



Procès-verbal

Projet de Semestre 5

VisuDNA-II

Date: 15.11.2017
Heure: 09h00 - 09h40
Lieu: Salle D20.03, HES-SO, Fribourg

Participants: Kuonen Pierre (PK), Sébastien Bouquet (SB), Beat Wolf (BW), Jonathan Stoppani (JS)

Agenda:

1. Approbation du PV de la dernière séance
 2. Planning
 3. Fiches descriptives
 4. Comparaison des formats de fichier (taille)
 5. Planification des prochaines tâches et de la prochaine réunion
 6. AOB (Any Other Business)
-

Discussions:

Approbation du document d'organisation

Le document a été lu et approuvé.

Présentation intermédiaire

La critique principale sur la présentation a été le manque d'informations affichées sur les slides. Les personnes qui ne connaissaient pas le projet ont pu avoir du mal à comprendre son but. Ne pas hésiter à donner toutes les informations du projet comme, par exemple, le tableau de comparaison des outils (sans trop les détailler si on pense que ce n'est pas pertinent).

Planning séparé

Les changements dans le planning ont été acceptés.

Fiches descriptives (ajout d'annotations)

La fiche descriptive concernant l'ajout d'annotations, a fait ressortir un certain manque de compréhension du cas d'utilisation dont le responsable du projet aurait dû chercher à éclaircir. Le but des fiches descriptives est de faire réfléchir aux problèmes qu'elles soulèvent, pas juste d'inventer un scénario qui semble réalisable dans les grandes lignes.

Les cas d'utilisation d'ajout d'annotation et d'ajout de données patient peuvent être généralisés en un cas d'annotation qui serait ensuite séparé entre l'ajout manuel et l'ajout « automatique », c'est-à-dire copié par notre programme depuis un fichier fourni par l'utilisateur, d'annotations. Les annotations manuelles concernent les ajouts possibles réalisées manuellement par l'utilisateur sur un nœud spécifique ; ce cas correspond à ce qui est décrit dans la fiche de l'ajout d'annotation.

Les annotations manuelles représentent la lecture d'un fichier annexe à l'interactome, par exemple un phénotype qui contient des informations sur les corrélations entre certains gènes et certaines

maladies ou les données d'un patient qui seront également lues depuis un fichier annexe. L'ajout automatique aura pour commencer trois sous-cas qui seront « ajout de données patient », « ajout de phénotype » et « ajout des informations d'une maladie spécifique ». Pour commencer il a été décidé de garder une interface graphique simple et de la complexifier par la suite si nécessaire.

Les données patient sont également des fichiers texte dont le format est libre, il n'existe pas de standard pour ce genre de fichiers.

Fiches descriptives (autres)

Les fiches descriptives les plus importantes pour le moment sont celles d'ajout d'annotations et de filtrage du graphe. La modification du lay-out sera plus simple car déjà gérée par les outils de visualisation.

Les filtres pourraient être effectués de deux manières : avec un langage de commande qui nécessiterait l'ajout d'un analyseur lexical ainsi qu'en utilisant des menus de l'interface graphique.

Comparaison des formats de fichier

Avec l'ajout de la taille des fichiers il ne semblent toujours pas qu'un format soit beaucoup mieux qu'un autre. Il a donc été décidé de sélectionner GraphML pour le moment parce qu'il peut être lu par le plus grand nombre de programmes (dont les trois sélectionnés pour ce projet) et qu'il permet la création de sous-graphes. De plus la taille des fichiers GraphML ne semblent pas être un problème puisqu'elle ne dépasse pas 300MB pour un graphe de 20'000 nœuds et 200'000 liens.

Décisions

1. Le PV de la dernière séance est accepté
2. Le cahier des charges est accepté.
3. Le format GraphML a été désigné comme le plus adapté (du moins à titre provisoire)
4. Envoyer l'ordre du jour 24h à l'avance
5. Préparer les réunions pour montrer rapidement les points importants du projet ; être le plus efficace possible en une demi-heure.

Tâches à réaliser (ToDo):

	Qui	Délai
Rédaction du PV	SB	20.11.2017
Ajouter description aux cas d'utilisation	SB	22.11.2017
Modifier les cas d'annotation du graphe sur UC	SB	22.11.2017
Mettre les données existantes sur la forge	SB	22.11.2017
Envoyer un lien avec un exemple des données patient	BW	22.11.2017

Points ouverts:

1. Outil de visualisation des graphes (3 à départager)
2. Format de fichier à utiliser (préférence pour GraphML)

Date et lieu de la prochaine réunion: mercredi 22 novembre à 09h00 dans la salle D20.03