



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'étude 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 responsables 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 réalisé précédemment puis rechercher s'il existe d'autres outils de visualisation de graphes plus performants pour développer le nouveau projet ou s'il y a une possibilité d'améliorer la solution précédente.

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 lors de la visualisation de grands graphes.

Ce nouveau projet doit donc essayer de résoudre ces problèmes soit en utilisant un autre outil de visualisation de graphe que celui utilisé précédemment soit en améliorant la solution précédente. La possibilité de ne pas utiliser un outil existant est également envisageable si aucune des solutions disponibles ne correspond aux critères du projet bien que ce ne soit pas de prime abord l'alternative la plus désirée.

Objectifs

- Compréhension du projet initial ainsi que des librairies et des outils utilisés.
- Création de prototypes permettant de choisir quel outil serait le plus adapté à la réalisation du projet.
- Conception du nouveau projet d'après les résultats des points précédents.
- Implémentation du projet.

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.
- *Graphe augmenté*: contient l'interactome (ou d'autre(s) graphe(s)) annoté(s) et augmenté(s) des données d'un patient.

[Sisto(2014)]

Activités

Spécifications

- Définir les points à améliorer
- Tests de performances

Analyse

- Définition des cas d'utilisation de l'application.
- Création de prototypes pour les outils à partager pour la réalisation du projet.

Conception

- Définition du diagramme des classes d'après l'outil à utiliser durant ce projet.
- Définition des cas tests.

Implémentation

Implémentation du projet.

Tests

Les tests à effectuer seront définis durant la conception du projet.

Documentation

Rapport de l'application et documents annexes le cas échéant.

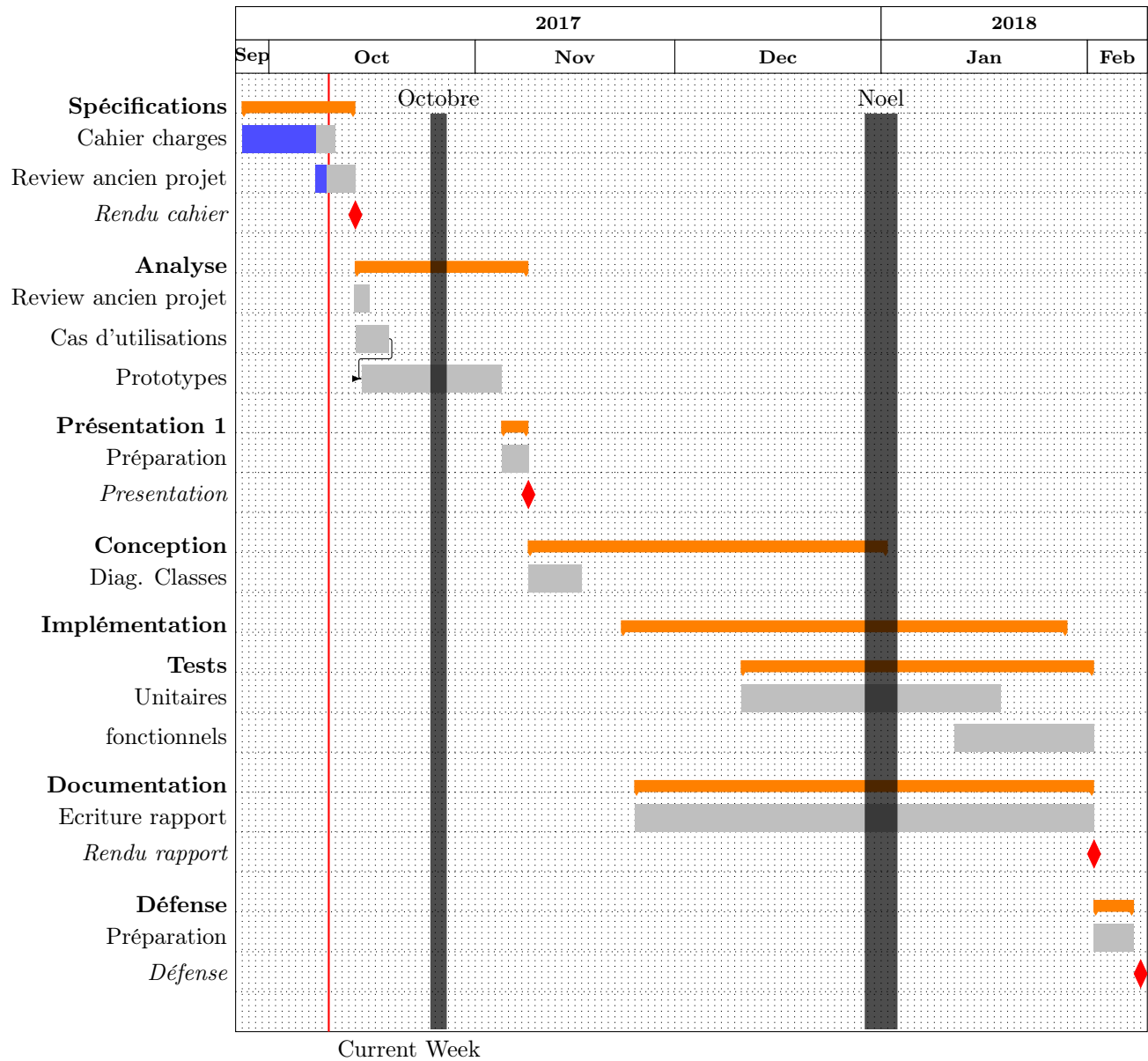
Préparation défense

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).