



**Procès-verbal**  
**Projet de Semestre 5**  
**VisuDNA-II**

**Date:** 06.12.2017  
**Heure:** 09h00 - 09h30  
**Lieu:** Salle D20.03, HES-SO, Fribourg

---

**Participants:** Beat Wolf (BW), Jonathan Stoppani (JS), 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
  3. Question sur l'import de l'interactome
  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** (ajout automatique de données patient)

Le premier prototype de plugin a semblé correspondre aux attentes malgré certaines améliorations encore nécessaires.

Pour commencer, l'interface utilisateur est presque inexistante pour le moment. Il serait appréciable que l'utilisateur soit averti lorsque l'import des données est terminé, s'il y a eu des erreurs lors de l'import p.ex. le fichier de données patient fait référence à un gène qui n'est pas dans l'interactome. De plus l'utilisateur doit pouvoir définir d'autres paramètres pour les nœuds créés automatiquement comme leur couleur, leur taille (qui peut être calculée d'après d'autres propriétés du graphe), leur nom, etc. Penser également à pouvoir modifier les arrêtes (taille, couleur, etc.) en plus des nœuds. L'ajout d'une barre de chargement durant l'ajout des données serait également bien venu.

Le plugin devrait également être généraliser pour permettre plus de liberté dans le format du fichier de données qui peut comporter de 1 à n données patient (colonnes).

La dernière amélioration serait d'améliorer les performances en triant les données (un map) avant d'effectuer la recherche des nœuds.

## Plugin de filtre

Le projet final aurait également besoin d'une possibilité de filtrer les nœuds « inutiles » de l'interactome p.ex. s'ils n'ont pas d'interaction (directe ou par transitivité) avec les données patients (i.e certains nœuds sélectionnés).

L'application d'un filtre ne devrait pas complètement supprimer les nœuds du graphe mais uniquement les enlever de l'affichage.

## Planning

1) Les tâches les plus importants sont, pour le moment d'améliorer le plugin d'ajout des données patient pour qu'il puisse importer un fichier de données peu importe son nombre de colonnes et d'améliorer l'interface utilisateur du plugin pour que celui-ci soit informer des données qui ont ou qui n'ont pas pu être ajoutées.

2) L'amélioration des performances de ce plugin reste pour le moment un tâche secondaire. Un plugin de filtre devrait également être réaliser pour permettre, dans un premier temps, de supprimer les nœuds de l'interactome qui n'ont pas d'interaction (même par transitivité) avec un des nœuds des données patient.

3) Il pourrait être judicieux de créer un plugin permettant l'import d'un interactome au format TSV dans Tulip car l'option disponible d'import de fichiers CSV prend tout de même un certain temps pour l'utilisateur. De plus notre plugin d'ajout de données patient est déjà capable de lire des fichiers TSV. Cette tâche reste secondaire pour le moment.

## 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. Continuer l'implémentation du plugin d'ajout des données patients (GUI, généralisation du code, puis performances)
3. Commencer un plugin de filtre

---

## Tâches à réaliser (ToDo):

	Qui	Délai
Rédaction du PV	SB	10.12.2017
Généralisation du plugin d'ajout de données patient	SB	13.12.2017
Amélioration de l'interface graphique dudit plugin	SB	13.12.2017
Créer un plugin de filtre pour supprimer le « bruit »	SB	13.12.2017
Améliorer les performances du plugin	SB	undefined
Améliorer le lay-out du graphe augmenté	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.
3. Affichage des données patients comme d'autre nœuds du graphe (utilisé)
4. *Format de fichier à utiliser (préférence pour GraphML)*
5. Outil de visualisation de graphes (Tulip)

---

**Date et lieu de la prochaine réunion:**      mercredi 13 décembre à 09h00, salle D20.03