Sébastien Bouquet

VisuDNA-II

Projet de semestre d’automne 2017-2018

January 10, 2018

**Repository git : description des sources**

Contenu

[1. Abstract 2](#__RefHeading___Toc353_1313306196)

[2. Racine du repository 2](#__RefHeading___Toc355_1313306196)

[Sous-répertoires 2](#__RefHeading___Toc357_1313306196)

[Fichiers présents 2](#__RefHeading___Toc359_1313306196)

[3. Répertoire demo-img 3](#__RefHeading___Toc363_1313306196)

[4. Répertoire *doc* 3](#__RefHeading___Toc365_1313306196)

[Sous-répertoires 3](#__RefHeading___Toc367_1313306196)

[Fichiers présents 3](#__RefHeading___Toc369_1313306196)

[5. Répertoire sources 4](#__RefHeading___Toc373_1313306196)

[Fichiers présents 4](#__RefHeading___Toc375_1313306196)

[6. Répertoire *VisuDNA* 4](#__RefHeading___Toc485_1313306196)

[Sous-répertoires 4](#__RefHeading___Toc487_1313306196)

[Fichiers présents 4](#__RefHeading___Toc379_1313306196)

# Abstract

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

# Racine du repository

## Sous-répertoires

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

* demo-img
* doc
* sources
* VisuDNA

## Fichiers présents

* *affected(arabidopsis\_thaliana).tsv :* exemple de données *sample.*
* *BIOGRID-ORGANISM-Arabidopsis\_thaliana\_Columbia-3.4.129.garphml :* Fichier GraphML contenant l’interactome de *arabidopsis thaliana.*
* *BIOGRID-ORGANISM-Arabidopsis\_thaliana\_Columbia-3.4.154.tab2.txt* : fichier TSV contenant l’interactome de *arabidopsis thaliana.*
* *BIOGRID-ORGANISM-Homo\_sapiens\_GEPHI.graphml* : fichier GraphML contenant l’interactome humain.
* *EXTRACT\_ORGANISM-Arabidopsis\_thaliana\_Columbia-3.4.129.graphml :* fichier GraphML contenant un extrait de l’interactome de *arabidopsis thaliana.*
* *Graph.gexf :* fichier *gexf* (utilisé par Gephi) contenant un exemple de graphe.
* *interactome(FROM\_VISUDNA1).tsv :* fichier TSV contenant un exemple d’interactome utilisé lors du premier projet VisuDNA .
* *test\_fullOrganismMerged.tlpx :* fichiers *tlpx* contenant des sauvegardes d’un projet *Tulip* contenant l’interactome complet de *arabidopsis thaliana* et l’ajout des données *sample*.

# Répertoire demo-img

Ce répertoire contient un exemple d’une démonstration du fonctionnement des plugins existant sous formes de captures d’écran.

# Répertoire *doc*

## Sous-répertoires

* *CahierCharges*: contient la dernière version du cahier des charges ainsi que les sources Latex de celui-ci.
* *FichesDescriptives :* contient les 11 fiches descriptives créées durant la phase d’analyse du projet.
* *Presentation1 :* contient le fichier *PowerPoint* de la présentation intermédiaire des projets de semestre ainsi que les images utilisées dans cette présentation.
* *Pvs :* contient les versions PDF des PVs créés durant le projet ainsi que deux modèles de PV aux formats *docx* et *Latex*.
* *ResumeDNA1 :* contient un document résumant ce qui avait été réalisé durant le projet *VisuDNA* (premier du nom) ainsi que les sources *Latex* de ce document.
* *UseCase :* contient différentes version du UseCase de l’application dont des fichiers *Visual Paradigm* ainsi que ces diagrammes au format JPEG.
* *Planning :* contient un planning sous forme de diagramme de Gantt créer avec *Ganttproject ;* les fichier d’installation du logiciels sont également présents.

## Fichiers présents

* *contenu\_repo :* explique le contenu du repository ; présent aux formats PDF et DOCX.
* *state\_of\_the\_art.docx :* explique les différents logiciels de visualisation de graphe testés ainsi que leurs avantages et inconvénients.
* *visuDNA\_comparaison\_outils\_graphe.xlsx :* définit les critères de sélection de l’outil le plus adapté. Cette comparaison est reprise dans *state\_of\_the\_art.docx*.

# Répertoire sources

Ce répertoire contient le code source des plugins développés pour Tulip. Ils sont créant un lient symbolique depuis les fichiers python présents et le répertoire d’installation de *Tulip* (dans *lib/tulip/python/)*.

## Fichiers présents

* *MergeSamples.py:*contient le code du plugin d’ajout de données *sample*
* *dictmaker.py :* un module python permettant de transformer une liste de nœuds en dictionnaire.
* *SelectRelated.py :* contient le code du plugin de filtre.

# Répertoire *VisuDNA*

Ce répertoire contient ce qui a été fait lors du premier projet *VisuDNA.*

## Sous-répertoires

* *sources:* sources du programme de fusion des données patient et du plugin Gephi.

## Fichiers présents

* *CahiersDesCharges.pdf :* état final du cahier des charges.
* *eiafr-visudna-patient.nbm :* plugin Gephi.
* *ModeDemploi.pdf :* mode d’emploi d’installation du plugin Gephi.
* *Rapport.pdf :* rapport final.
* *readme.pdf:* contenu du CD rendu.