



Procès-verbal
Projet de Semestre 5
VisuDNA-II

Date: 13.12.2017
Heure: 09h00 - 10h00
Lieu: Salle D20.03, HES-SO, Fribourg

Participants: Beat Wolf (BW), Wagen Jean-Frédéric (WJ), Sébastien Bouquet (SB), Pierre Kuonen (PK)

Agenda:

1. Approbation du PV de la dernière séance
 2. Présentation du plug-in d'ajout des données patient amélioré
 3. Définition des filtres importants
 4. Planification des prochaines tâches et de la prochaine réunion
 5. AOB (Any Other Business)
-

Discussions:

Approbation du document d'organisation

Le document a été approuvé.

Plugin python d'ajout automatique de données patient amélioré

Le plugin peut désormais lire la première ligne des fichiers TSV pour définir le nombre de patients existants. Il permet à l'utilisateur d'arrêter l'import des données en cours ou de l'annuler (rollback des changements déjà effectués).

L'interface utilisateur permet de modifier la couleur des nœuds et des liens ainsi que d'afficher un mode *debug* qui affichera les modifications effectuées sur le graphe. La taille des nœuds et des liens ainsi que la taille de police des noms de ceux-ci serait une fonctionnalité bien venue mais n'est pas encore fonctionnelle ; cette option n'est pas prioritaire.

Un point ayant déplu lors de la démonstration est le fait que les nœuds ajoutés sont tous « empilés » au même endroit du graphe ce qui peut donner l'impression qu'un seul nœud a été ajouté alors qu'il y a en plusieurs. Bien que ce placement me semblait cohérent lors de l'ajout d'un grand nombre de nœuds sachant qu'on ne désire pas appliquer un nouveau layout sur le graphe car l'utilisateur peut désirer conserver les autres nœuds dans leur disposition actuelle, il s'est avéré que le plugin devrait créer un seul nœud par patient et non pas un nœud par gène muté de chaque patient.

Il faudrait également renommer le plugin de « merge patients » à « merge sample », terme plus général et correcte dans tous les cas (les données étant momentanément des plantes).

L'amélioration des performances en utilisant un *map* peut être implémenter si les premier tests du filtre sont vraiment trop lents.

Un mode *debug* devait être implémenté permettant l'affichage à l'utilisateur de tous les nœuds et liens créés ou des nœuds qui n'auraient pas pu être trouvés dans l'interactome ou de tout autres informations sur de potentielles erreurs qui peuvent être utile à l'utilisateur. En l'état actuel, ce mode permet de faire apparaître une fenêtre à l'aide du module python *Tkinter* mais empêche la suite du plugin de se dérouler correctement en créant un boucle sur le seul *thread*. Il faudrait donc créer cette fenêtre dans un nouveau *thread* pour que son utilisation soit possible ; de plus, l'interface de la fenêtre ainsi que les informations qui y sont affichés devraient être améliorées.

Plugin de filtre

Le premier plugin de filtre a été mieux décrit. Il devra être lancé sur un ensemble de nœuds sélectionnés et son but est de supprimer (ou de cacher) les nœuds n'interagissant pas avec plusieurs nœuds patient (e.g. ajoutés avec le plugin d'ajout automatique) directement ou par transitivité.

Ce plugin devrait prendre comme entrées la longueur (i.e. le nombre de gènes/nœuds) entre deux nœud patient. L'idée est donc de trouver le « plus court chemin » entre chaque couple de nœud patient et de conserver tous les gènes faisant parti de ces « chemins ». Les autres nœuds devraient de préférence être cachés plutôt que supprimer du graphe (si on ne peut pas les cacher de la visualisation, on peut toujours créer un sous graphes avec les nœuds touchés). Le plugin de filtre est dorénavant la fonctionnalité la plus prioritaire.

Démonstration

La démonstration des améliorations du plugin s'est avérée difficile à suivre par les personnes présentes ; il serait certainement judicieux de préparer les démos en se mettant à la place de l'utilisateur et en préparant des scénarios. Les clients qui ne sont pas du domaine n'arrivent pas à suivre une démonstration de toutes les fonctionnalités si un ordre clair n'est pas suivi.

Points ouverts

Trois point ouverts ont pu être réglés : l'affichage des données patient sous forme de nœud (qui est utilisé), le format de fichier de graphe : graphML qui peut être importé et exporté par Tulip, l'outil de visualisation a utilisé : Tulip.

Planning

- 1) Corriger le plugin d'ajout des données patients automatique qui ne doit créer qu'un seul nœud par patient du fichier.
- 2) Créer le premier filtre sur les nœuds patients ajoutés en commençant en conservant les nœuds qui sont touchés par deux patients (longueur du « chemin » minimale et maximal de 1), puis essayer de généraliser l'algorithme pour des longueurs spécifiée par l'utilisateur. Test le filtre sur le « vrai » interactome pour tester les performances de ce plugin.
- 3) Améliorer les performances du plugin d'ajout automatique des données patient en transformant la liste de nœud en *map* (pour commencer).
- 4) Créer un plugin de filtre simple pour tester les bases d'un plugin de layout.
- 5) Tester l'installation des plugins sur un autre ordinateur pour s'assurer qu'on a accès à la librairie *Tkinter* (en particulier pour le mode *debug* du plugin d'ajout automatique des données patient)

Le projet est en retard d'environ une semaine sur le planning.

Prochaine réunion

La prochaine réunion aura lieu le mercredi 13 décembre 2017 à 09h00.

Décisions

1. Le PV de la dernière séance est accepté
2. Corriger les l'algorithme d'ajout automatique de données patients pour ne créer qu'un seul nœud par patient
3. Implémenter le premier plugin de filtre pour cacher les nœuds qui ne sont pas en contact avec un ou plusieurs nœuds patients
4. Amélioration des performance du plugin d'ajout des données patient
5. Amélioration du mode *debug* du plugin d'ajout des données patient
6. Création d'un plugin de layout personnalisé simple

Tâches à réaliser (ToDo):

	Qui	Délai
Rédaction du PV	SB	15.12.2017
Correction de l'algorithme d'ajout automatique de données patient	SB	20.12.2017
Plugin pour supprimer les nœuds pas liés au données patient	SB	20.12.2017
Améliorer les performances du plugin	SB	undefined
Amélioration de l'interface graphique du plugin d'ajout	SB	undefined
Créer un plugin de layout personnalisé	SB	undefined

Points ouverts:

1. Créer un plug-in pour importer un interactome au format TSV.
2. UC : généralisation des ajouts d'annotations manuel et automatique pourrait être supprimée.

Date et lieu de la prochaine réunion: mercredi 20 décembre à 09h00, salle D20.03