



Matteo Cartuccia
Flavio Macciocchi

|FIXIT|

Documento di contratto

ID: 2-FIX-CON-v02-r01

Data ultima modifica: 15/12/2013

Data ultima revisione: 11/12/2012

1. Analisi del contesto

Il modello a cui fa riferimento il progetto è quello del *crowdsourcing*, modello di business nel quale un'idea è condivisa insieme ad un gruppo non definito di persone. Il progetto Fixit sarà quindi favorito dall'uso del web, che sarà una sorta di piattaforma virtuale da cui verranno recuperati i dati necessari alla ricerca. Lo sviluppo del progetto richiederà una collaborazione collettiva da parte di volontari ed appassionati capaci di risolvere problemi mediamente complessi. Un evidente esempio di tale modello è rappresentato dalla *community open source*¹, che ogni giorno ne trae beneficio e dalla quale il gruppo prenderà ispirazione, in particolare nello sviluppo del punto **A1** della proposta di progetto.

Inoltre Fixit sarà dotato di un DB come proposto nel punto **A2**, accessibile dai ricercatori al fine di migliorare la qualità delle previsioni nella strutturazione proteica.

L'implementazione e la gestione del DB non rappresenta alcuna difficoltà, dato che si fa riferimento a standard già presenti e testati come l'ODBC.

Sfruttando a pieno la potenzialità di linguaggi ad alto livello orientati agli oggetti, garantiamo anche la possibilità futura di estendere ed ampliare le funzionalità del software in questione.

Consideriamo come punto di partenza l'infrastruttura BOINC², che si occuperà eventualmente di gestire la potenza di calcolo dei singoli *client* qualora ce ne fosse bisogno. La piattaforma BOINC è già diffusamente utilizzata da diverse

1 Wikipedia.
Open Street Map

2 Software free con licenza GNU Lesser General Public License

comunità di ricerca, che ne usufruiscono per recuperare dati utilizzando risorse remote; è appunto questo aspetto che ci interessa sviluppare ed analizzare nella progettazione del nostro sistema di gioco scientifico.

Pertanto, ci aspettiamo la piena fattibilità e realizzabilità del progetto come da proposta.

2. Proposta di contratto

Alla luce di quanto detto precedentemente, la nostra proposta di contratto è la seguente:

- Verificare se il progetto soddisfa le richieste e gli obiettivi del committente.

Il nuovo apparato permetterà agli utenti di partecipare in maniera intuitiva e veloce al processo del ripiegamento proteico e inoltre renderà facile l'accesso e l'immissione di nuove macro molecole da parte dei biochimici e permetterà infine l'accesso ai dati da parte degli ingegneri informatici.

Seguono alcune caratteristiche del progetto:

- Il sistema garantirà l'interesse di un pubblico vasto e composito, grazie anche all'accessibilità dal web. Ciò rappresenta una fonte di informazioni apparentemente illimitate per la ricerca sperimentale.
- Il progetto sarà supportato da un DB accessibile da vari *client* aventi diversi scopi e ruoli.
- I giocatori potranno accedere all'applicativo dopo aver effettuato la registrazione, usufruendo eventualmente della modalità *offline* in caso di

necessità.

- Il software registrerà i progressi dell'utente in una *cache* apposita e in un secondo momento interagirà con il database.

La proposta di contratto specifica inoltre che la distribuzione dell'applicativo ricadrà sui committenti che provvederanno a creare un server FTP/HTTP per il rilascio su opportuno portale web. Consideriamo tale punto essenziale per il buon funzionamento dell'intero progetto, al fine di sfruttare le potenzialità del calcolo distribuito³.

Aspetti fondamentali del progetto sono:

- Interazione con la proteina da parte del giocatore al fine di trovare una soluzione sufficiente per il superamento del livello, raggiungendo lo *score* predefinito.
- Visualizzare l'andamento del gioco tramite grafici e sondaggi che memorizzano il corretto processo utilizzato dal giocatore per giungere alla soluzione.
- Fornire un aiuto attraverso l'utilizzo di apposite finestre di dialogo atte a fornire suggerimenti e anche ad introdurre nuovi elementi.
- Gestione menu per modificare l'utilizzo della memoria da parte del software, aumentando o diminuendo il *feedback* di risposta del gioco. In questo modo sarà possibile gestire in modo adeguato le risorse di ogni computer, anche quelli con *hardware* datato.

Per quanto concerne le opzioni rivolte ai biochimici esse riguarderanno primariamente l'immissione di nuove macro molecole:

³ <http://www.boincitaly.org/calcolo-distribuito.html>

- I biochimici potranno proporre al giocatore la risoluzione di nuove strutture e diversa entità e difficoltà.
- Questi potranno inoltre verificare il numero degli utenti online per scegliere il momento migliore per il lancio della nuova proteina da ripiegare.
- I ricercatori potranno anche avvalersi di appositi grafici atti a monitorare l'uso del sistema.

In ultima analisi, prendiamo in considerazione la figura dell'ingegnere informatico. Questo tipo di utente avrà i diritti di accesso al *database* con un apposito *account* che gli permetterà di consultare i dati inerenti alle migliori soluzioni usate dal pubblico, al fine di sviluppare un nuovo algoritmo per il ripiegamento proteico. Quest'ultimo potrà essere testato dai singoli giocatori attraverso la funzione *Shake*.

In conclusione, diciamo che il progetto mira a dimostrare che ci sono alcune operazioni che il cervello umano svolge meglio di un computer, dato che le variabili di gioco sono ancora troppe per essere calcolate da un'intelligenza artificiale. L'operazione in questione è l'identificazione di oggetti e la loro classificazione (*pattern recognition*⁴), nella quale il computer non è che un semplice supporto della mente umana.

4 http://en.wikipedia.org/wiki/Pattern_recognition