



Haute école d'ingénierie et d'architecture Fribourg
Hochschule für Technik und Architektur Freiburg

Filière informatique

Projet de semestre d'automne
2017—2018

VisuDNA-II
Cahier des charges

Responsables: P. Kuonen, B. Wolf, J. Stoppani

Externe: D. Atlan (PhenoSystem SA)

Auteur: S. Bouquet

Context

Projet initial

Le projet initial, VisuDNA, avait pour but de mieux comprendre l'ADN et le génôme humain. Ceci peut être réalisé en analysant certaines séquences ADN commune à tous les êtres humains; c'est-à-dire l'interactome du génôme humain. L'analyse des différents interactomes permet notamment d'aider l'études des maladies génétiques par exemple en étant capable de prédire si un individu fait partie d'une catégorie de personnes à haut risque d'être atteint de quelque maladie génétique.

La compréhension de l'interaction entre les gènes étant encore partielle, il est actuellement difficile de déterminer de manière conclusive les gènes responsable d'une certaine maladie. Ce projet avait donc pour but d'aider à la compréhension de ces interactions en permettant une représentation graphique des interactomes. [Sisto(2014)]

Suite du projet

Ce premier projet a abouti à un résultat encourageant mais nécessitant encore certaines améliorations. Il faudra commencer par comprendre le travail réaliser précédemment puis rechercher s'il existe des librairies de visualisation de graphes plus performantes que celle utilisée (Gephi).

Buts du projet

Ce projet se base sur un projet de semestre précédent qui avait pour but la visualisation de graphes d'interactions avec Gephi. Ce projet permettait de visualiser les graphes mais était limité quant à la manipulation de ceux-ci et souffrait de problèmes de performances lorsque les graphes contenait de nombreuses données. Ce nouveau projet doit donc essayer de résoudre ces problèmes soit en utilisant une librairie existante de visualisation de graphes plus performante soit en créant une telle librairie si on ne peut pas en trouver une adéquate.

Objectifs

- Compréhension du projet initial et des librairies existantes.
- Création de prototypes pour tester les librairies trouvées et déterminer si l'une d'elle est adaptée au projet
- Début de conception du nouveau projet d'après les résultats des points précédents.

Glossaire

- *Interactome*: contient les interactions entre les gènes.
- *Interactome annoté*: contient l'interactome avec des annotations concernant les gènes, les interactions, les variants et les maladies associées.
- *Grphe augmenté*: (the borg graph), contient l'interactome annoté augmenté des données du patient.

[Sisto(2014)]

Activités

Analyse du projet précédent

- Définir les points à améliorer
- Tests de performances

Recherche et tests de bibliothèques de visualisation de graphes avancées

- Création de prototypes pour les bibliothèques qui semblent adaptées au projet.

Permettre la génération de fichiers de résultats

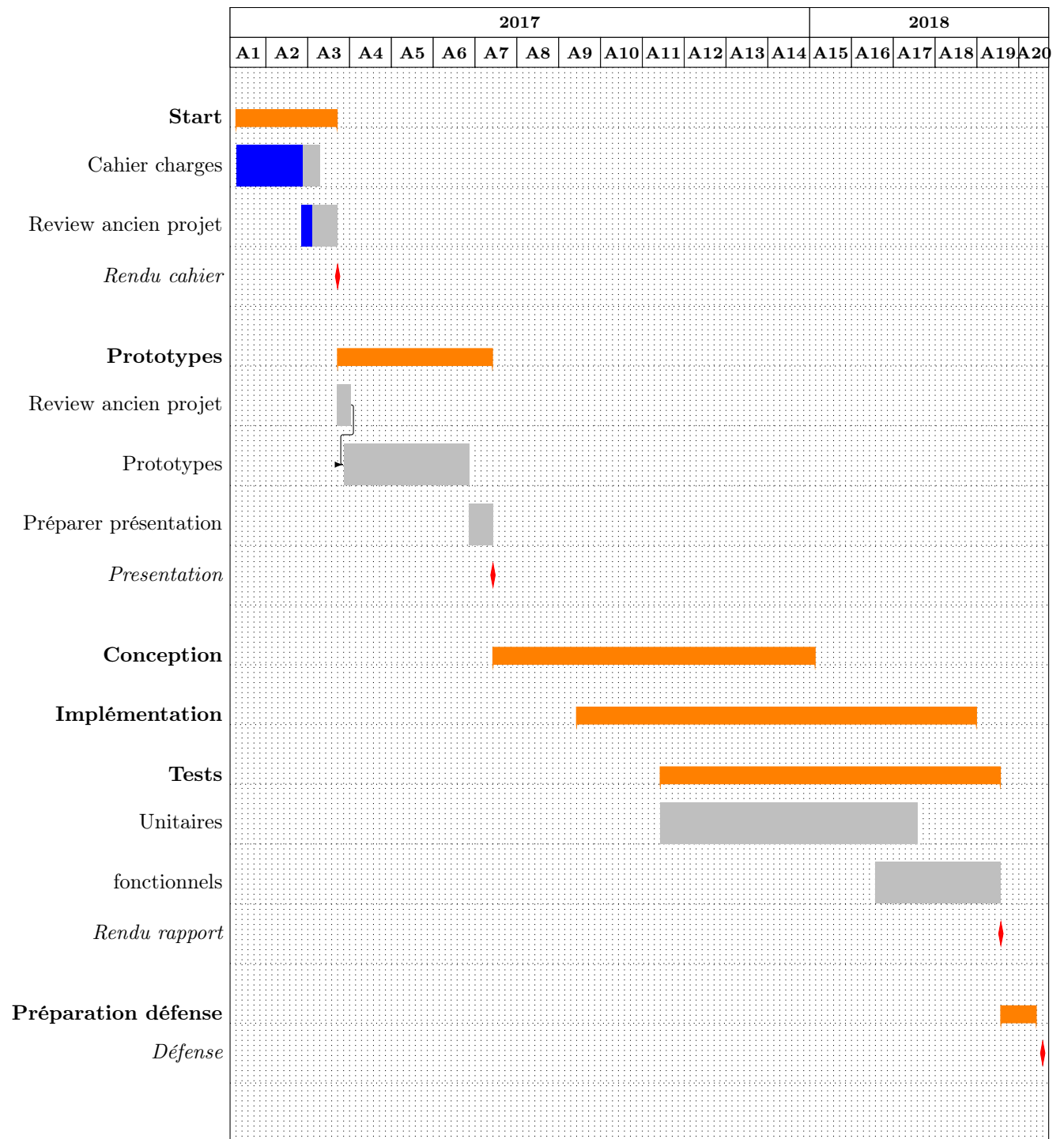
- Inspirée peut-être de la solution implémentée dans le projet précédent.

Contraintes

Aucune contrainte spécifique n'a été spécifiée pour le moment.

Ce projet, comme son prédécesseur, est actuellement prévu pour utiliser Java bien que rien n'empêche l'utilisation d'autres langages si cela est jugé nécessaire au cours du projet.

Planification



Références

[Sisto(2014)] M. Sisto, Cahier des charges v4 (2014).