

Sébastien Bouquet  
VisuDNA-II  
Projet de semestre d'automne 2017-2018  
December 20, 2017

## Repository git : description des sources

### Abstract

Ce rapport a pour but détailler les différents fichiers présents dans les sources du projet VisuDNA-II disponibles sur <https://gitlab.forge.hefr.ch/sebastie.bouquet/VisuDNA-II>.

### Racine

#### Divisions

La racine du repository est divisée en plusieurs sous répertoires comme tel:

- /
- /doc
- /sources
- /visuDNA

#### Fichiers présents

Plusieurs fichiers d'interactome sont présents à la racine du projet dont les interactomes humains et de *arabidopsis thaliana* récupérés depuis *Biogrid*. Ces interactomes sont présent en format TSV original ainsi qu'en GraphML pour facilité l'import dans Tulip.

On retrouve également un exemple de graphe au format *gexf* (utilisé par Gephi) qui a permis de tester l'importation de ce type de fichier ainsi qu'un exemple d'interactome repris du projet *VisuDNA* et un extrait de l'interactome de *arabidopsis thaliana* permettant de tester plus rapidement les plugins que si on charge l'interactome entier.

Il contient également plusieurs sauvegardes de graphe au format *tlsx* (utilisé par Tulip).

#### Sous-répertoire *doc*

#### Sous-répertoires

Un répertoire *CahierCharges* contenant la dernière version du cahier des charges ainsi que les sources Latex de celui-ci.

Un répertoire *fichesDescriptives* contenant les 11 fiches descriptives qui avaient été créées durant la phase d'analyse du projet.

Un répertoire *Presentation1* contenant le fichier *PowerPoint* créé pour la présentation intermédiaire des projets de semestre ainsi que les images utilisées.

Un répertoire *PVs* contenant les versions PDF des PVs créés durant le projet ainsi que deux modèles de PV, un au format *docx* et un autre au format *Latex*.

Un répertoire *ResumeDNA1* contenant les sources *Latex* ainsi qu'un document résumant ce qui avait été créé dans le projet *VisuDNA* (premier du nom).

Un répertoire *UseCase* qui contient les sauvegardes des diagrammes *Visual Paradigm* ainsi que l'exportation de ces diagrammes au format *JPEG* ; différentes versions sont conservées.

Un répertoire *planning* contenant la sauvegarde du planning de Gantt du logiciel *Ganttproject* ainsi que les différentes versions du planning au format *PNG*. De plus les sources du logiciel cité sont présentes pour permettre son installation si besoin.

#### Fichiers présents

Plusieurs fichiers sont contenus dans le répertoire docs dont celui-ci qui explique le contenu du repository.

Un fichier *state\_of\_the\_art.docx* qui explique les différents logiciels de visualisation de graphe testés ainsi que leurs avantages et inconvénients.

Un fichier *visuDNA\_comparaison\_outils\_graphe.xlsx* qui définit les critères de sélection de l'outil le plus adapté. Cette comparaison est utilisée dans le fichier précédent qui résume l'état de l'art.

### Sous répertoire sources

Ce répertoire contient le code source des plugins développés pour Tulip. Leur utilisation est actuellement faite en créant un lien symbolique depuis les fichiers python présents et le répertoire d'installation de Tulip.

Il contient actuellement trois fichiers: *MergeSamples.py* qui contient le code du plugin d'ajout des données patient, *dictmaker.py* qui est un module permettant de transformer une liste de nœuds en dictionnaire et *HideUnselected.py* qui contient le code source du plugin de filtre.

### Sous répertoire VisuDNA

Ce répertoire contient ce qui a été fait lors du projet *VisuDNA*. On y trouve le cahier des charges, le rapport final, un mode d'emploi ainsi qu'un sous-répertoire sources qui contient les sources d'un projet Netbeans pour un plugin *Gephi* ainsi qu'un autre programme Java, *Visualisation\_interactome*, qui permet d'ajouter des données patient dans un fichier de graphe au format GraphML.