



Procès-verbal
Projet de Semestre 5
VisuDNA-II

Date: 15.22.2017
Heure: 09h00 - 09h40
Lieu: Salle D20.03, HES-SO, Fribourg

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

Agenda:

1. Approbation du PV de la dernière séance
 2. Planning
 3. Planification des prochaines tâches et de la prochaine réunion
 4. AOB (Any Other Business)
-

Discussions:

Approbation du document d'organisation

Le document a été lu et approuvé.

Description des cas du UC

Une description devait être ajoutée à tous les cas du UC ; étant donné qu'une description est maintenant existante sur les fiches descriptives des cas, il a été décidé qu'il n'était pas nécessaire d'ajouter quelque chose sur le UC (on pourra le faire lors de l'écriture de la documentation).

Modification du cas d'ajout d'annotation

La remarque a été faite que la généralisation des cas « ajout manuelle d'annotation » et « ajout automatique d'annotation » ne semble pas très représentative du projet car aucun point commun entre ces deux cas n'a été défini dans les fiches descriptives. Néanmoins, le UC ne sera pas modifié avant l'écriture de la documentation finale, cette généralisation n'étant pas gênante pour la suite du projet.

Fiches descriptives (ajout d'annotations)

1. Ajout d'annotations manuel

Possibilité de modifier plusieurs propriétés des nœuds et des liens. Tous ces éléments doivent être accessibles depuis une fenêtre de propriétés. Les propriétés définies pour le moment pour un nœud sont :

- ID de l'interacteur 1 (texte, p.ex : uniprotkb:O12345)
- Ensemble de l'interacteur 1 (texte, p.ex : ENSEMBL:ENSG00001234567)
- Entrez gene ID de l'interacteur 1 (texte, p.ex : EntrezGene:8405)
- ID de l'interacteur 2 (texte)
- Ensemble de l'interacteur 2 (texte)
- Entrez gene ID de l'interacteur 2
- Type d'interaction (texte, p.ex. *complexe*)
- Contexte de l'interaction (texte, p.ex : R-HSA-123456)
- Référence Pubmed (texte, p.ex : 12345678|12345678|...)
- Un nom (qui pourrait reprendre l'ID)
- Une couleur
- Une taille variable (p.ex. selon l'importance d'un gène ou de son nombre de voisins)
- Un texte libre

Ces propriétés peuvent être modifiées manuellement même si elles ont été ajoutées par le cas d'ajout automatique.

Les liens ne sont pas dirigés pour décrire une interaction entre deux gènes ; par contre ils sont dirigés lorsqu'il s'agit d'interaction entre un gène et une donnée patient (si les données patient sont affichées sous forme de nœud)

Les propriétés d'un lien sont :

- La couleur
- La taille
- La qualité (l'interaction entre deux nœuds peut être plus ou moins forte)

2. Ajout d'annotations automatique (cas général)

Les formats des fichiers qui seront lus pour augmenter le graphe seront certainement différents. Le cas général reste simple, la différence principale entre les cas spécifiques sera donc le *parser* de fichiers qui devra transformer du texte en graphe.

Tous les fichiers annexes seront (probablement) au format TSV (*Tab Separated Values*), de même que l'interactome. Les graphes créés par notre application seront de préférence au format *GraphML* bien que ce ne soit pas un but majeur de premier prototype.

Pas besoin d'un diagramme de séquence avant de faire le premier test.

3. Ajout de données patient

Un fichier d'exemple de données patient est maintenant disponible au format TSV. Ce fichier contient en fait les variations sur les gènes d'une plante avec plusieurs sujets. Il y a donc les données de plusieurs « patients » dans un fichier ce qui pourrait également être utile pour notre projet où nous pourrions, par exemple, avoir un fichier contenant les données de plusieurs personnes d'une même famille.

Le scénario d'ajout des données est accepté pour le moment ; la prochaine tâche étant de créer un exemple d'interface pour Tulip.

4. Ajout d'un phénotype

Pour le moment aucune différence notable par rapport au données patient. Les détails devront être réglés lors de l'implémentation de l'algorithme d'ajout de données automatique.

5. Filtres

Pour le moment pas de filtre spécifique en plus de ceux offerts par le logiciel choisi. De nouveaux filtres seront ajoutés après la réalisation de l'ajout automatique d'annotations si cela est jugé nécessaire et si le temps le permet.

Planning

Les changements dans le planning n'étaient pas importants puisqu'il devra être modifié après les décisions faites lors de cette réunion.

Prochaine réunion

La prochaine réunion aura lieu le mercredi 29 novembre 2017 à 09h00.

Décisions

1. Le PV de la dernière séance est accepté
2. Le format GraphML est a utilisé de préférence.
3. Utilisation du logiciel Tulip
4. Création d'un premier prototype d'interface graphique pour le projet sans réfléchir aux algorithmes nécessaires.
5. Commencer par les interfaces d'ajout d'annotations automatique ainsi que la fenêtre de propriétés des nœuds et des liens.
6. Préparer les réunions pour montrer rapidement les points importants du projet ; être le plus efficace possible en une demi-heure (toujours valable :)

Tâches à réaliser (ToDo):

	<i>Qui</i>	<i>Délai</i>
Rédaction du PV	SB	27.11.2017
Création d'un premier prototype d'interface pour Tulip	SB	29.11.2017

Points ouverts:

1. Outil de visualisation des graphes (3 à départager)
2. Format de fichier à utiliser (préférence pour GraphML)
3. UC : généralisation des ajouts d'annotations manuel et automatique pourrait être supprimée.
4. Affichage des données patients comme d'autre nœuds du graphe.

Date et lieu de la prochaine réunion: mercredi 29 novembre à 09h00, salle D20.03