positions des récepteurs fermés sont aléatoires, ils sont placées et présents à l'écran en début de simulation. Les neurotransmetteurs sont tous "superposés" entre le coin supérieur droit et inférieur gauche. Ces derniers peuvent se déplacer dans toutes les directions, du moment qu'ils restent dans l'espace postsynaptique. Les récepteurs ouverts nouvellement créés continuerons la trajectoire du neurotransmetteur ayant servis à leur création dans l'espace présynaptique.

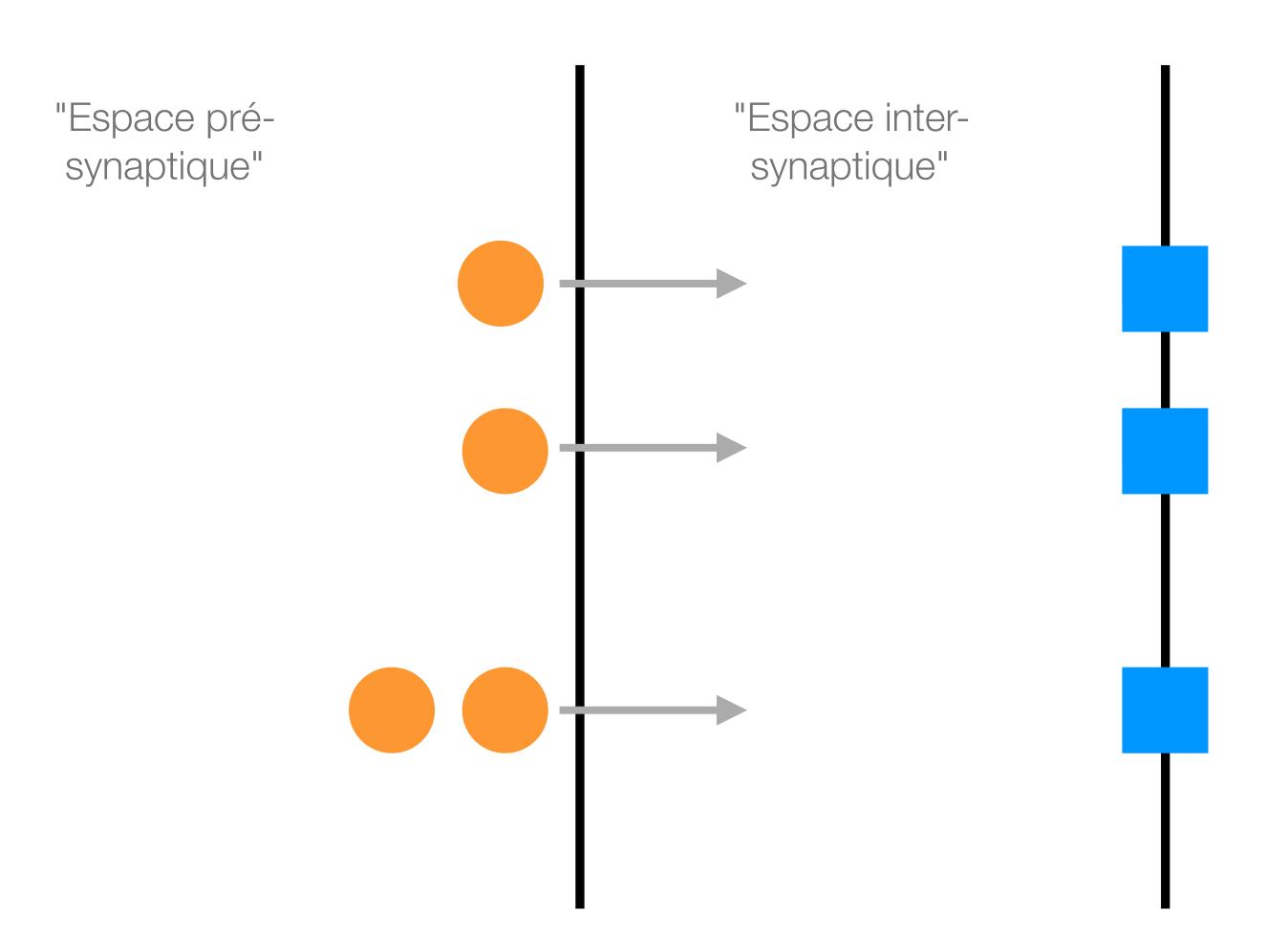




Les positions des récepteurs fermés sont aléatoires, ils sont placées et présents à l'écran en début de simulation. Les neurotransmetteurs sont tous "superposés" entre le coin supérieur gauche et inférieur droit. Ces derniers peuvent se déplacer dans toutes les directions, du moment qu'ils restent dans l'espace postsynaptique. Les récepteurs ouverts nouvellement créés continuerons la trajectoire du neurotransmetteur ayant servis à leur création dans l'espace présynaptique.

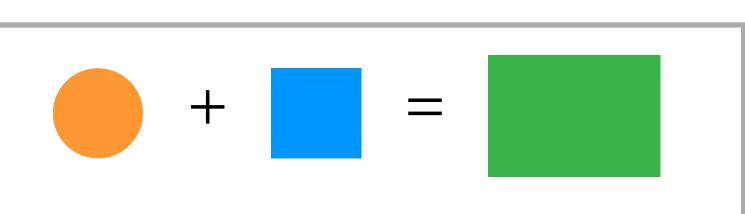






"Espace postsynaptique"

> Les positions des neurotransmetteurs et récepteurs fermés sont aléatoires, mais ils sont alignés. Toutes les molécules sont placées et présentes à l'écran en début de simulation.



"Espace pré-"Espace inter-"Espace postsynaptique" synaptique" synaptique" Les positions des neurotransmetteurs et récepteurs fermés sont aléatoires, mais ils sont alignés. Toutes les molécules sont placées et présentes à l'écran en début de simulation.



Paramètres

- Nombre de neurotransmetteurs: 25 +/- 5 (aléatoire à chaque "simulation")
- Nombre de récepteurs fermés: 15 +/- 3 (également aléatoire)
- Taille des neurotransmetteurs (billes): 15
- Taille des récepteurs fermés (carrés) : 40*40
- Taille des récepteurs ouverts (rectangles) : 60*40
- Durée d'une "simulation": 2 minutes max (il faut qu'au bout d'au moins une minute, au moins 1 neurotransmetteur ouvert ait fait son apparition à l'écran).
- Vitesse constante des objets.

Bonus: changer la vitesse de déplacement des neurotransmetteurs ou récepteurs (en fonction de votre sujet) et observer s'il y a plus ou moins de réactions.

Tous les autres paramètres (espacement des éléments, taille des espaces pré/post/inter-synaptiques, épaisseur des traits délimitant les espaces, grandeur du canvas, couleur du canvas ...) sont volontairement laissés à votre imagination, en fonction du rendu que vous voulez donner et pour éviter les copier/coller entre projets (mais il n'est pas du tout interdit de vous entre-aider). Faites au mieux pour rendre votre projet le plus visuellement agréable possible.

Sujets

Al Hassan Maram: sujet 2

Barus Marlene : sujet 5 Berrehail Cleo : sujet 6

Bielle Paul: sujet 7

Borg Mathilde: sujet 9

Denet Lola: sujet 1

Desquerre Emilie: sujet 4

Ergun Ayse: sujet 6

Hassainia Hanane: sujet 3

Hennechart Solweig: sujet 5

Hui Tongyuxuan: sujet 3

Jelin Remy: sujet 9

Lesourd-Aubert Valentine: sujet 8

Luxey Victor: sujet 2

Mathez Celine: sujet 8

Meguerditchian Caroline: sujet 10

Niu Wenli: sujet 1

Petrus Louis : sujet 7 Vu Thao Uyen : sujet 4