

École Doctorale d'Informatique de PARIS-Sud (EDIPS)

Jean SIMARD

Collaboration haptique étroitement couplée pour la déformation moléculaire interactive

Thèse soutenue le *<à définir>*

pour l'obtention du grade de

Docteur en informatique de l'Université PARIS-Sud

en présence de

Professeur	Indira THOUVENIN	(rapporteur)
	Université de technologie de COMPIÈGNE – Heuristique et Diagnostic des Systèmes Complexes (Heudiasyc)	
Directeur de recherche	Jean-Marie BURKHARDT	(rapporteur)
	Institut Français des Sciences et Technologies des Transports, de l'Aménagement et des Réseaux (IFSTTAR)	
Professeur	Abdulmotaleb EL SADDIK	(examineur)
	Université d'OTTAWA – Multimedia Communications Research Laboratory (MCRLab)	
Chargé de recherche	Marc BAADEN	(examineur)
	Laboratoire de Biochimie Théorique (LBT)	
Professeur	Philippe TARROUX	(directeur)
	École Normale Supérieure d'ULM – Laboratoire d'Informatique, de Mécanique et de Sciences de l'Ingénieur (CNRS-LIMSI)	
Maître de Conférence	Mehdi AMMI	(encadrant)
	Université de PARIS-Sud – Laboratoire d'Informatique, de Mécanique et de Sciences de l'Ingénieur (CNRS-LIMSI)	

Thèse préparée au

Laboratoire d'Informatique, de Mécanique et de Sciences de l'Ingénieur (CNRS-LIMSI)

Table des matières

Table des matières	iii
Table des figures	ix
Liste des tableaux	xv
Résumé	xvii
Abstract	xix
Introduction générale	1
1 Étude bibliographique	3
1.1 Introduction	4
1.2 Contexte de travail : la modélisation moléculaire	4
1.2.1 Le <i>docking</i> moléculaire	4
1.2.2 Recherche de solutions de <i>docking</i> moléculaire	6
1.2.3 <i>Docking</i> moléculaire en environnement virtuel	8
1.2.4 Plateformes collaboratives pour la biologie moléculaire	13
1.3 Approche collaborative pour les problèmes complexes	16
1.3.1 La distribution cognitive des charges de travail	17
1.3.2 La facilitation sociale	20
1.3.3 La paresse sociale	22
1.4 Collaboration en environnement virtuel	25
1.4.1 Mécanismes de la communication de groupe	25

Table des matières

1.4.2	Communication en environnement virtuel	29
1.4.3	Stratégies de collaboration	30
1.5	Conclusion	34
2	Shaddock – Plateforme de manipulation collaborative de mo- lécules	37
2.1	Introduction	38
2.2	Architecture matérielle et logicielle	38
2.2.1	Travail collaboratif synchrone et colocalisé	38
2.2.2	Architecture logicielle adoptée	41
2.3	Plateforme de simulation et de visualisation	43
2.3.1	Module de visualisation moléculaire	44
2.3.2	Module de simulation moléculaire	46
2.4	Les outils d’interaction	48
2.4.1	Outil d’interaction utilisé	48
2.4.2	Outils existants	49
2.4.3	Outils de manipulation avancés	49
3	Recherche collaborative de résidu sur une molécule	53
3.1	Introduction	54
3.2	Exploration et sélection collaborative	54
3.2.1	Travaux existants	54
3.2.2	Objectifs	56
3.3	Présentation de l’expérimentation	57
3.3.1	Description de la tâche	57
3.3.2	Spécificités du protocole expérimental	61
3.4	Résultats	63
3.4.1	Amélioration des performances en binôme	65
3.4.2	Stratégies de travail	69
3.4.3	Résultats qualitatifs	76
3.5	Conclusion	78
3.5.1	Résumé des résultats	78
3.5.2	Synthèse et perspectives	78

4	Déformation collaborative de molécule	81
4.1	Introduction	82
4.2	Déformation collaborative en environnement virtuel	82
4.2.1	Travaux existants	82
4.2.2	Objectifs	83
4.3	Présentation de l'expérimentation	84
4.3.1	Description de la tâche	84
4.3.2	Spécificités du protocole expérimental	87
4.4	Résultats	91
4.4.1	Amélioration des performances en binôme	93
4.4.2	Évolution des performances en fonction de la complexité de la tâche	98
4.4.3	Amélioration de l'apprentissage pour les binômes	102
4.4.4	Résultats qualitatifs	107
4.5	Conclusion	109
4.5.1	Résumé des résultats	109
4.5.2	Synthèse et perspectives	109
5	La dynamique de groupe	111
5.1	Introduction	112
5.2	Collaboration de groupe	112
5.2.1	Travaux existants	112
5.2.2	Objectifs	113
5.3	Présentation de l'expérimentation	114
5.3.1	Description de la tâche	114
5.3.2	Spécificités du protocole expérimental	115
5.4	Résultats	119
5.4.1	Amélioration des performances	119
5.4.2	Utilité du <i>brainstorming</i> pour la collaboration	123
5.4.3	Définition d'un meneur	127
5.5	Conclusion	130

Table des matières

5.5.1	Résumé des résultats	130
5.5.2	Synthèse et perspectives	131
6	Travail collaboratif assisté par haptique	133
6.1	Introduction	134
6.2	Assistance haptique pour la communication	134
6.2.1	Travaux existants	134
6.2.2	Outils haptiques pour la collaboration	135
6.2.3	Objectifs	136
6.3	Présentation de l'expérimentation	137
6.3.1	Description de la tâche	137
6.3.2	Spécificités du protocole expérimental	138
6.4	Résultats	143
6.4.1	Amélioration des performances	143
6.4.2	Amélioration de la communication	149
6.4.3	Évaluation qualitative	154
6.5	Conclusion	156
6.5.1	Résumé des résultats	156
6.5.2	Synthèse et perspectives	158
	Conclusion et perspectives	159
	Bibliographie	163
	Glossaire	195
	Acronymes	199
	Annexes	203

A	Dispositif expérimental	203
A.1	Matériel expérimental	204
A.2	Présentation des molécules	205
A.2.1	Liste des molécules	205
A.2.2	Représentation des molécules	205
A.3	Outils de manipulation	208
B	Méthode expérimentale	209
B.1	Première expérimentation	210
B.1.1	Hypothèses	210
B.1.2	Sujets	210
B.1.3	Variables	211
B.1.4	Procédure	213
B.2	Seconde expérimentation	213
B.2.1	Hypothèses	213
B.2.2	Sujets	214
B.2.3	Variables	215
B.2.4	Procédure	216
B.3	Troisième expérimentation	216
B.3.1	Hypothèses	216
B.3.2	Sujets	217
B.3.3	Variables	218
B.3.4	Procédure	219
B.4	Quatrième expérimentation	219
B.4.1	Hypothèses	219
B.4.2	Sujets	220
B.4.3	Variables	220
B.4.4	Procédure	222

Table des matières

C	Questionnaires	225
C.1	Première expérimentation	226
C.2	Seconde expérimentation	232
C.2.1	Questionnaire pour les monômes	232
C.2.2	Questionnaire pour les binômes	232
C.3	Quatrième expérimentation	233
C.3.1	Le questionnaire SUS	239

Table des figures

1.1	Complexe de molécules assemblé à partir de deux molécules	5
1.2	Mesures pour l'évaluation du <i>docking</i> moléculaire	6
1.3	Illustration d'une molécule avec ces hélices- α et ces feuillets- β	8
1.4	Représentation avancée proposée par BERGMAN <i>et al.</i> [1993]	10
1.5	Visualisation multimodale proposée par DAVIES <i>et al.</i> [2005]	11
1.6	Potentiel de LENNARD-JONES [1924a]	12
1.7	<i>Docking</i> moléculaire à l'aide d'une interface à cinq Degrés De Liberté (DDLs) [LAI-YUEN et Y.-S. LEE 2006]	13
1.8	<i>Docking</i> moléculaire rigide avec le Virtuouse TM 6D35–45 [DAUNAY et RÉGNIER 2009]	14
1.9	Plateforme de collaboration inter-universités proposée par [DOVE <i>et al.</i> 2005]	15
1.10	Manipulation collaborative de molécule avec représentation des mains des participants [CHASTINE <i>et al.</i> 2005]	16
1.11	Représentation d'un système cognitivement distribué	19
1.12	Résultats obtenus par TRIPLETT [1898] avec des cyclistes	20
1.13	Loi de YERKES et DODSON [1908] sur le lien entre la stimulation des individus et les performances	22
1.14	Résultats obtenus par RINGELMANN [1913] et présentés par KRAVITZ et B. MARTIN [1986]	23
1.15	Synthèse des effets de la collaboration selon SULEIMAN et WATSON [2008]	24
1.16	Inter-référencement visuel proposé par CHASTINE <i>et al.</i> [2007] à l'aide de techniques de réalité augmentée	28
1.17	Collaboration à plusieurs utilisateurs	31

Table des figures

1.18	Collaboration à plusieurs experts	33
1.19	Collaboration par manipulateur et observateur	34
1.20	Processus de déformation moléculaire en quatre étapes	36
2.1	Diagramme de déploiement UML de la plateforme Shaddock	39
2.2	Diagramme de composant UML du nœud VMD	40
2.3	Classification des tâches collaboratives selon ELLIS <i>et al.</i> [1991]	40
2.4	Illustration des rendus graphiques de molécules sur VMD (<i>Visual Molecular Dynamics</i>)	46
2.5	Différence visuelle entre les éléments pointés et sélectionnés	50
2.6	Les quatre étapes de la désignation (utilisateur \mathcal{A} en rouge et utilisateur \mathcal{B} en jaune)	52
3.1	Répartition des résidus sur les molécules	59
3.2	Schéma du dispositif expérimental	62
3.3	Photographie du dispositif expérimental	62
3.4	Temps de réalisation par résidu	65
3.5	Temps de réalisation comparés (monôme ou binôme) par résidu	66
3.6	Temps de recherche et de sélection comparés par résidu	66
3.7	Distance moyenne entre les sujets pour chaque binôme sur les résidus \mathcal{R}_6 , \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10}	69
3.8	Affinité entre les sujets pour chaque binôme	70
3.9	Temps de réalisation entre les sujets pour chaque binôme	70
3.10	Temps de communication verbale entre les sujets pour chaque binôme	71
3.11	Pourcentage de temps de communication verbale pendant la recherche et la sélection entre les sujets pour chaque binôme	71
3.12	Force moyenne et différence de force entre les sujets pour chaque binôme	71
3.13	Couplage physique et structure entre les résidus	74
4.1	Affichage de la molécule à déformer et de la molécule cible	85
4.2	Schéma du dispositif expérimental	88

4.3	Photographie du dispositif expérimental	88
4.4	Représentation de la molécule TRP-ZIPPER pour le scénario 1A	89
4.5	Représentation de la molécule TRP-CAGE pour le scénario 1B	90
4.6	Représentation de la molécule TRP-ZIPPER pour le scénario 2A	90
4.7	Représentation de la molécule TRP-CAGE pour le scénario 2B	91
4.8	Illustration des rendus pour l’affichage de la molécule	93
4.9	Temps de réalisation en fonction du nombre de sujets	94
4.10	Distance passive et active entre les effecteurs terminaux en fonction du nombre de sujets	94
4.11	Nombre de sélections par main dominante/dominée en fonc- tion du nombre de sujets	95
4.12	Vitesse moyenne de la main dominante et dominée en fonction du nombre de sujets	96
4.13	Temps de réalisation des scénarios	98
4.14	Temps de réalisation des scénarios en fonction du nombre de sujets	99
4.15	Nombre de sélections de chaque scénario en fonction du nombre de sujets	99
4.16	Distance passive et active entre les effecteurs terminaux sur chaque scénario en fonction du nombre de sujets	100
4.17	Vitesse moyenne sur chaque scénario en fonction du nombre de sujets	101
4.18	Temps de réalisation de chaque essai	103
4.19	Temps de réalisation de chaque essai en fonction du nombre de sujets	103
4.20	Nombre de sélections de chaque essai en fonction du nombre de sujets	104
4.21	Distance active entre les effecteurs terminaux pour chaque es- sai en fonction du nombre de sujets	105
4.22	Vitesse moyenne pour chaque essai en fonction du nombre de sujets	105
5.1	Schéma du dispositif expérimental	116
5.2	Photographie du dispositif expérimental	116

Table des figures

5.3	Représentation de la molécule Prion pour le scénario 1	117
5.4	Représentation de la molécule Ubiquitin pour le scénario 2 . . .	119
5.5	Temps de réalisation des scénarios	119
5.6	Temps de réalisation des scénarios en fonction du nombre de participants	120
5.7	Fréquence des sélections sur les scénarios en fonction du nombre de participants	120
5.8	Vitesse moyenne sur les scénarios en fonction du nombre de participants	121
5.9	Nombre d'échanges verbaux sur les scénarios en fonction du nombre de participants	121
5.10	Temps de réalisation avec ou sans <i>brainstorming</i>	123
5.11	Temps de réalisation des scénarios en fonction des groupes avec ou sans <i>brainstorming</i>	124
5.12	Fréquence des sélections sur les scénarios en fonction des groupes avec ou sans <i>brainstorming</i>	124
5.13	Vitesse moyenne sur les scénarios en fonction des groupes avec ou sans <i>brainstorming</i>	125
5.14	Nombre d'ordres verbaux sur les scénarios en fonction des groupes avec ou sans <i>brainstorming</i>	125
5.15	Nombre d'ordres donnés par chacun des sujets de \mathcal{G}_1	128
5.16	Vitesse moyenne des effecteurs terminaux pour chacun des sujets de \mathcal{G}_1	128
5.17	Profil de force du groupe \mathcal{G}_1 sur la molécule Prion	129
6.1	Schéma du dispositif expérimental	139
6.2	Photographie du dispositif expérimental	140
6.3	Représentation de la molécule Ubiquitin pour le scénario 1 . . .	141
6.4	Représentation de la molécule NUSE :NUSG pour le scénario 2	141
6.5	Score <i>Root Mean Square Deviation</i> (RMSD) minimum atteint avec et sans haptique	144
6.6	Temps pour atteindre le score RMSD minimum avec et sans haptique	145

6.7	Temps pour atteindre le score RMSD minimum avec et sans haptique pour chaque scénario	145
6.8	Nombre de sélections par seconde effectuées par un opérateur pour la déformation avec et sans haptique	146
6.9	Temps moyen d'une sélection effectuée par un opérateur pour la déformation avec et sans haptique	147
6.10	Temps moyen pour atteindre une cible désignée lors d'une désignation avec et sans haptique	147
6.11	Temps moyen d'acceptation d'une désignation avec et sans haptique	150
6.12	Nombre de désignations acceptées au cours du processus de désignation avec et sans haptique	150
6.13	Vitesse moyenne du coordinateur avec et sans haptique	151
6.14	Temps de parole des sujets avec et sans haptique	151
6.15	Temps de parole des sujets en fonction de l'ordre de passage de l'assistance haptique	152
A.1	Représentation des atomes avec CPK	206
A.2	Représentation de la structure principale de la molécule avec <i>NewRibbon</i>	207
A.3	Représentation des atomes fixés en gris	207
B.1	Étapes de la communication verbale pour la recherche d'un résidu	212

Table des figures

Liste des tableaux

1.1	Liste non-exhaustive de solutions logicielles de <i>docking</i> moléculaire	9
3.1	Liste des résidus recherchés	58
3.2	Paramètres de complexité des résidus – Carbone en <i>cyan</i> , Azote en <i>bleu</i> , Oxygène en <i>rouge</i> et Soufre en <i>jaune</i>	60
3.3	Synthèse de la méthode expérimentale	64
4.1	Paramètres de complexité des tâches	87
4.2	Synthèse de la procédure expérimentale	92
5.1	Synthèse de la procédure expérimentale	118
6.1	Synthèse de la procédure expérimentale	144

Liste des tableaux

Résumé

Le *docking* moléculaire consiste à comprendre comment deux molécules s'assemblent pour former un complexe de molécules. C'est un problème complexe pour lequel les algorithmes existants permettent seulement d'obtenir des solutions approximatives.

Récemment, des systèmes collaboratifs ont émergé pour tenter de résoudre ce problème de manière robuste. Dans ce mémoire, nous allons plus loin dans la collaboration avec un environnement de manipulation moléculaire synchrone et colocalisé. L'objectif est de favoriser la communication pour profiter de la distribution des charges de travail et du partage de connaissances.

Dans cette optique, la plateforme Shaddock a été développée à l'aide de modules de visualisation et de simulation moléculaire largement utilisés par les biologistes. Elle immerge les utilisateurs dans une simulation moléculaire en temps-réel et permet l'interaction avec des interfaces haptiques.

Dans un premier temps, nous étudions différentes configurations de travail collaboratif étroitement couplé à travers trois expérimentations. L'objectif est d'identifier les contraintes d'une telle configuration de travail et de caractériser les stratégies adoptées par les utilisateurs. Il en ressort que la communication, génératrice de conflits, est un point essentiel de la collaboration.

Dans un second temps, des outils basés sur le retour haptique ont été développés pour améliorer la communication. Une dernière expérimentation, faisant intervenir des biologistes, montre la pertinence de la communication haptique pour améliorer la collaboration.

Ce travail de thèse propose de nouvelles méthodes de travail pour le *docking* moléculaire. De plus, nous montrons la pertinence de la modalité haptique dans l'amélioration de la communication entre utilisateurs.

Mots-clefs – *docking* moléculaire – communication haptique – collaboration étroite – interaction haptique

Abstract

Molecular docking tries to predicts the structure when binding two or more molecules to form a stable complex. It is a complex problem for which the existing algorithms only make it possible to obtain approximate solutions.

Recently, collaborative systems have emerged to address this problem more robust. In this memoir, we will go further in the collaboration with an environment of synchronous and colocated molecular manipulation. The aim is to foster communication to take advantage of the workloads distribution and knowledge sharing.

Accordingly, the Shaddock platform was developed by using molecular simulation and visualization modules, which are largely used by the biologists. It immerses users in a real time molecular simulation and allows the interaction with haptic interfaces.

First of all, we study different closely-coupled collaborative configurations through three experiments. The objective is to identify the constraints of such a configuration and then characterize the strategies adopted by users. It shows that communication, source of conflicts, takes an essential place in the collaboration.

At the second step, tools based on haptic feedback have been developed to improve the communication. The last experiment, involving biologists, shows the relevance of haptic communication to enhance collaboration.

This thesis proposes new working methods for molecular docking. Moreover, we can find the relevance of the haptic modality in the improvement of users communication.

Keywords – molecular docking – haptic communication – closely collaboration – haptic interaction

Abstract

Introduction générale

En biologie moléculaire, il est un problème vieux de plus d'un siècle qui n'a toujours pas trouvé de solution optimale. Ce problème, le *docking* moléculaire, consiste à comprendre comment des molécules peuvent s'assembler afin d'en former une nouvelle. L'avènement de l'informatique a permis à de nombreux chercheurs de proposer des algorithmes toujours plus évolués les uns que les autres mais aucun ne permet d'obtenir une solution robuste et fiable dans un temps raisonnable.

Afin de donner un nouveau souffle à ce domaine de recherche, l'aptitude des humains à décider de manière intelligente a été introduit dans le processus de recherche. Cependant, un biologiste seul peut difficilement appréhender un problème d'une telle complexité. C'est pourquoi, des systèmes collaboratifs permettant le partage de connaissances ont commencé à émerger.

Parallèlement à ces nouvelles approches, les biologistes souhaitent avoir la possibilité de manipuler les molécules. Les contraintes physiques et techniques d'une telle manipulation ont amenés certains d'entre eux à s'orienter vers une modélisation puis une numérisation du comportement des molécules. Des moteurs de simulation sont alors développés pour permettre d'explorer virtuellement les comportements de ces molécules.

Puis, afin de pouvoir interagir avec ces simulations, certains biologistes se sont orientés vers les technologies utilisées dans la réalité virtuelle, notamment les interfaces haptiques. Ces interfaces permettent de percevoir et d'interagir avec les forces d'interactions entre les structures moléculaires.

C'est dans ce contexte que les travaux de cette thèse prennent place. Nous proposons aux biologistes de manipuler et d'interagir de manière collaborative et en temps-réel avec des structures moléculaires à l'aide d'interfaces haptiques. Nous souhaitons identifier les contraintes liées à cette collaboration étroitement couplée (synchrone et colocalisée) puis nous proposerons des solutions exploitant le canal haptique pour améliorer la communication et la coordination entre les partenaires.

Le mémoire qui va suivre s'organise de la manière suivante. Dans un premier temps, nous présenterons de manière précise dans le chapitre 1 page ci-contre, le contexte dans lequel s'inscrit notre travail. Nous commencerons par y présenter le *docking* moléculaire et la complexité que représente ce problème. Puis nous nous intéresserons à la psychologie sociale du travail collaboratif en soulignant les avantages et les limites d'une telle approche. Enfin, nous reviendrons sur les particularités de la collaboration en environnement virtuel.

Dans le chapitre 2 page 37, nous allons présenter la plateforme Shaddock qui a été développée dans le cadre de cette thèse pour répondre aux problématiques de collaboration et de manipulation moléculaire en temps-réel. Nous justifierons les choix architecturaux et les modules utilisés. La dernière section sera consacrée à la présentation des outils haptiques développés pour répondre aux différentes contraintes de manipulation.

Sur la base de la plateforme Shaddock, nous présentons ensuite trois études de cas afin d'étudier la collaboration étroitement couplée. Le chapitre 3 page 53 s'intéresse aux processus d'exploration et de sélection collaborative. Puis, le chapitre 4 page 81 propose de comparer différentes répartitions des ressources entre les utilisateurs sur une tâche de déformation. Ces deux études ne proposant des manipulations que de manière individuelle ou en couple, le chapitre 5 page 111 abordera les contraintes liées à la déformation de molécules sur des groupes de quatre utilisateurs.

Sur la base des résultats de ces trois études de cas, nous proposons, dans le chapitre 6 page 133, des outils haptiques permettant d'améliorer le processus de collaboration. Ces outils seront testés, entre autre par des biologistes, afin d'évaluer leur pertinence et leur utilité dans ce contexte de déformation moléculaire.

Pour finir, nous présenterons la synthèse des travaux effectués dans le cadre de cette thèse. Puis nous proposerons des perspectives à plus ou moins long terme concernant les poursuites possibles de ce travail.

Étude bibliographique

Sommaire

1.1	Introduction	4
1.2	Contexte de travail : la modélisation moléculaire	4
1.2.1	Le <i>docking</i> moléculaire	4
1.2.2	Recherche de solutions de <i>docking</i> moléculaire	6
1.2.3	<i>Docking</i> moléculaire en environnement virtuel	8
1.2.4	Plateformes collaboratives pour la biologie moléculaire	13
1.3	Approche collaborative pour les problèmes complexes	16
1.3.1	La distribution cognitive des charges de travail	17
1.3.2	La facilitation sociale	20
1.3.3	La paresse sociale	22
1.4	Collaboration en environnement virtuel	25
1.4.1	Mécanismes de la communication de groupe	25
1.4.2	Communication en environnement virtuel	29
1.4.3	Stratégies de collaboration	30
1.5	Conclusion	34

1.1 Introduction

Ce travail de thèse aborde de nombreux concepts, de la biologie moléculaire au système interactifs temps-réel en passant par la psychologie sociale. Il est nécessaire de fixer le contexte dans lequel se place nos travaux : le *docking* moléculaire. Ce dernier offre un contexte de travail extrêmement complexe, idéal pour justifier une approche par le travail collaboratif.

Cette étude bibliographique permettra dans un premier temps de comprendre les contraintes de complexité qui s'appliquent au *docking* moléculaire ainsi que les solutions actuellement proposées. Dans un second temps, nous verrons les apports de la collaboration pour la résolution de problèmes complexes en soulignant les avantages et les inconvénients d'une telle approche. Pour terminer, nous nous intéresserons plus précisément à la collaboration au sein d'un environnement virtuel, la manière dont elle s'organise et les concepts essentiels à la mise en place d'une plateforme.

1.2 Contexte de travail : la modélisation moléculaire

Dans le cadre de ce travail de thèse, nous allons nous intéresser à la modélisation moléculaire et plus précisément au *docking* moléculaire¹. Cette section a pour objectif de présenter le *docking* moléculaire puis expose les différentes solutions existantes pour traiter ce problème.

1.2.1 Le *docking* moléculaire

Dans le domaine de la modélisation moléculaire, le *docking* moléculaire consiste à prédire la conformation optimale entre deux molécules afin de créer un complexe de molécules stable (voir figure 1.1 page ci-contre). Le *docking* moléculaire permet soit de découvrir de nouvelles molécules (par assemblage de deux ou plusieurs molécules), soit de comprendre la nature d'un complexe de molécules obtenu par cristallographie². FISCHER et BEENSCH [1894] illus-

1. Pour la suite des développements, l'expression « *docking* moléculaire » sera utilisée plutôt que sa traduction « amarrage moléculaire » [NURISSO 2010] qui est peu citée dans la littérature française.

2. La cristallographie permet de déterminer les molécules présentes dans un complexe de molécules mais ne permet pas de déterminer avec précisions comment elles sont assemblées.

trent le *docking* moléculaire avec le modèle « clef-serrure » décrit de la façon suivante.

Um ein Bild zu gebrauchen, will ich sagen, daß Enzym und Glycosid wie Schloß und Schlüssel zueinander passen müssen, um eine chemische Wirkung aufeinander ausüben zu können.

On trouve une traduction en français de cette citation dans [HASENKNOPF 2005].

Pour utiliser une image, je dirais que l'enzyme et le glucoside doivent être ajustés comme la serrure et la clef, pour exercer une action chimique l'un sur l'autre.

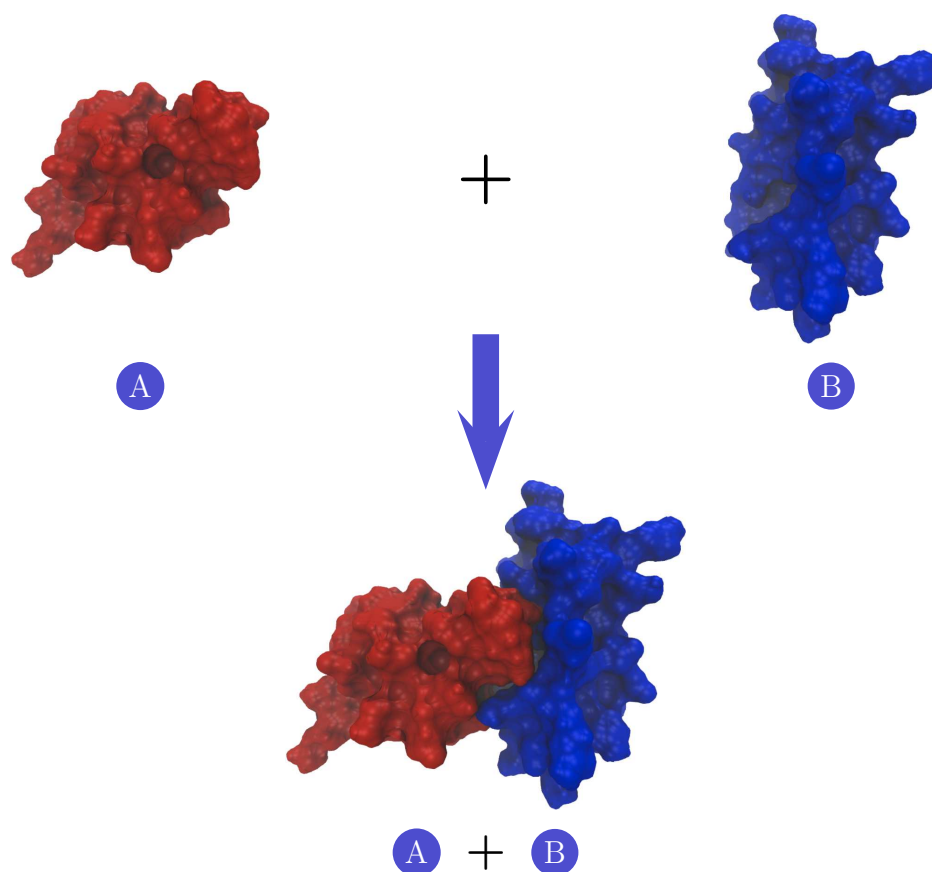


Figure 1.1 – Complexe de molécules assemblé à partir de deux molécules

La métaphore s'arrête ici. En effet, si pour vérifier la concordance d'une clef avec une serrure, il suffit de tester l'ouverture de la serrure, l'évaluation d'un complexe de molécules est moins évidente. La stabilité d'un complexe de molécules est principalement évaluée selon deux critères : la complémentarité

géométrique et la complémentarité chimique (voir figure 1.2). La complémentarité géométrique, parfois nommée complémentarité structurelle [CHURCH *et al.* 1977], consiste à trouver les parties de chaque molécule qui s’imbriquent le mieux l’une avec l’autre, comme un puzzle en 3D. JIANG *et al.* [2003] montre l’importance de la complémentarité géométrique dans le *docking* moléculaire dans l’évaluation d’un complexe de molécules. La figure 1.2a illustre la complémentarité géométrique dans une représentation simplifiée en 2D.

Cependant, la stabilité d’un complexe de molécule s’accompagne également d’une évaluation de la complémentarité chimique comme décrit par KESSLER *et al.* [1999]. Cette complémentarité tient compte des interactions chimiques entre les molécules comme les charges électrostatiques [MCCOY *et al.* 1997], les ponts hydrogènes [ARUNAN *et al.* 2011] ou encore les régions hydrophiles et hydrophobes [BLALOCK et SMITH 1984]. La figure 1.2b illustre la complémentarité électrostatique.

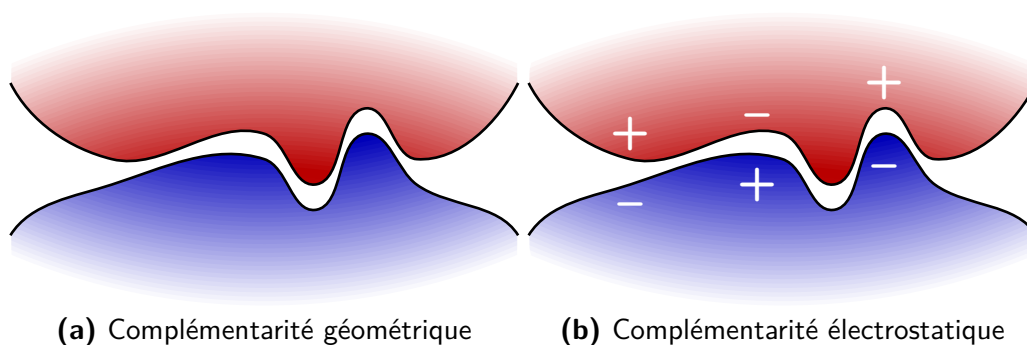


Figure 1.2 – Mesures pour l’évaluation du *docking* moléculaire

Le nombre de combinaisons géométriques et le nombre de contraintes chimiques font du *docking* moléculaire une tâche de recherche très complexe. Une exploration exhaustive de l’espace de recherche est impossible. La section suivante présente les différentes solutions logicielles existante pour tenter de trouver des solutions de *docking* moléculaire.

1.2.2 Recherche de solutions de *docking* moléculaire

La recherche de solutions de *docking* moléculaire consiste à trouver les zones de liaisons entre les molécules. Les algorithmes de recherche se basent principalement sur deux éléments : l’évaluation et l’optimisation. L’évaluation consiste à calculer un score pour la conformation trouvée. L’optimisation s’intéresse à l’amélioration et à l’affinage des conformations.

SCHULZ-GASCH et STAHL [2004] ou encore LEACH *et al.* [2006] proposent un état de l’art sur les moyens d’évaluer un *docking* moléculaire. Les algorithmes de recherche commencent par identifier les différents sites de liaisons potentiels par complémentarité géométrique. Cette première évaluation permet de filtrer l’espace des solutions. Puis une évaluation chimique partielle ou complète est éventuellement effectuée.

Parmi les algorithmes d’optimisation les plus utilisés, on peut citer les algorithmes génétiques, les ICMS (*Iterated Conditional Modes*), la méthode de MONTE-CARLO ou encore la reconstruction incrémentale autour d’une base protéinique. À chaque algorithme est associé une ou plusieurs solutions logicielles dont les plus référencées selon GROSDIDIER [2007] sont AutoDock (27 %), GOLD (15 %), FlexX (11 %), DOCK (6 %) ou encore ICMDocking (6 %). La table 1.1 page 9 propose une liste de solutions logicielles de *docking* moléculaire.

Cependant, les solutions présentées ci-dessus se basent sur une approximation importante de l’environnement moléculaire : les molécules sont considérées comme des corps rigides. En effet, une molécule est constituée d’un ensemble d’atomes possédant chacun une mobilité par rapport à ces voisins ; une molécule s’apparente plutôt à un corps flexible. La flexibilité d’une molécule peut être vue à différents niveaux de granularité, de l’atome aux molécules en passant par les structures secondaires (hélices- α et feuillets- β). On peut distinguer trois niveaux de flexibilité différentes :

Niveau inter-moléculaire Cette déformation au niveau macro-moléculaire concerne des transformations de grande amplitude sur chaque molécule. Elle permet de trouver la meilleure concordance entre les molécules en terme de position et d’orientation.

Niveau intra-moléculaire Cette déformation est au niveau moléculaire. L’amarrage de deux molécules (ou plus) permet d’obtenir de nombreux sites de liaison qui doivent être optimisées en fonction de critères variés (la complémentarité géométrique, les forces électrostatiques, *etc.*). La flexibilité s’organise alors autour de macro-structures telles que les structures secondaires qui font de la molécule une sorte de chaîne articulée (voir figure 1.3 page suivante).

Niveau atomique Cette déformation très fine va optimiser la position des atomes au niveau du site de liaison en modifiant l’état des résidus (groupement d’atomes). L’intérêt de cette étape sera portée sur plusieurs types d’interactions chimiques à échelle réduite (les ponts hydrogènes, les zones hydrophobiques et hydrophylles, les ponts salins, les forces de VAN DER WAALS [P. MÜLLER 1994], *etc.*).



Figure 1.3 – Illustration d'une molécule avec ces hélices- α et ces feuillets- β

La complexité induite par la flexibilité rend l'exploration de l'espace de recherche encore plus complexe par rapport aux corps rigides considérés précédemment. Afin de répondre à cette problématique supplémentaire, différentes approches, basées sur des plateformes de *docking* moléculaire (voir table 1.1 page ci-contre), ont été proposées afin de réduire l'espace de recherche :

- Une partie du complexe de molécules étudié est rendue rigide ;
- Utiliser plusieurs conformations rigides d'une molécule [MEAGHER et CARLSON 2004] ;
- Découper l'espace de recherche avec une granularité plus grossière pour améliorer les performances d'évaluation [ÖSTERBERG *et al.* 2002].

La flexibilité introduit une complexité importante dans la recherche de solutions en *docking* moléculaire. Cependant, nous allons voir dans la section suivante que l'utilisation des capacités combinées de l'humain et de la machine permet une approche différente face à ce problème complexe.

1.2.3 *Docking* moléculaire en environnement virtuel

Malgré une communauté scientifique très active pour améliorer les solutions de *docking* moléculaire existantes et se rapprocher toujours plus près de conditions biologiques réalistes, la complexité du problème rend difficile la découverte de solutions pertinentes. Devant cette complexité, une approche alternative basée sur l'introduction de l'humain et de ses capacités de décisions au sein du processus de recherche. En effet, bien que moins rapide pour

1.2. Contexte de travail : la modélisation moléculaire

Logiciel	Algorithme	Références
AutoDock	Algorithme génétique	[G. M. MORRIS <i>et al.</i> 1998] [ÖSTERBERG <i>et al.</i> 2002]
DOCK	Reconstruction incrémentale	[EWING <i>et al.</i> 2001]
ICMDocking	Méthode ICM	[ABAGYAN et TOTROV 1994] [ABAGYAN <i>et al.</i> 1994]
GOLD	Algorithme génétique	[JONES <i>et al.</i> 1997]
FlexX	Reconstruction incrémentale	[RAREY <i>et al.</i> 1997] [RAREY <i>et al.</i> 1999]
Glide	Méthode de MONTE-CARLO	[FRIESNER <i>et al.</i> 2004] [HALGREN <i>et al.</i> 2004]
BoxSearch	Méthode de MONTE-CARLO	[HART et READ 1992] [CUMMINGS <i>et al.</i> 1995]

Table 1.1 – Liste non-exhaustive de solutions logicielles de *docking* moléculaire

traiter un grand nombre de données, un expert est capable de classer plus intelligemment les solutions pertinentes et les solutions aberrantes.

L'idée d'immerger un humain au sein du processus de *docking* moléculaire date de 1967 avec le projet GROPE comme l'explique GRÜNWALD [2008]. L'intervention d'un expert durant le processus de recherche est effectuée par l'immersion dans des environnements de réalité virtuelle. BATTER et BROOKS JR. [1972] proposent les premières solutions d'immersion visuelle grâce à ce projet GROPE.

Avec l'immersion dans un environnement virtuel, le problème de la représentation des molécules se pose rapidement. BERGMAN *et al.* [1993] proposent la plateforme VIEW avec différentes possibilités de rendus graphiques pour représenter une molécule (voir figure 1.4 page suivante). Les environnements virtuels offrent une certaine souplesse dans la représentation des molécules ce qui a permis d'imaginer différentes manières d'afficher une molécule en fonction des informations à mettre en évidence. Des logiciels dédiés à ce genre de tâche ont alors pu voir le jour comme VMD [HUMPHREY *et al.* 1996] ou PYMOL [DELANO 2002].

Cependant, la nature statique de ces visualisations ne permet pas de comprendre la dynamique chimique au sein d'une molécule. HUITEMA et LIERE [2000]

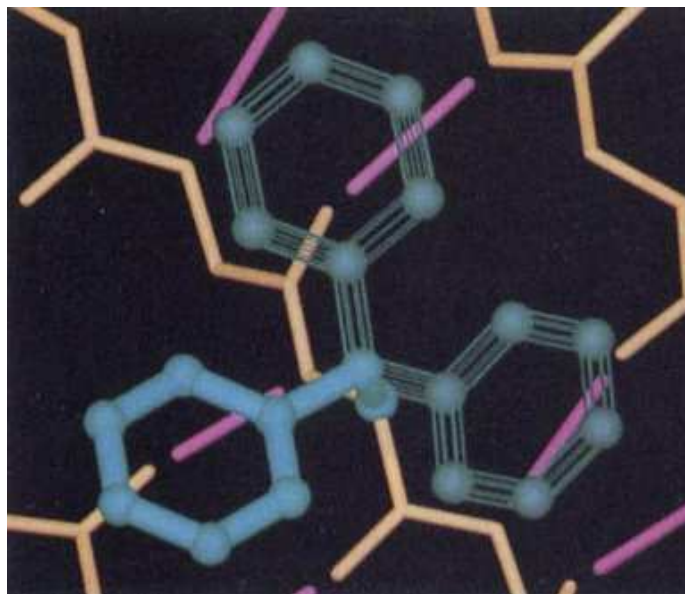


Figure 1.4 – Représentation avancée proposée par BERGMAN *et al.* [1993]

proposent un outil pour visualiser des trajectoires d'atomes afin d'appréhender la dynamique des protéines. Puis KŁOSOWSKI *et al.* [2002] franchissent une étape supplémentaire en proposant une visualisation temps-réel de la dynamique d'une molécule à l'aide du moteur de simulation Gromacs [BERENDSEN *et al.* 1995 ; HESS *et al.* 2008]. Enfin, KŘENEK *et al.* [1999] puis DAVIES *et al.* [2005] apporte une visualisation multimodale avec la combinaison des retours visuels et haptiques pour percevoir les champs de force électriques d'une molécule (voir figure 1.5 page ci-contre).

L'utilisation de l'haptique dans ce contexte n'est d'ailleurs pas nouveau. En effet, les biologistes ont également cherché à interagir virtuellement avec les molécules afin de pouvoir s'affranchir de la manipulation dans le monde réel nécessitant une procédure plus longue et plus complexe. Le projet GROPEHaptic³ se propose d'utiliser la modalité haptique pour interagir avec les molécules [BROOKS JR. *et al.* 1990 ; OUH-YOUNG *et al.* 1988]. Puis, une plateforme pour la modélisation moléculaire assistée par ordinateur est proposée avec HIMM (*Highly Immersive Molecular Modeling*) [DREES *et al.* 1996 ; DREES *et al.* 1998] ; l'objectif est de proposer une plateforme immersive et modulable afin de pouvoir facilement changer les différents outils d'interaction. Certains proposent même des interfaces tangibles se substituant aux molécules à manipuler comme WEGHORST [2003] et J.-I. KIM *et al.* [2004].

3. Le projet GROPEHaptic a été réaliser dans le prolongement du projet GROPE.



Figure 1.5 – Visualisation multimodale proposée par DAVIES *et al.* [2005]

En tenant compte de la flexibilité des molécules, les besoins en interaction se sont affinés ; il n'est plus question de modifier la position d'une molécule, on cherche à présent à modifier la position d'un atome ou d'un groupe d'atomes. Le modèle d'interaction proposé est la traction des atomes par un simple modèle masse-ressort [HAAN *et al.* 2002 ; KOUTEK *et al.* 2002] ce qui permet une déformation des atomes de manière locale. Puis Y.-G. LEE et LYONS [2004] propose de baser les modèles d'interactions haptiques sur l'approximation du champ de force décrit dans [LENNARD-JONES 1924a,b] (voir équation 1.1) ; ce modèle de force a l'avantage de permettre une relative stabilité du retour haptique (voir figure 1.6 page suivante).

$$V_{LJ} = 4\epsilon \left[\left(\frac{\sigma}{r_m} \right)^{12} - \left(\frac{\sigma}{r_m} \right)^6 \right] \quad (1.1)$$

Les différents outils de manipulation moléculaire se mettant en place, les chercheurs se sont de nouveau orientés vers l'une de leur première problématique : le *docking* moléculaire. Après les projets comme GROPE, d'autres projets de *docking* moléculaire comme STALK [LEVINE *et al.* 1997] voient le jour. La communauté haptique commence également à s'intéresser à cette problématique [SUBAŞI 2006 ; SUBAŞI et BAŞDOĞAN 2006, 2008]. Par exemple,

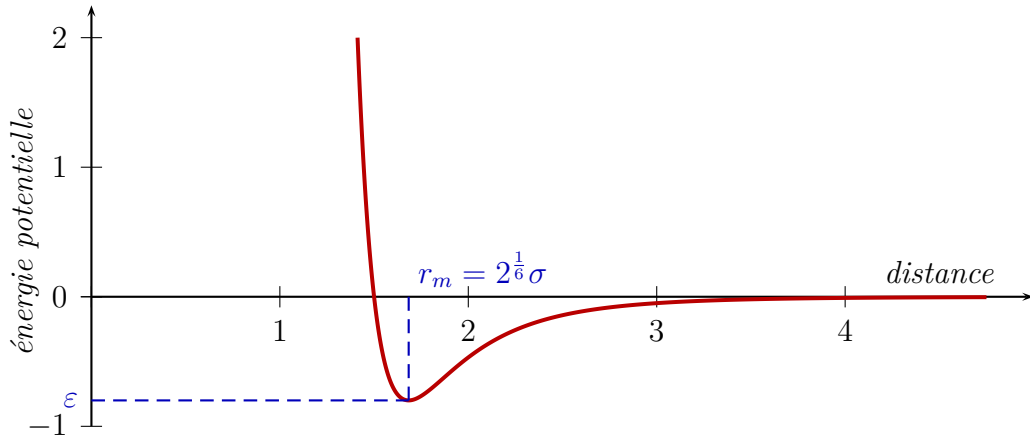


Figure 1.6 – Potentiel de LENNARD-JONES [1924a]

LAI-YUEN et Y.-S. LEE [2005] proposent une interface haptique avec cinq DDLs (voir figure 1.7 page suivante) afin d’effectuer du *docking* moléculaire [LAI-YUEN et Y.-S. LEE 2006]. Puis, à l’aide d’interfaces haptiques comme le Virtuoso™ 6D35–45 (six DDLs), la manipulation moléculaire [DAUNAY *et al.* 2007] puis le *docking* moléculaire [DAUNAY et RÉGNIER 2009] accompagné d’une évaluation temps-réel de l’énergie du complexe moléculaire devient possible. Le *docking* moléculaire faisant intervenir des champs de force spécifiques, HOU et SOURINA [2010] proposent des modèles de retours haptiques permettant de ressentir les moments⁴ interviennent au niveau de structures intra-moléculaires ou inter-moléculaires.

Plus récemment, deux projets ont permis d’aboutir à des plateformes de manipulation haptiques de molécules avec un moteur de simulation en temps-réel. Tout d’abord, REDON *et al.* [2005] développent des algorithmes pour la simulation en temps-réel de corps articulés avec un grand nombre de DDLs. Puis, il adapte son travail pour créer un moteur de simulation moléculaire ce qui lui permet d’obtenir des simulations temps-réel [ROSSI *et al.* 2007], utilisable pour la manipulation haptique [BOLOPION *et al.* 2009]. En suivant un cheminement similaire, DELALANDE *et al.* [2009] proposent un outil permettant d’obtenir des simulations moléculaires en temps-réel. Puis dans un second temps, DELALANDE *et al.* [2010] rendent possible la manipulation haptique temps-réel de molécules en proposant la déformation au niveau atomique.

Les différentes briques techniques et logicielles permettant d’effectuer du *docking* moléculaire flexible interactif existent. BOLOPION *et al.* [2009] puis

4. Utilisé ici dans le sens mécanique, force autour d’un pivot (moment ou couple).



Figure 1.7 – *Docking* moléculaire à l'aide d'une interface à cinq DDLs [LAI-YUEN et Y.-S. LEE 2006]

DELALANDE *et al.* [2010] nous montrent la faisabilité des simulations moléculaires réalistes et interactives. Puis DAUNAY et RÉGNIER [2009] offrent un moyen d'évaluer en temps-réel ces simulations. Le logiciel VMD offre une plateforme de visualisation moléculaire permettant de connecter des outils haptiques [STONE *et al.* 2010]. Des modèles de forces haptiques spécifiques au *docking* moléculaire sont développés [HOU et SOURINA 2010].

En fournissant tous ces outils de visualisation et d'interaction avec des environnement moléculaires virtuels, les possibilités des biologistes sont augmentées. Cependant, la complexité du problème de *docking* moléculaire est tellement importante que nous allons avoir recours à une aide supplémentaire : le travail collaboratif.

1.2.4 Plateformes collaboratives pour la biologie moléculaire

Les applications collaboratives en biologie moléculaire ont commencé à être développées pour répondre au besoin de travailler à plusieurs. L'une des premières application a été proposée par CASHER et RZEPA [1995] sous le nom de EyeChem. Cette application constituée d'une nœud serveur et de nœuds clients sur un réseau interne, permet à plusieurs utilisateurs d'éditer et de manipuler une molécule de manière synchrone.

Sur le même principe, BOURNE *et al.* [1998] développent MICE (*Molecular*



Figure 1.8 – Docking moléculaire rigide avec le Virtuose™ 6D35–45 [DAUNAY et RÉGNIER 2009]

Interactive Collaborative Environment), permettant de visualiser des molécules en collaboration distante. Cette application se distingue par l'utilisation d'Internet comme réseau ce qui permet une plus grande souplesse dans le déploiement. TATE *et al.* [2001] étendent les possibilités de MICE en permettant l'édition, la manipulation et l'interaction d'une même molécule par plusieurs utilisateurs. Un projet similaire appelé Chimera, développé par PETTERSEN *et al.* [2004], existe également et propose le même type de fonctionnalités.

Puis, basé sur la plateforme de J.-I. KIM *et al.* [2004] permettant de faire de la modélisation de molécules par gestes, PARK *et al.* [2006] proposent un système distribué de collaboration distante. C'est l'une des premières applications qui aborde le problème du *docking* moléculaire. Les gestes sont effectuées avec des *haptic eggs*, deux petites interfaces tangibles placées dans chaque main de l'utilisateur, chaque *haptic egg* étant l'abstraction d'une molécule. Cependant, le système de communication est déporté dans le temps puisque les utilisateurs ont la possibilité de commenter et de donner des opinions sur la manière de réaliser le *docking* moléculaire à l'aide d'un système de messagerie instantanée. Les décisions sont alors transmises à l'utilisateur qui s'occupe des manipulations en environnement virtuel. Plus récemment, le projet *eMinerals* [DOVE *et al.* 2005], fournit une solution pour la collaboration entre biologistes (messagerie instantanée, vidéo-conférence, serveur centralisé, *etc.*) comme on peut le voir sur la figure 1.9 page ci-contre. Cependant, il s'agit surtout de collaboration distante et permet un travail synchrone ou asynchrone.

1.2. Contexte de travail : la modélisation moléculaire

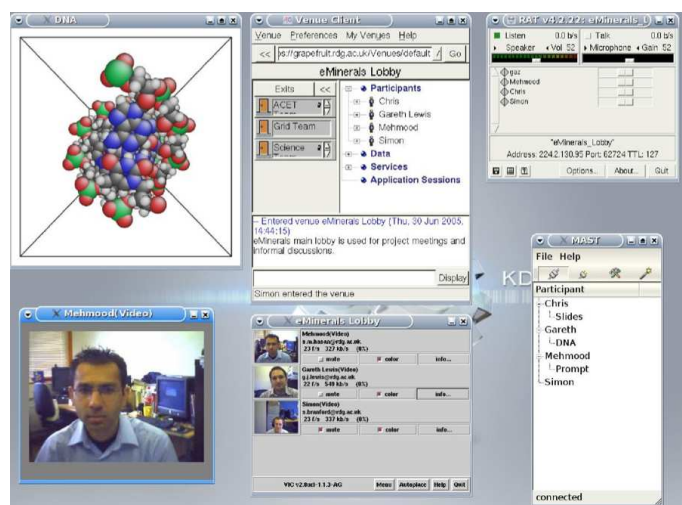


Figure 1.9 – Plateforme de collaboration inter-universités proposée par [DOVE *et al.* 2005]

Parmi les applications collaboratives de biologie moléculaire permettant une interaction synchrone, CHASTINE *et al.* [2005] sont les premiers à s'intéresser aux problèmes de communication entre les sujets (voir section 1.4.1 page 25). À travers l'application AMMP-Vis, il propose des outils pour désigner des zones de l'environnement virtuel. Afin d'améliorer la communication, il propose également de modéliser les mains de chaque utilisateur dans l'environnement virtuel pour que chacun ait conscience des agissement des partenaires (voir figure 1.10 page suivante). Cette plateforme a ensuite été réutilisée sous la forme de AMMP-EXTN afin d'introduire des procédures de contrôle d'accès. Pour éviter les conflits entre les utilisateurs, les différentes strates d'informations (paramètres de visualisation, modélisation, modification des données) ont été soumises à différents droits de visualisation et de modification [MA 2007 ; MA *et al.* 2007].

Cependant, les applications présentées ne concerne que des application de collaboration distante. La manipulation colocalisée permet de créer un environnement de travail social qui permet une meilleure communication. L'application PaulingWorld [SU et LOFTIN 2001 ; SU *et al.* 2000] propose une des premières applications de collaboration colocalisée pour la visualisation et l'interaction. La visualisation s'effectue sur un *Workbench* ce qui permet aux utilisateurs d'avoir un niveau d'interaction similaire dans l'application. Pour améliorer l'immersion, KRIZ *et al.* [2003] proposent aux utilisateurs la visualisation de molécule au travers différents équipements dont un CAVE à l'aide de l'application DIVERSE.



Figure 1.10 – Manipulation collaborative de molécule avec représentation des mains des participants [CHASTINE *et al.* 2005]

Nous venons de présenter plusieurs solutions logicielles et matérielles permettant de créer un espace de collaboration pour la modélisation moléculaire et le *docking* moléculaire. Cependant, la présentation de ces travaux abordent surtout les contraintes techniques nécessaires à la mise en place de tels systèmes sans évoquer les contraintes humaines de la collaboration. Seul CHASTINE *et al.* [2005] semblent avoir abordé les aspects de communication dans ces applications. La prochaine section va nous permettre d’aborder cette problématique.

1.3 Approche collaborative pour les problèmes complexes

C’est grâce à la communauté en psychologie sociale que nous allons à présent définir et caractériser les différents aspects d’une collaboration entre humains. Quels sont les avantages d’un travail en collaboration ? Quels en sont les inconvénients ? En quoi le travail collaboratif est-il un choix pertinent pour appréhender des tâches complexes ?

Avant d’aborder ces différents points, il est nécessaire de préciser la distinction entre travail coopératif et travail collaboratif. Pour comprendre cette différence, nous nous appuyons sur la définition relativement claire proposée par ROSCHELLE et TEASLEY [1995].

Cooperative work is accomplished by the division of labour among participants, as an activity where each person is responsible for a portion of the problem solving. We focus on collaboration as the mutual engagement of participants in a coordinated effort to solve the problem together.

dont on trouve une traduction en français dans les travaux de KNAUF [2010]

Le travail coopératif implique une division du travail entre les participants, chaque participant étant responsable d'une partie du problème à résoudre. Dans la collaboration, les participants s'engagent tous dans les mêmes tâches, en se coordonnant, afin de résoudre le problème ensemble.

Les travaux présentés ici concernent le travail collaboratif et ne traiterons pas de travail coopératif, sauf mention contraire.

1.3.1 La distribution cognitive des charges de travail

BANDURA [1986] puis FOUSHEE et HELMREICH [1987] sont parmi les premiers à avoir l'intuition que le travail collaboratif apporte plus qu'une simple multiplication des ressources : les interactions entre les individus font émerger des compétences propre au groupe. Par exemple, WEGNER [1987] s'intéresse à la distribution de mémoire dans un groupe : chaque individu ne détient qu'une partie de l'information mais la capacité mémorielle du groupe dans son ensemble est plus importante. GEORGE [1990] souligne également que l'état émotionnel de chacun affecte l'état émotionnel du groupe⁵.

HOLLAN *et al.* [2000] proposent de définir la distribution cognitive de la façon suivante

Unlike traditional theories, however, [the theory of distributed cognition] extends the reach of what is considered cognitive beyond the individual to encompass interactions between people and with resources and materials in the environment.

pour laquelle CONEIN [2004] propose une traduction

On peut déplacer la frontière de l'unité cognitive d'analyse au-delà de l'enveloppe corporelle de l'individu de façon à inclure le matériel et l'environnement social comme composant d'un système cognitif plus étendu.

5. YAMMARINO et MARKHAM [1992] ont remis en cause les conclusions obtenues mais le travail de GEORGE [1990] a été de nouveau confirmé par GEORGE et L. R. JAMES [1993].

C'est HUTCHINS [1995] qui met en évidence la notion de distribution cognitive des charges de travail avec une étude des interactions qui ont lieu dans un cockpit d'avion. Ces conclusions sont confirmées et explicitées grâce à ses observations en psychologie sociale et ses connaissances en anthropologie [HUTCHINS 1996] : il fait une distinction entre les propriétés cognitives d'un individu et les propriétés cognitives d'un groupe. Ces travaux donnent lieu à la création de deux communautés ; ceux qui considèrent que le travail cognitif d'un groupe d'individus est une somme des propriétés cognitives de chaque individu ; et ceux qui considèrent que certains aspects cognitifs d'un groupe d'individus sont propres à la collaboration.

Pour justifier le rejet de l'approche individualiste, A. CLARK [1998] explique que lorsque notre cognition s'appuie sur une aide externe, elle devient interactive et relationnelle, c'est-à-dire non détachable d'un composant externe présent dans l'environnement. De plus, A. CLARK [2001] évoque le lien étroit entre la notion d'extension cognitive et les processus cognitifs complexes : les problèmes de nature complexe stimule cette extension cognitive.

Plus récemment, ZHANG et PATEL [2006] synthétisent la distribution cognitive comme des systèmes ayant des interactions externes (avec des matériels) [ZHANG et D. A. NORMAN 1994] et des interactions internes (avec des collaborateurs) comme illustré sur la figure 1.11 page suivante. Ces éléments externes sont inclus dans le processus de distribution cognitive puisqu'il permettent également de soulager la charge cognitive des individus. D'ailleurs, une liste des propriétés cognitives auxquelles peuvent répondre ces éléments externes est dressées par ZHANG [1997] :

- fournir une aide mémorielle à court ou long terme afin de réduire la charge cognitive ;
- améliorer et simplifier la perception de l'information pour la rendre rapidement accessible et appréhendable ;
- fournir des connaissances et des compétences qui ne sont pas disponibles en interne ;
- aider les opérateurs pour la perception afin qu'ils identifient facilement les caractéristiques et puisse effectuer des déductions ;
- structurer et fixer les comportements cognitifs de manière inconsciente ;
- changer la nature de la tâche en générant des séquences d'actions plus efficaces ;
- arrêter le temps ou permettre des répétitions afin de rendre visible et durables des informations qui ne le sont pas ;
- limiter l'abstraction ;
- maximiser la précision et minimiser l'effort dans la prise de décisions pour déterminer une stratégie.

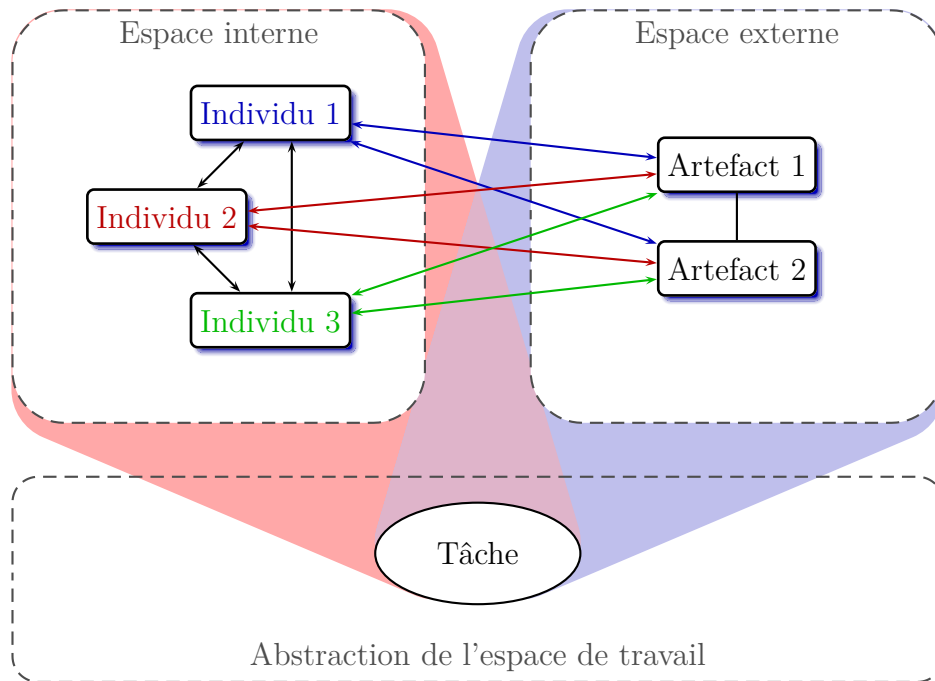


Figure 1.11 – Représentation d'un système cognitivement distribué

Les éléments externes de la distribution cognitive, que D. A. NORMAN [1991] et KIRSH [1999] appellent artefact, répondent au besoin d'affordance. Le concept d'affordance a été identifié par GIBSON [1977]. L'affordance est l'ensemble des possibilités d'interaction d'un acteur sur et avec un artefact [GIBSON 1979] mais cette définition s'est par la suite réduite aux seules possibilités dont l'acteur est conscient. C'est D. A. NORMAN [1988] qui utilise ce terme pour la première fois dans le contexte de la distribution cognitive. Il en fait une description très précise lorsqu'il se rend compte que ce terme est parfois mal utilisé par la communauté [D. A. NORMAN 1999]. Le terme est ensuite utilisé par les fondateurs de la psychologie cognitive sociale [PATEL *et al.* 2000]. Il est donc nécessaire de prendre en compte l'affordance au sein de la conception de plateformes collaboratives.

Nous venons de voir que la collaboration permet de créer une intelligence de groupe mais cette intelligence permet-elle d'augmenter les performances d'un groupe ? FOUSHEE et HELMREICH [1987] montrent qu'une configuration de travail collaboratif peut amener un gain en efficacité mais peut également amener une perte d'efficacité. Par exemple, PATEL *et al.* [1999] montrent une perte d'efficacité sur une application permettant la collaboration distante. ZHANG [1998] esquisse une explication dépendant de la répartition des connaissances dans un groupe : si les connaissances sont complémen-

taires, il y a un gain en efficacité. Nous allons voir dans les sections suivantes que différents phénomènes influent sur les performances d'un groupe.

1.3.2 La facilitation sociale

La *facilitation sociale* est un phénomène qui a été mis en évidence par TRIPLETT [1898]. Il s'est intéressé aux résultats de coureurs cyclistes ayant concouru dans trois conditions différentes :

1. Course seul ;
2. Course avec un meneur (également appelé *lièvre*) ;
3. Course dans des conditions de compétition.

Les résultats (voir figure 1.12), largement étudiés par SEASHORE [1899], montrent que les coureurs en présence d'autres individus sont plus rapides que les coureurs effectuant l'épreuve seuls.

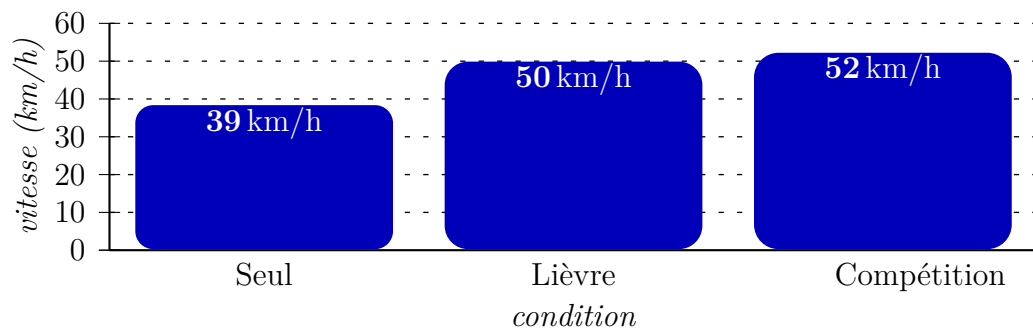


Figure 1.12 – Résultats obtenus par TRIPLETT [1898] avec des cyclistes

Suite à ces résultats, des expérimentations ont été menées sur des étudiants par MAYER [1903] puis par MEUMANN [1904]. MAYER [1903] confronte les étudiants à la réalisation d'une tâche (rédaction de dictée ou résolution de problème arithmétique) sous le regard d'un observateur. Il constate que les étudiants sont plus performants lorsqu'ils sont en présence d'un autre individu. MEUMANN [1904] ajoute une pierre à l'édifice en confirmant avec des tests plus poussés (tests de mémoire, ergographe et dynamomètre) que les étudiants sont toujours moins performants lorsqu'ils sont seuls.

D'après STRAUSS [2002] qui propose un état de l'art sur le sujet, le terme *facilitation sociale* est utilisé pour la première fois par ALLPORT [1924]. Il en donne la définition suivante.

The action prepared or in progress is some response participated in by all, and the social stimuli releasing or augmenting such response are the sight and sound of others doing the same thing.

qui peut-être traduite par

Une action collaborative préparée ou en progression possède une réponse et la stimulation sociale provoque une augmentation de cette réponse uniquement à la vue et au son provoqué par d'autres effectuant les mêmes mouvements.

ALLPORT [1924] aborde ce phénomène par une collaboration où chaque individu effectue la même tâche. Dans ce même contexte, ROETHLISBERGER *et al.* [1939]⁶ constate que le travail en groupe génère une stimulation qui augmente les performances du groupe : les performances du groupe sont meilleures que la somme des performances individuelles de chacun des membres. La *facilitation sociale* a également été observée sur des animaux comme les cafards [ZAJONC 1969] ou les singes [DINDO *et al.* 2009].

Cependant, des nuances de ce phénomène commencent à être observées. Par exemple, des différences de performances sont observées en fonction de la nature de la tâche. Déjà, YERKES et DODSON [1908] avait constaté, dans un contexte non-collaboratif, que les performances d'un individu pouvait dépendre de la complexité de la tâche et du niveau de stimulation. Une trop faible ou une trop forte stimulation diminue les performances de l'individu lors de la réalisation d'une tâche complexe (voir figure 1.13 page suivante). Une trop faible stimulation désintéresse l'individu de la tâche alors qu'une stimulation trop importante génère un stress diminuant les capacités de l'individu.

ZAJONC [1965] fait le lien entre la loi de YERKES et DODSON [1908] et la *facilitation sociale*. En effet, la présence de partenaires dans la réalisation d'une tâche permet une stimulation globale du groupe. Dans le cadre d'une tâche simple, chacun des membres est confiant dans ses propres capacités à réaliser la tâche et la présence d'observateurs va stimuler son besoin de bien réussir la tâche. Les individus ne craignent pas d'être évalué par les collaborateurs sur le travail réalisé. Cependant, l'évaluation par les collaborateurs dans le cadre d'une tâche complexe est différente : la tâche n'étant ni habituelle, ni facile, les membres du groupe perdent leur confiance et craignent un jugement dépréciatif.

6. ROETHLISBERGER *et al.* [1939] basent leurs conclusions sur les travaux non-publiés de Elton MAYO connus sous le nom de « l'étude *Hawthorne* », du nom de l'entreprise *Hawthorne Works* dans laquelle l'étude a été réalisée.



Figure 1.13 – Loi de YERKES et DODSON [1908] sur le lien entre la stimulation des individus et les performances

Malgré cela, CASTRO [1994] montre que la stimulation sociale est meilleure lorsque les participants se connaissent entre eux. En effet, les participants qui se connaissent déjà vont s’affranchir de la peur d’être évalué.

Dans cette section, nous avons présenté la *facilitation sociale*. Ce phénomène permet, par la simple présence ou la participation de plusieurs collaborateurs, de stimuler un groupe et d’en augmenter les performances. Cependant, nous allons voir dans la section suivante qu’une autre théorie vient compléter celle de la *facilitation sociale* : la *paresse sociale*.

1.3.3 La paresse sociale

RINGELMANN [1913] est le premier à constater le phénomène de *paresse sociale*⁷ dans un rapport technique qui sera signalé quelques années plus tard par MOEDE [1927] puis repris de manière détaillée dans la littérature scientifique par KRAVITZ et B. MARTIN [1986]. Il propose une expérience de traction de corde à plusieurs individus et observe la traction totale exercée par le groupe en faisant varier la taille des groupes. La traction totale observée pour un groupe est inférieure à la somme des efforts individuels (voir figure 1.14 page ci-contre). SCHERMERHORN *et al.* [2009] définit la *paresse sociale* de la manière suivante

The tendency of group members to do less than they are capable of as individuals.

7. Ce phénomène de *paresse sociale* est d’ailleurs parfois nommé « effet de RINGELMANN [1913] ».

qui peut être traduite par

Tendance à fournir un effort moindre lorsqu'une tâche est effectuée en groupe plutôt qu'individuellement.

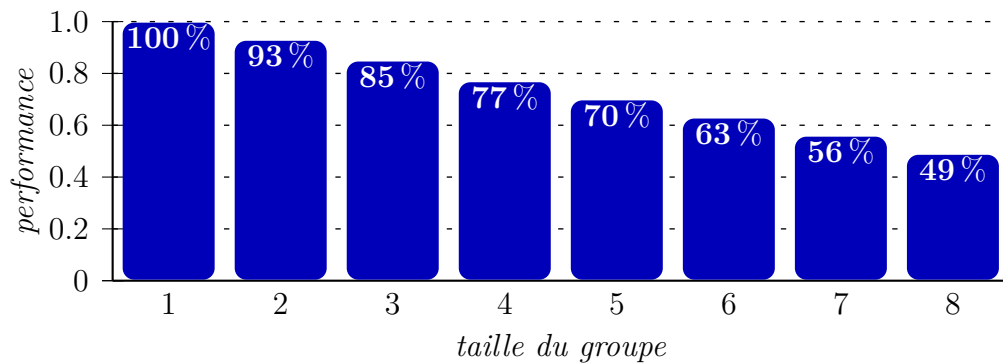


Figure 1.14 – Résultats obtenus par RINGELMANN [1913] et présentés par KRAVITZ et B. MARTIN [1986]

Cependant, les résultats de RINGELMANN [1913] ne permettent pas de déterminer si la perte d'efficacité est liée à un effort individuel plus faible ou à un manque de coordination entre les membres du groupe [STEINER 1972]. Entre temps, LATANÉ *et al.* [1979] ont recréé l'expérience proposée par RINGELMANN [1913] en modifiant le protocole expérimental afin de réduire les erreurs de mesure liées aux conflits de coordination. Bien que les résultats varient légèrement, les conclusions sont les mêmes que celles avancées précédemment. Les travaux de KERR et BRUUN [1981] permettent d'apporter des précisions pour définir les raisons de cette paresse sociale. Chaque membre effectuant strictement la même tâche que ses partenaires, il considère que le travail sera effectué par les autres et qu'il n'a pas besoin de s'investir autant que s'il était seul.

Par la suite, les travaux de recherche ont tenté de modéliser l'évolution de la paresse sociale en fonction du nombre de participants. INGHAM *et al.* [1974] puis KARAU et K. D. WILLIAMS [1993] montrent que l'ajout d'un premier puis d'un deuxième collaborateur a des conséquences importantes sur la paresse sociale mais que l'ajout de collaborateurs supplémentaires provoque une baisse plus modérée. [SULEIMAN et WATSON 2008] proposent une synthèse de la collaboration, illustrée sur la figure 1.15 page suivante.

Cependant, différentes études proposent des solutions pour contrer les effets de la paresse sociale. Deux propositions ressortent particulièrement : l'identification et l'auto-évaluation. Selon KERR et BRUUN [1981], l'identification a pour objectif de donner un rôle défini et unique à chaque participants.



Figure 1.15 – Synthèse des effets de la collaboration selon SULEIMAN et WATSON [2008]

Cette identification permet de responsabiliser chaque participant. LATANÉ *et al.* [1979] en avaient déjà eu l'intuition puisqu'ils proposent une telle solution dans leurs perspectives. KARAU et K. D. WILLIAMS [1993] repris par KRAUT [2003] mettent en avant cette idée d'identification à la suite d'expérimentations.

D'ailleurs, KARAU et K. D. WILLIAMS [1993] ont également proposé le principe d'auto-évaluation pour neutraliser les effets de la paresse sociale. De cette manière, les utilisateurs peuvent s'auto-évaluer et évaluer leurs collaborateurs ce qui génère une pression sociale pour favoriser la facilitation sociale [S. G. HARKINS et SZYMANSKI 1988 ; SZYMANSKI et S. G. HARKINS 1987]. Dans une étude dans laquelle il compare entre autre une configuration de travail collaboratif distribuée avec une configuration colocalisée, CHIDAMBARAM et TUNG [2005] montrent qu'un travail colocalisé permet de faciliter l'auto-évaluation et augmente cette pression sociale. En effet, le travail colocalisé permet d'avoir une meilleure perception des actions de chacun des membres et ainsi d'évaluer de façon plus précise le travail des collaborateurs.

Cependant, CHIDAMBARAM et TUNG [2005] constatent un effet parallèle : certains membres du groupe donnent simplement l'impression qu'ils travaillent sans être réellement effectif. On trouve également les récents travaux de BUISINE *et al.* [2011] qui montrent que l'occupation spatiale de l'environnement est importante : un accès limité à l'espace de travail provoque de la paresse

sociale. En effet, si l'accès à une ressource externe ne permet que la présence d'un seul membre du groupe, les autres membres ne pouvant pas l'utiliser peuvent générer le phénomène de *paresse sociale*. Il est donc préférable d'avoir un accès équitable à l'espace de travail pour tous les membres du groupe (une table ronde par exemple).

La *paresse sociale* est un phénomène qui apporte des contraintes importantes au travail de groupe. Cependant, fournir une identification des rôles de chacun est une première réponse à ce problème, l'auto-évaluation étant la seconde. Comme l'a montré CHIDAMBARAM et TUNG [2005], la collaboration colocalisée est une solution appropriée pour survenir aux besoins de l'auto-évaluation. Cependant, la mise en place d'une plateforme collaborative doit également permettre à chaque utilisateur de s'identifier au sein du processus collaboratif.

1.4 Collaboration en environnement virtuel

Dans la section précédente, nous avons identifié deux types d'éléments qui vont interagir au sein d'un système collaboratif :

Les participants qui sont les individus qui vont contribuer directement ou indirectement à la réalisation d'une tâche en collaboration ;

Les artefacts qui sont les différents composants ou matériels avec lesquels ou sur lesquels la collaboration peut s'appuyer.

Dans cette section, nous allons décrire les interactions qui ont lieu entre les différents acteurs d'un système collaboratif.

1.4.1 Mécanismes de la communication de groupe

Certains mécanismes de la communication sont relativement implicites et difficilement observables. D'autres sont plus concrets mais apportent également leurs contraintes et leurs limites. Cette section a pour but de décrire les mécanismes que sont la conscience périphérique et le *grounding*.

La conscience de groupe

La conscience de groupe, également nommée *awareness*, a été définie par DOURISH et BELLOTTI [1992].

Awareness is an understanding of the activities of others, which provides a context for your own activity.

traduit en français par BETBEDER et TCHOUNIKINE [2004]

[La conscience de groupe est une] compréhension des activités des autres, qui permet de donner un contexte à sa propre activité.

La conscience des autres partenaires peut concerner aussi bien la position spatiale (réelle ou virtuelle), des informations durables sur un collaborateur (âge, sexe, spécialité, culture, *etc.*) ou encore l'action réalisée par celui-ci [COCKBURN et WEIR 1999]. Cette conscience est bien souvent inconsciente et de nombreux événements peuvent survenir autour d'un participant sans qu'il n'y prête attention. Parfois, ce manque d'attention permet un gain de temps dans l'achèvement de la tâche (par exemple, si le collaborateur éternue, cela n'a pas d'influence sur la réalisation de la tâche). Cependant, le fait de savoir qu'un collaborateur s'est absenté (pour aller aux toilettes par exemple) est beaucoup plus pertinent car il n'est alors plus question de compter sur son aide pendant quelques minutes.

CAHOUR et PENTIMALLI [2005] identifient trois avantages d'avoir une bonne conscience du groupe en étudiant la coopération entre serveurs et cuisiniers d'un café-restaurant :

- l'économie collective de déplacements et actions, grâce à une vision périphérique des mouvements des collègues ;
- le besoin de communications rapides et non intrusives en écoutant sur un mode périphérique les messages oraux adressés dans le brouhaha du café ;
- le besoin d'éviter des collisions dans un petit espace partagé grâce à des modalités visuelles et kinesthésiques.

Cependant, la conscience de groupe est constituée de plusieurs aspects que les sociologues ont cherché à segmenter. GUTWIN *et al.* [1996] propose les quatre catégories de conscience suivantes⁸ :

Conscience informelle Ce sont les informations générales sur les collègues, le type d'informations que les gens connaissent lorsqu'ils travaillent dans le même bureau (âge, origines culturelles, situation familiale, *etc.*) ;

Conscience sociale Ce sont les informations que chacun établit dans n'importe quelle relation sociale comme l'état émotionnel de l'interlocuteur, son niveau d'attention ou encore son niveau d'intérêt ;

Conscience de la structure du groupe C'est la connaissance de la hiérarchie du groupe, les rôles et responsabilités de chacun, leurs assignations sur une tâche ou leur statut ;

8. Les catégories en anglais sont les suivantes : *informal awareness*, *social awareness*, *group-structural awareness* et *workspace awareness*.

Conscience de l'espace de travail C'est la conscience des actions et interactions des autres membres du groupe sur et avec l'espace de travail et les artefacts.

Parmi tous ces types de conscience, seule la conscience de l'espace de travail nécessite une mise à jour en temps-réel des informations environnantes par les membres du groupe, surtout dans le cadre d'une collaboration synchrone. Chaque collaborateur émet des informations (action en cours, position du curseur, *etc.*) de manière consciente ou inconsciente. Pour les informations émises de manière inconsciente, elles seront plus ou moins visibles des autres collaborateurs en fonction de leur attention. Cependant, lorsqu'un utilisateur souhaite émettre une information, il doit également être sûr que l'information a été comprise correctement.

Cette notion d'inter-référencement, récemment mise en évidence à travers la plateforme AMMP-Vis [CHASTINE *et al.* 2006 ; CHASTINE *et al.* 2005], a été définie par CHASTINE [2007] de la manière suivante

The ability for one participant to refer to a set of artifacts in the environment, and for that reference to be correctly interpreted by others.

qu'on traduira par

La capacité pour un des participants de désigner un ensemble d'artefacts dans l'environnement et que cette désignation soit correctement comprise par les autres collaborateurs.

Au travers de ces travaux de thèse, CHASTINE [2007] aborde en détail la notion d'inter-référencement. Un utilisateur initie une désignation d'un élément de l'environnement puis un (ou plusieurs) utilisateur(s) reçoit(reçoivent) cette désignation. Cette désignation est caractérisée par plusieurs paramètres :

- une technique de sélection ;
- un groupe d'éléments sélectionnés ;
- une technique de représentation ;
- une relation entre l'initiateur et l'élément sélectionné ;
- une relation entre le (ou les) receveur(s) et l'élément sélectionné ;
- un contexte entre l'initiateur et le (ou les) receveur(s) ;
- un moyen d'accuser réception du référencement (optionnel).

Afin de résoudre cette problématique, CHASTINE *et al.* [2007] se proposent, dans un contexte de collaboration distante, d'utiliser des techniques de réalité augmentée pour désigner les éléments (voir figure 1.16 page suivante). Dans une étude l'année suivante, CHASTINE *et al.* [2008] montrent que les techniques qu'ils proposent pour améliorer l'inter-référencement permettent de limiter les ambiguïtés et d'améliorer les performances globales du groupe.

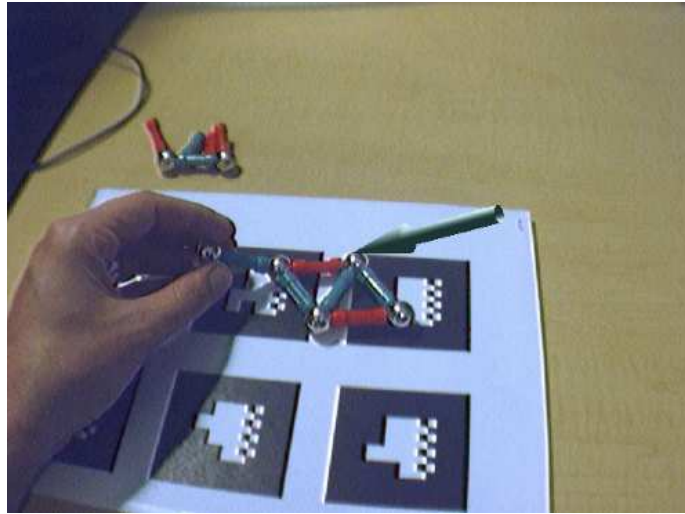


Figure 1.16 – Inter-référencement visuel proposé par CHASTINE *et al.* [2007] à l'aide de techniques de réalité augmentée

L'inter-référencement fait partie du processus d'échange et de communication au sein d'une collaboration synchrone (distante ou colocalisée). Afin d'effectuer des désignations à un collaborateur, il est nécessaire de savoir si le collaborateur est attentif. Il est également nécessaire d'adapter la manière de procéder en fonction des connaissances et des compétences de ce collaborateur. La conscience de groupe prend donc une place importante dans ce processus d'inter-référencement.

Le *grounding*

Cette notion, mise en évidence par Herbert H. CLARK et SCHAEFER [1989], est nécessaire à la collaboration. Herbert H. CLARK et BRENNAN [1991] expliquent ce besoin de *grounding* par la définition suivante.

[A group] cannot even begin to coordinate on content without assuming a vast amount of shared information or common ground – that is, mutual knowledge, mutual beliefs, and mutual assumptions.

qu'on pourrait traduire par

Un groupe ne peut pas commencer à se coordonner sur une tâche sans supposer une quantité importante d'informations partagées ou d'une base commune – c'est-à-dire des connaissances mutuelles, des convictions communes et des hypothèses communes.

Le *grounding* est nécessaire à la transmission d'informations. En effet, un locuteur qui souhaite transmettre une information doit savoir quel jargon il peut utiliser avec son interlocuteur ; il faut également que les deux interlocuteurs aient accès aux mêmes données concernant l'environnement sur lequel ils travaillent. DILLENBOURG *et al.* [1996] étudient ce partage d'informations sur une enquête fictive à propos d'un meurtre. Il constate que chaque membre du groupe se construit sa propre représentation de l'environnement dans lequel il se trouve et évolue en fonction des informations que chacun trouve et de sa culture existante [BAKER *et al.* 1999].

Lors d'un travail de collaboration, chaque membre possède déjà sa propre base de connaissances qui peut être complémentaire ou recouvrir partiellement celle des autres membres. Cependant, durant la réalisation de la tâche, une base de connaissance commune va se créer. HERTZUM [2008] lie les processus de recherche d'informations et de *grounding*. En effet, la recherche d'informations mène les membres du groupe à découvrir l'environnement dans lequel ils évoluent ensemble pour étoffer leur base de connaissance commune. Cependant, en observant le travail d'un hôpital où plusieurs médecins sont à la recherche de symptômes pour diagnostiquer un patient et fournir un traitement approprié, HERTZUM [2010] s'est rendu compte que chaque médecin est capable individuellement de découvrir des symptômes mais que le manque d'échanges entre les différents médecins ne permettait pas toujours d'établir le bon diagnostic.

Afin de constituer correctement une base de connaissance commune, les membres du groupe doivent communiquer. En particulier, ils doivent continuellement être sûr que les éléments dont ils parlent sont bien les mêmes afin de transmettre l'information. Fournir des outils appropriés pour l'inter-référencement devrait permettre d'améliorer la constitution de cette base commune de connaissance.

1.4.2 Communication en environnement virtuel

La communication en environnement virtuel est constituée de différentes composantes. Elle inclut la communication entre les collaborateurs et la communication avec ou à travers l'environnement. DIX [1997] a proposé de classer la communication en quatre catégories différentes.

Communication directe

C'est le moyen de communication le plus naturel. La communication se fait de manière orale ou gestuelle principalement. Elle est consciente la plupart du temps mais peut contenir une part de communication inconsciente d'après GUTWIN et GREENBERG [2000].

Contrôle et retour sensoriel

C'est l'interaction entre un participant et un artefact. Cette interaction est bidirectionnelle car le participant agit sur l'artefact qui produit un retour sur un ou plusieurs des modalités du participants (vue, ouïe, toucher, *etc.*).

Feedthrough

C'est un canal de communication indirect où les participants communiquent entre eux par l'intermédiaire des artefacts [DIX *et al.* 2003]. Les actions effectuées par un participant à l'aide et sur l'artefact modifient l'environnement ce qui donne des informations sur les actions et les intentions au collaborateur. JUNUZOVIC et DEWAN [2009] utilisent même le terme *feedthrough* pour une communication indirecte avec un participant en intermédiaire.

Grounding

Les participants doivent posséder au moins un niveau de compréhension commun (même langue parlée, même base culturelle, même jargon, *etc.*) afin de se comprendre [DIX *et al.* 2003]. Cet aspect de la communication est inconscient mais est nécessaire pour la collaboration.

1.4.3 Stratégies de collaboration

Avec les différents canaux de communication décrits dans la section 1.4.2 page précédente, conscients pour certains (communication directe, contrôle et retour sensoriel) et inconscients pour d'autres (*feedthrough* et *grounding*), il est possible de définir trois scénarios de collaboration différents basés sur les travaux de DIX *et al.* [2003] et de GRASSET [2004].

Collaboration à plusieurs utilisateurs

Illustré sur la figure 1.17, c'est l'aspect le plus naturel de la distribution cognitive des charges que nous avons déjà découvert dans la section 1.3.1 page 17 : on souhaite diviser la tâche à réaliser entre plusieurs utilisateurs car elle trop complexe ou trop fastidieuse. Chaque participant peut accéder librement aux artefacts et possède la possibilité d'analyser l'environnement par l'observation ou par les retours sensoriels des artefacts.

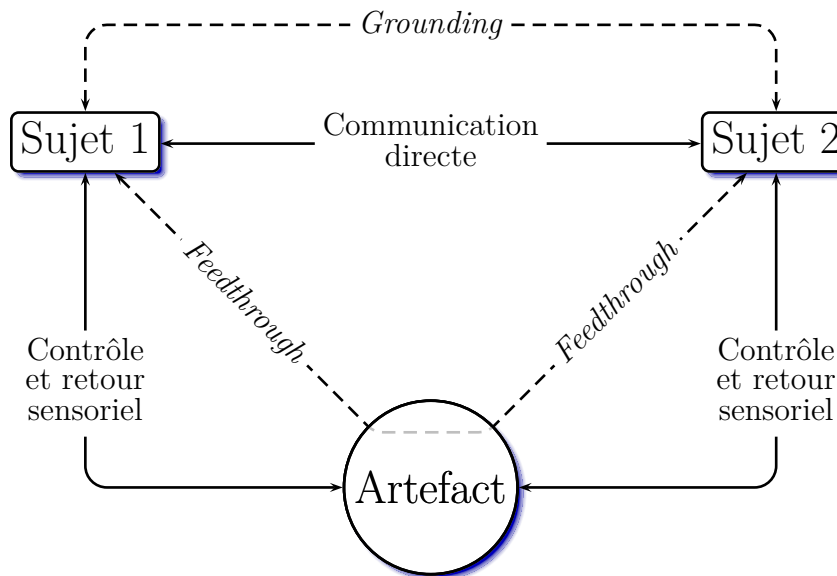


Figure 1.17 – Collaboration à plusieurs utilisateurs

Ce scénario permet une collaboration avec un même niveau d'interaction et d'accès aux ressources entre les collaborateurs ce qui peut faciliter la communication. Cependant, nous avons vu dans la section 1.3.3 page 22 sur la paresse sociale qu'une identification des rôles était préférable. Ce type de scénario aura tendance à favoriser la paresse sociale en proposant des rôles strictement identiques aux utilisateurs.

De plus, on notera que tous les participants accèdent aux mêmes artefacts. Si deux collaborateurs accèdent, modifient ou manipulent en même temps un même artefact, cela peut poser des problèmes de cohérence de l'environnement virtuel ou de sécurité de l'information comme l'explique DEWAN et H. SHEN [1998]. DEWAN et H. SHEN [1998] énoncent une liste de conditions à respecter (automatisation, généralisation, médiation totale, privilège minimum, facilité d'utilisation, efficacité) pour limiter les problèmes de concurrences

d'accès aux codes sources dans le développement de programmes informatiques. Quelques années plus tard, l'outil de développement informatique collaboratif SUBVERSION [2011] voit le jour. GRASSET et GASCUEL [2002] sont également confrontés à ce problème d'accès aux ressources sur sa plateforme multi-utilisateurs MARE et propose un système de contrôle d'accès aux informations. Toutefois, BUISINE *et al.* [2011] soulignent qu'une possibilité d'accès aux artefacts équitablement distribuée entre les utilisateurs permet de réduire la paresse sociale. En effet, si un utilisateur ne parvient pas à accéder aux artefacts, il va s'isoler.

Collaboration à plusieurs experts

Le scénario à plusieurs experts se distingue du scénario à plusieurs utilisateurs par la compétence des membres du groupe : les experts proviennent de spécialités différentes. La médecine est un domaine qui s'adapte très bien à ce type de scénario étant donné le nombre important de spécialités différentes [ALTHOFF *et al.* 2007a ; ALTHOFF *et al.* 2007b]. Les experts possédant des connaissances différentes, il est nécessaire pour eux d'avoir des artefacts adaptés aux besoins de chacun (voir figure 1.18 page suivante). Si on prend l'exemple du *docking* moléculaire, un biologiste n'aura pas les mêmes besoins en information qu'un chimiste et leurs actions sur la tâche à réaliser seront également de natures différentes. Les artefacts se synchronisent entre eux afin de conserver un environnement virtuel cohérent pour l'ensemble des experts.

Certaines tâches sont très adaptées à ce type de collaboration. Elle permet une identification des rôles de chacun et limite ainsi la paresse sociale : chaque utilisateur ne peut se fier qu'à lui-même pour réaliser la tâche. De plus, l'accès aux artefacts devient simplifié puisqu'il n'y a plus d'accès concurrent à un même artefact par deux utilisateurs. Cependant, une synchronisation entre les artefacts est nécessaire afin de conserver une cohérence de l'environnement virtuel pour l'ensemble des utilisateurs ce qui peut poser quelques difficultés techniques. BARBIČ et D. L. JAMES [2007] ainsi que GAUTIER *et al.* [2008] abordent ces problèmes de synchronisation sur des simulations d'objets déformables.

Dans les scénarios à plusieurs experts, les bases de connaissances sont plutôt complémentaires. Il est nécessaire d'identifier les connaissances communes selon BACH *et al.* [2010], notion déjà identifiée comme le *grounding* par Herbert H. CLARK et BRENNAN [1991] (voir section 1.4.1 page 28). Par exemple, le jargon utilisé entre deux experts de spécialités différentes peut devenir une importante contrainte à la communication directe.



Figure 1.18 – Collaboration à plusieurs experts

Collaboration par manipulateur et observateur

Dans les deux scénarios précédents, il est difficile de synchroniser les actions des différents utilisateurs. Dans le scénario à plusieurs utilisateurs, c'est l'accès concurrent aux artefacts qui pose problème ; dans le scénario à plusieurs experts, c'est la synchronisation entre les artefacts. Afin de passer outre ces contraintes, le scénario par manipulateur et observateur propose un accès aux artefacts exclusif à un seul utilisateur du groupe, les autres n'ayant que la possibilité d'interagir directement avec cet utilisateur (voir figure 1.19 page suivante). L'observateur agit alors sur les artefacts par l'intermédiaire du manipulateur.

Ce scénario permet de s'affranchir des contraintes d'accès concurrent aux artefacts ou de synchronisation entre les artefacts. Les observateurs possèdent également une charge de travail cognitive beaucoup plus faible et peuvent se consacrer de manière plus importante à l'analyse des données disponibles et à la proposition de solutions pertinentes.

Cependant, l'activité de l'observateur le mène à désigner des objectifs au manipulateur ce qui augmente le besoin de communication. Cette action renvoie aux travaux de CHASTINE [2007] sur l'inter-référencement (voir section 1.4.1 page 25). De plus, un travail récent cherchant à caractériser « l'intelligence d'un groupe » a conclu que l'un des facteurs d'intelligence d'un groupe était

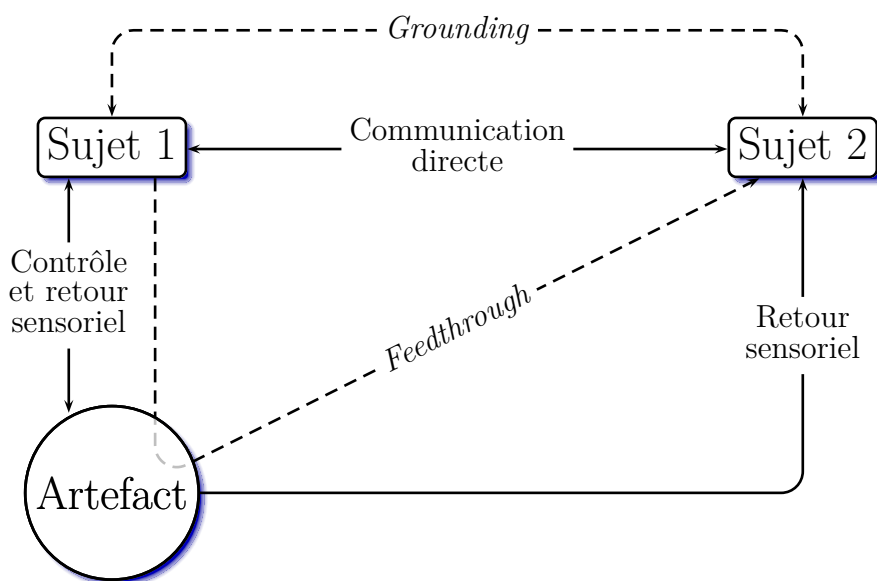


Figure 1.19 – Collaboration par manipulateur et observateur

la répartition équitable des charges de travaux entre les membres du groupe [WOOLLEY *et al.* 2010]. Dans ce scénario, l'asymétrie entre les différents rôles (manipulateur et observateur) semble favoriser un déséquilibre important des charges de travail ce qui n'est pas idéal pour la collaboration.

1.5 Conclusion

À travers ce chapitre, nous avons découvert la complexité que représente la tâche de *docking* moléculaire. En proposant des plateformes collaboratives, les scientifiques ont permis d'améliorer les résultats obtenus mais la collaboration reste relativement faiblement couplée (messages textuels ou verbaux, vidéo-conférence, *etc.*). Pourtant, de récents développements nous permettent enfin d'envisager d'immerger les scientifiques au sein d'une simulation moléculaire en temps-réel. C'est donc afin de répondre à la complexité du *docking* moléculaire que nous souhaitons proposer une plateforme collaborative synchrone et colocalisée pour la déformation moléculaire interactive et temps-réel.

Dans ce chapitre, nous avons également mis en évidence les avantages et les contraintes de la collaboration. La distribution cognitive des charges de travail permet d'apporter une réponse pertinente à la réalisation d'un problème extrêmement complexe tel que le *docking* moléculaire. Cependant, de nom-

breux facteurs (facilitation sociale, paresse sociale, *grounding*, conscience de groupe, *etc.*) interviennent et influent sur la communication et les interactions entre les acteurs de la collaboration. C'est la raison qui nous encourage à envisager la modalité haptique comme un support supplémentaire adéquat pour améliorer les communications et les interactions entre les collaborateurs.

Cependant, un tel contexte de travail (collaboration synchrone et colocalisée, manipulation moléculaire temps-réel, interaction avec retour haptique) n'a encore jamais été étudié. Aucune donnée ne permet d'infirmer ou de confirmer les théories sur la collaboration dans ce contexte bien que des hypothèses puisse être formulées.

Afin d'étudier ce contexte de travail, nous avons souhaiter segmenter les étapes de la déformation moléculaire en nous basant sur les travaux de BOWMAN [1999]. Il identifie quatre tâches élémentaires pour segmenter une interaction en environnement virtuel, nommées *Primitives Comportementales Virtuelles* (PCVs) par FUCHS *et al.* [2006]. Les quatre PCVs pour la manipulation moléculaire, illustrée dans la figure 1.20 page suivante, sont expliquées ci-dessous :

Exploration Cette tâche concerne la recherche et l'identification d'une cible (atome, résidu, structure secondaire, *etc.*) en fonction de critères multiples (articulations, bilan énergétique, régions hydrophobique, *etc.*).

Sélection Une fois la cible trouvée, la tâche consiste à accéder puis à sélectionner la cible par l'intermédiaire d'un périphérique d'entrée (une souris, une interface haptique, *etc.*).

Déformation Cette étape consiste à manipuler la cible précédemment sélectionnée pour déformer la structure moléculaire au niveau atomique, intra-moléculaire ou inter-moléculaire. L'objectif inhérent à cette tâche et d'atteindre l'objectif fixé (par exemple, minimiser l'énergie totale du système).

Évaluation Cette dernière partie concerne l'évaluation du travail précédemment réalisé en observant différents indicateurs (énergie potentielle, énergie électrostatique, complémentarité des surfaces, *etc.*). En fonction de la synthèse des résultats de cette dernière phase, un nouveau cycle pourra recommencer (recherche, sélection, déformation, évaluation, *etc.*).

Sur la base de ces PCVs, nous avons segmenté notre étude en deux parties distinctes ; une centrée sur le processus d'exploration et de sélection (voir chapitre 3 page 53) ; la seconde centrée sur les processus de manipulation et d'évaluation (voir chapitre 4 page 81). Dans un troisième temps, nous avons souhaiter augmenter la taille des groupes étudiés (voir chapitre 5 page 111).

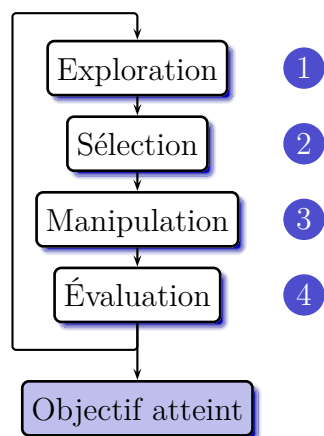


Figure 1.20 – Processus de déformation moléculaire en quatre étapes

Shaddock – Plateforme de manipulation collaborative de molécules

Sommaire

2.1	Introduction	38
2.2	Architecture matérielle et logicielle	38
2.2.1	Travail collaboratif synchrone et colocalisé	38
2.2.2	Architecture logicielle adoptée	41
2.3	Plateforme de simulation et de visualisation . .	43
2.3.1	Module de visualisation moléculaire	44
2.3.2	Module de simulation moléculaire	46
2.4	Les outils d'interaction	48
2.4.1	Outil d'interaction utilisé	48
2.4.2	Outils existants	49
2.4.3	Outils de manipulation avancés	49

2.1 Introduction

Le chapitre 1 page 3 nous a permis d'identifier des problématiques de recherche : nombre important d'atomes, multiple connaissances nécessaires, flexibilité des molécules, *etc.* C'est autour de ces problématiques que la plateforme Shaddock a été élaborée.

Nous commencerons par présenter les choix de matériels et d'architecture logicielle (voir section 2.2). L'ensemble des éléments de la plateforme sont organisés selon une architecture client/serveur ; les raisons de ce choix sont expliquées dans la section 2.2.2 page 41.

Ensuite, la plateforme de simulation moléculaire en temps-réel est présentée (voir section 2.3 page 43). Tout d'abord, un module de visualisation est nécessaire pour obtenir des visualisations détaillées et complètes de molécules ; le module est présenté dans la section 2.3.1 page 44. Puis un module de simulation moléculaire est ajouté au module visualisation ; plusieurs solutions sont possible et le module retenu est présenté dans la section 2.3.2 page 46. Cependant, afin d'obtenir une simulation moléculaire interactive temps-réel, un module spécifique doit être ajouté ; il sera présenté dans la section 2.3.2 page 47.

Le module de visualisation moléculaire utilisé propose déjà des outils permettant d'interagir avec les molécules. Ces outils sont présentés dans la section 2.4.2 page 49. Cependant, notre étude du travail collaboratif nous a amené à proposer des outils de manipulation avancés qui seront présentés dans la section 2.4.3 page 49.

Les différents éléments de cette plateforme sont résumés dans deux diagrammes UML (*Unified Modeling Language*). Un diagramme de déploiement UML de la plateforme Shaddock est présenté sur la figure 2.1 page ci-contre. L'application VMD est détaillée dans un diagramme de composant UML sur la figure 2.2 page 40.

2.2 Architecture matérielle et logicielle

2.2.1 Travail collaboratif synchrone et colocalisé

ELLIS *et al.* [1991] a proposé une classification des différentes configurations de travail collaboratif dans le temps et dans l'espace. Il distingue quatre classes principales qu'on peut représenter sur un graphique (voir figure 2.3 page 40).

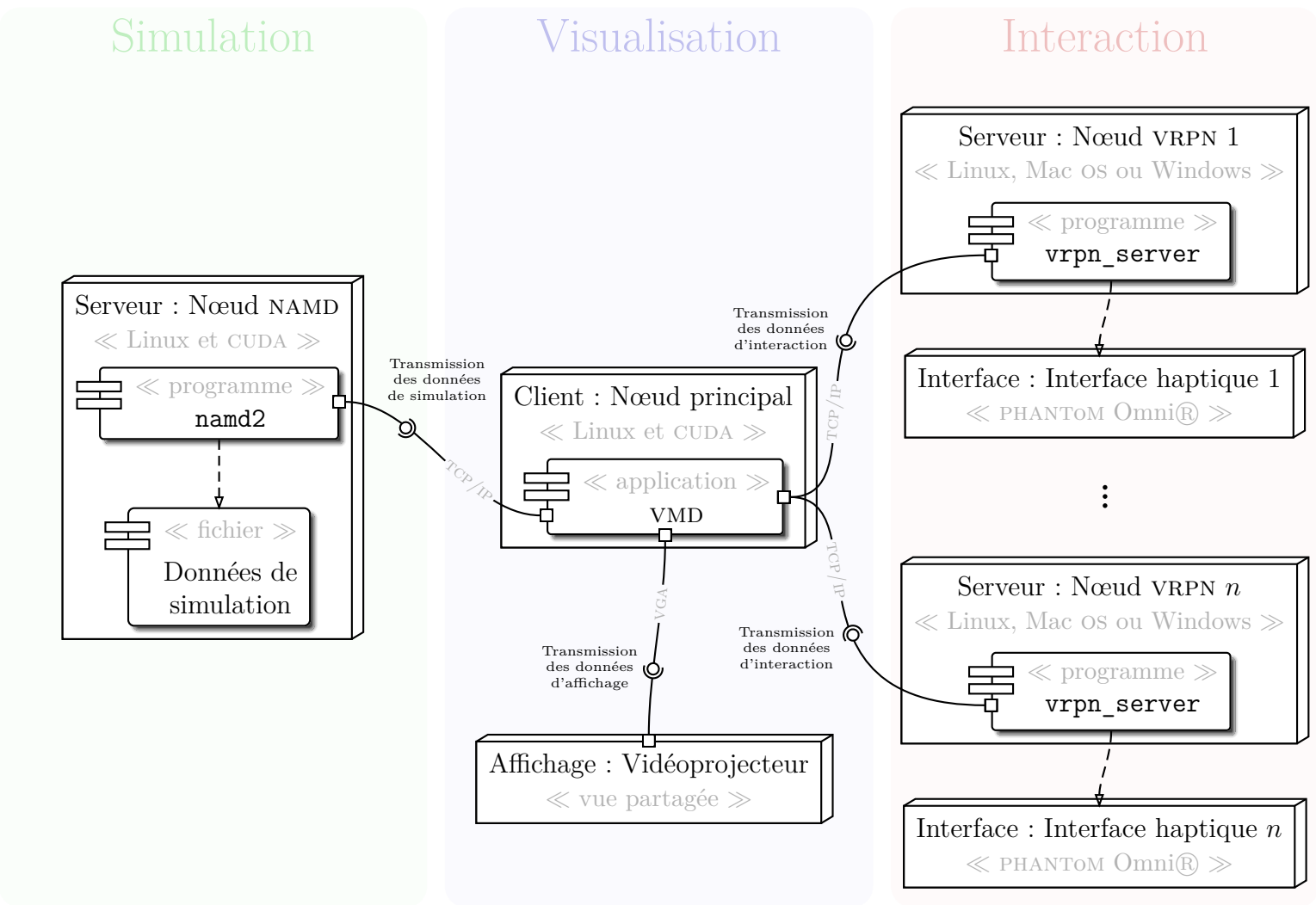


Figure 2.1 – Diagramme de déploiement UML de la plateforme Shaddock

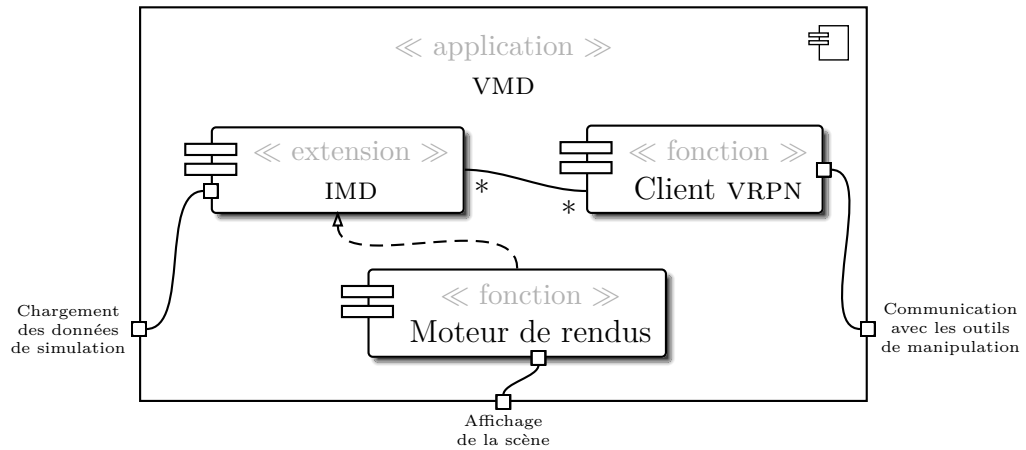


Figure 2.2 – Diagramme de composant UML du nœud VMD

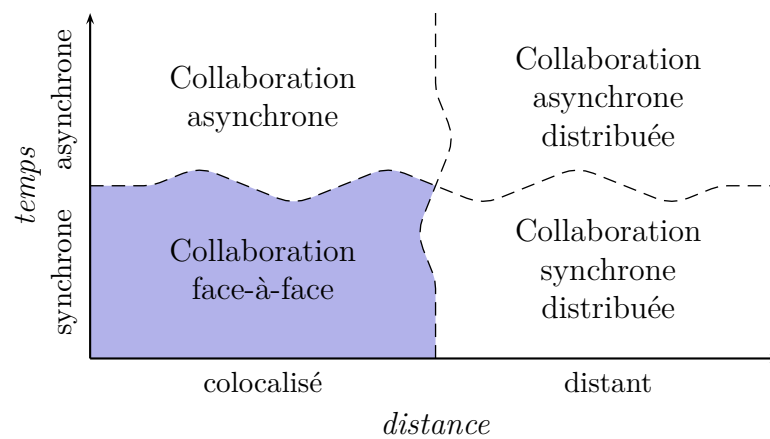


Figure 2.3 – Classification des tâches collaboratives selon ELLIS *et al.* [1991]

Nous avons choisi de nous placer dans une configuration de collaboration synchrone et colocalisée, ou collaboration face-à-face. En effet, afin de pouvoir faire interagir en temps-réel les utilisateurs les uns avec les autres, la synchronisation dans le temps est nécessaire. En ce qui concerne la collaboration dans l'espace, une collaboration pourrait être envisageable. Cependant, cette solution de collaboration distante n'a pas été retenue pour différentes raisons.

Tout d'abord, la section 1.4.1 page 25 évoque les problématiques liées à la conscience périphérique des partenaires dans la réalisation d'une tâche collaborative. Étant donné que plusieurs études ont montré que les performances collaboratives sont meilleures lorsque la conscience périphérique est bonne, il nous paraît nécessaire de se placer dans des conditions optimales pour augmenter cette conscience périphérique. La présence physique au même endroit de tous les collaborateurs est la façon la plus naturelle de créer cette conscience de manière optimale. Dans une solution de collaboration distante, de nombreuses informations doivent être enregistrées puis transmises numériquement avec les problématiques de représentations de l'information qui peut se poser.

De plus, la collaboration distante introduit des problématiques techniques. Par exemple, la latence d'un réseau peut poser problème pour la synchronisation de la simulation entre les différents postes de travail.

Pour finir, la configuration de collaboration colocalisée permet d'avoir un environnement virtuel commun par l'intermédiaire d'un affichage partagé. L'affichage est effectué par l'intermédiaire d'un vidéo projecteur et projeté sur un grand écran.

2.2.2 Architecture logicielle adoptée

Deux types d'architectures ont été explorés pour les Environnements Virtuels Collaboratifs (EVC) : client/serveur ou pair-à-pair¹.

Architecture pair-à-pair

L'architecture pair-à-pair consiste à faire communiquer chaque nœud du réseau avec chacun des autres nœuds : le réseau forme un graphe complet. L'avantage d'une telle architecture et la rapidité de transfert de l'information puisqu'il n'y a pas d'intermédiaire. Cependant, plus le réseau est grand et plus ce type de solutions est difficile à mettre en place.

1. *Peer-to-peer* en anglais, parfois abrégé en P2P.

Actuellement, les travaux concernant l'utilisation de ce type d'architecture pour la synchronisation d'une manipulation virtuelle à l'aide de l'haptique sont peu nombreux. Par exemple, J. KIM *et al.* [2004] constatent que la latence des réseaux est une problématique importante pour les retours haptiques générés. En effet, la fréquence de traitement nécessaire pour l'haptique est nettement plus élevée que pour le retour visuel ($\approx 1\,000$ Hz contre ≈ 60 Hz). C'est pourquoi il utilise une architecture pair-à-pair. En effet, en dehors d'être une communication directe entre les nœuds, c'est surtout une architecture qui nécessite d'avoir une instance du programme exécutée sur chaque nœud : ainsi, il n'est pas nécessaire d'avoir un réseau pour supporter une fréquence de 1 000 Hz, il suffit d'avoir des nœuds qui le supportent.

Cependant, IGLESIAS *et al.* [2008] explique, à travers une tâche d'assemblage collaboratif, qu'il est nécessaire que les simulations entre les nœuds du réseau se synchronisent pour rester cohérentes entre elles. C'est l'inconvénient majeur de l'architecture pair-à-pair : les environnements virtuels présentés aux différents collaborateurs peuvent diverger et ne pas être cohérents les uns avec les autres.

Architecture client/serveur

Pour contrer les incohérences de simulation, l'architecture client/serveur est nettement plus adaptée. La simulation principale n'est exécutée qu'une seule fois sur un nœud du réseau appelé serveur. Les collaborateurs utilisent des nœuds clients qui communiquent avec le serveur pour récupérer les informations.

Bien évidemment, dans ce cas, la latence du réseau a beaucoup plus d'influence sur la qualité des retours haptiques. Cependant, nous nous plaçons dans un contexte de collaboration colocalisée ce qui veut dire que des réseaux internes peuvent être utilisés ce qui devrait limiter grandement les problèmes de latence.

P. HUANG *et al.* [2010] montrent la faisabilité d'une telle configuration en proposant la manipulation d'un jeu de construction par blocs. La simulation est centralisée sur un serveur et les interactions haptiques sont produites par l'intermédiaire de clients. Il ne souligne aucune instabilité dans les interactions haptiques. MARSH *et al.* [2006] ou encore J. NORMAN et HAMZA-LUP [2010] s'intéressent particulièrement aux influences du réseau sur les interactions visuo-haptiques. D'après eux, l'architecture client/serveur est la plus adaptée pour la gestion de simulation. Cependant, il conclue sur la nécessité d'avoir

une information qui transite rapidement afin d'obtenir un rendu haptique le plus fidèle possible.

Étant donné que nous nous plaçons dans un contexte de simulation moléculaire, il nous est nécessaire de maintenir un environnement virtuel cohérent tout au long de la simulation. La plateforme Shaddock est pourvue d'une architecture client/serveur comme on peut le voir sur la figure 2.1 page 39.

Serveur de périphériques

Afin de gérer les connexions client/serveur pour les interfaces haptiques, nous utilisons le logiciel VRPN (*Virtual Reality Protocol Network*) développé par TAYLOR II *et al.* [2001]. La connexion avec le moteur de simulation est gérée par un autre module qui sera détaillé plus tard dans la section 2.3.2 page 47.

VRPN offre un moyen simple et relativement universel de connecter des périphériques principalement utilisés en réalité virtuelle. En effet, il fournit un serveur pour chaque périphérique. Ensuite, l'application cliente peut envoyer et recevoir les informations nécessaires à la communication avec chacun des périphériques.

Dans notre cas, l'interface haptique est connectée physiquement à un ordinateur² et un serveur VRPN commande cette interface haptique. C'est seulement par l'intermédiaire de ce serveur VRPN et à travers le réseau que le client (VMD dans notre cas) va interagir avec l'interface haptique.

La compilation de VRPN en tant que serveur de PHANTOM Omni® sous le système d'exploitation Linux (Ubuntu v10.04) a nécessité quelques modifications dans le code source qui n'avait pas été prévu pour ce cas d'utilisation. Ces modifications ont été soumises aux développeurs de VRPN qui les ont intégrées dans les versions les plus récentes.

2.3 Plateforme de simulation et de visualisation

Shaddock permet d'effectuer la visualisation de l'environnement moléculaire manipulé. La visualisation est un processus complexe qui nécessite des rendus détaillés et complets des éléments virtuels de l'environnement. En effet, devant le nombre important d'informations que possède une molécule (atomes,

2. Cela suppose d'avoir un ordinateur par interface haptique ce qui peut considérablement complexifier la logistique avec un grand nombre de participants.

flexibilité, chimie, champs de forces, *etc.*), il est primordial d’avoir des rendus graphiques permettant d’afficher un maximum d’informations pour un minimum de charge visuelle. Cette tâche est effectuée par un module de visualisation présenté dans la [section 2.3.1](#).

Ensuite, Shaddock simule une dynamique moléculaire. Un module de simulation est nécessaire pour réaliser cette tâche. Il faut que ce module puisse interagir avec le module de visualisation. De plus, il est nécessaire de pouvoir paramétrer finement la simulation. Le module de simulation choisi est présenté dans la [section 2.3.2](#) page 46.

Cependant, les moteurs de simulation ne sont pas conçus pour effectuer des simulations en temps-réel, et encore moins des simulations interactives en temps-réel. Pourtant, afin de proposer une dynamique moléculaire interactive et temps-réel aux utilisateurs, un module présenté dans la [section 2.3.2](#) page 47 permet de faire communiquer le module de visualisation avec le module de simulation.

2.3.1 Module de visualisation moléculaire

Les outils de visualisation moléculaire disponibles sont relativement nombreux. Parmi les plus populaires, on peut citer PyMOL [[PYMOL 2011](#)], VMD [[HUMPHREY et al. 1996](#)], Chimera [[PETTERSEN et al. 2004](#)], RasMol [[SAYLE et MILNER-WHITE 1995](#)] sans compter les nombreux dérivés permettant un affichage en ligne tel que Jmol [[JMOL 2011](#)] pour ne citer que le plus connu. PyMOL et VMD se distinguent particulièrement par leurs nombreuses fonctionnalités et leur large utilisation dans le milieu spécialisé.

PyMOL est probablement le logiciel de visualisation le plus utilisé par les experts du domaine car c’est le plus abouti en ce qui concerne les performances d’affichage. Cependant, PyMOL ne permet pas l’affichage de simulations temps-réel³, ni la manipulation interactive de molécules.

VMD possède également une large gamme de rendus graphiques. De plus, depuis maintenant quelques mois, VMD utilise également des optimisations GPU pour l’affichage à l’aide de la bibliothèque CUDA. Contrairement à PyMOL, VMD permet le rendu graphique en temps-réel de données de simulation.

La possibilité d’avoir accès à des rendus graphiques détaillés et complets de la molécule est primordiale pour la visualisation. La complexité des molécules,

3. Les travaux récents de BAUGH *et al.* [[2011](#)] semblent proposer la visualisation en temps-réel d’une simulation moléculaire avec PyMOL.

le nombre important d'atomes, les nombreuses meta-informations, les structures particulières nécessitent d'avoir à sa disposition des rendus graphiques spécifiques.

Le rendu graphique CPK a été retenu pour un affichage complet de la molécule avec tous ces atomes et ces liaisons covalentes. Cependant, dans certains cas, l'affichage explicite des atomes (une sphère) surcharge l'environnement visuel. C'est pourquoi, le rendu complémentaire *Licorice* a également été retenu pour un simple affichage des liaisons covalentes. On notera toutefois que les couleurs informent tout de même sur la nature des atomes. Ensuite, la chaîne carbonée principale de la molécule est une structure tout à fait particulière mais primordiale dans la compréhension des déformations et de la dynamique de la molécule. C'est le rendu *NewRibbon* qui permet de représenter cette chaîne carbonée. Enfin, les liaisons hydrogènes ajoutent des informations supplémentaires pertinentes sur la dynamique des atomes et sont représentés par le rendu *HBonds*.

Les quatre représentations différentes (voir figure 2.4 page suivante) sélectionnées sur la plateforme Shaddock sont présentées ici :

CPK affiche tous les atomes de la molécule sous forme de sphères en les reliant par des cylindres ; c'est un affichage très chargé lorsque le nombre d'atomes est important mais la taille des sphères et des cylindres peut être modifiée (voir figure 2.4a page suivante) ;

Licorice représente tous les liens entre les atomes par des cylindres, sans représenter les atomes ; la taille des cylindres peut être modifiée (voir figure 2.4b page suivante) ;

NewRibbon produit une courbe spline sur les atomes C_α représentant l'armature principale de la molécule ; la courbe est représentée sous forme de ruban (voir figure 2.4c page suivante) ;

HBonds affiche les potentielles liaisons hydrogène sous forme de traits en pointillés ; les seuils physiques ainsi que les paramètres d'affichage de la ligne (couleur, largeur, *etc.*) sont modifiables (voir figure 2.4d page suivante).

Chacune de ces représentations visuelles peut être affectée à tout ou partie de la molécule comme par exemple « le résidu 13 », « seulement les atomes de carbone » ou « tous les résidus entre 1 et 16 sauf les atomes d'hydrogène ». De plus, pour chacune des représentations précédentes, différentes colorations sont possibles permettant de mettre en évidence ou au contraire de rendre discrètes certaines parties de la molécule :

Couleur fixe donne une couleur unie prédéfinie (la couleur du curseur par exemple) ;



Figure 2.4 – Illustration des rendus graphiques de molécules sur VMD

Couleur des atomes donne une couleur différente à chaque atome selon un code couleur standard dépendant de sa nature (rouge pour oxygène, blanc pour hydrogène, *etc.*);

Couleur des résidus donne une couleur différente pour chaque atome selon une palette de couleurs prédéfinie par VMD;

Transparence rend transparent les objets tout en conservant la teinte;

GoodSell accentue les contours des objets sous le principe du *cell shading*.

2.3.2 Module de simulation moléculaire

Les trois principaux modules de simulation moléculaire existants sont Gromacs [BERENDSEN *et al.* 1995], NAMD (*Scalable Molecular Dynamics*) [PHILLIPS *et al.* 2005] et AMBER [CASE *et al.* 2005]. HESS *et al.* [2008] montre que Gromacs est plus performant que NAMD. Un rapport technique de LOEFFLER et WINN [2009a] a également permis de montrer que Gromacs domine en terme de performances de calculs. Une comparaison plus détaillée montre que chaque moteur de simulation offre de bons résultats en fonction des problèmes auquel il est confronté et du matériel utilisé [LOEFFLER et WINN 2009b].

Cependant, `NAMD` est développé par la même université que `VMD` ce qui fait que la connexion entre les deux logiciels est facilitée. Enfin, l'interaction en temps-réel avec le moteur de simulation est possible avec `NAMD` mais pas avec Gromacs. C'est pourquoi le moteur de simulation moléculaire `NAMD` a été retenu pour notre plateforme.

Une des fonctionnalités de `NAMD` utilisée est la possibilité de « fixer » des atomes. En effet, la restriction de la simulation moléculaire à certaines régions de la molécule permet d'exclure certains atomes de la déformation. Ces atomes interviennent dans le calcul des forces de la simulation mais eux-mêmes ne sont pas soumis aux forces de l'environnement. Cette fonctionnalité nous permet de créer un point d'ancrage pour la molécule avant d'éviter toute dérive.

Simulation moléculaire interactive et temps-réel

Les logiciels de simulation moléculaire existants ne sont pas prévus pour des simulations interactives en temps-réel. Cependant, l'*Institut für Theoretische und Angewandte Physik* (ITAP) a développé le protocole IMD (*Interactive Molecular Dynamics*) permettant d'utiliser `NAMD` couplé à `VMD` pour des simulations en temps-réel [STADLER *et al.* 1997]. L'extension `IMD connect` permet de connecter rapidement le logiciel `VMD` avec la simulation offerte par `NAMD`.

Cependant, le protocole IMD a récemment été porté par l'Institut de Biologie Physico-Chimie (IBPC) pour une utilisation avec Gromacs. En effet, `MDDriver` [DELALANDE *et al.* 2009] est une interface permettant d'utiliser le protocole IMD avec d'autre module de simulation comme Gromacs. Cette nouvelle solution pourrait permettre d'améliorer les capacités de simulation de notre plateforme mais elle n'a pas encore été implémentée.

La génération automatique de fichier de simulation

La configuration de la simulation nécessite un grand nombre d'informations. Une partie de ces informations découle directement de la molécule à l'état d'équilibre ; ces informations sont les suivantes :

- l'ensemble des liaisons entre atomes ;
- des angles simples ;
- des angles diédraux ;
- des angles de torsion.

La simple description des atomes et de leurs positions à l'état d'équilibre (fichier PDB) couplée aux données générées par CHARMM [B. R. BROOKS *et al.* 1983] permet de générer les fichiers nécessaires au module de simulation. VMD fournit l'outil permettant de générer le fichier nécessaire à la simulation (fichier PSF) par l'intermédiaire d'une extension : *Automatic PSF builder*.

2.4 Les outils d'interaction

2.4.1 Outil d'interaction utilisé

Pour cette plateforme de manipulation de molécules interactive et temps-réel, l'outil d'interaction doit répondre à plusieurs contraintes.

Tout d'abord, la manipulation de molécules intervient dans un environnement virtuel en 3D. Bien que la simple souris soit déjà utilisée dans de nombreuses applications pour interagir avec des environnements virtuels en 3D (modélisation, jeux vidéos, CAO, *etc.*), ce n'est pas l'outil le plus adapté, notamment pour la sélection en profondeur. L'outil doit permettre la manipulation et la sélection dans cet environnement virtuel 3D avec six DDLs.

Nous souhaitons proposer une plateforme pouvant être facilement déployée. En effet, les biologistes, public potentiel de ce type de plateforme, sont plus habitués à travailler sur des ordinateurs de bureau que dans les environnements immersifs utilisés en réalité virtuelle. C'est pourquoi nous orientons notre choix de matériel sur des outils de bureau. Cependant, SALLNÄS *et al.* [2000] a montré l'intérêt d'un retour haptique pour l'amélioration des performances dans les configurations de travail collaboratif; c'est donc naturellement que nous nous sommes orientées vers des interfaces haptiques de bureau.

Parmi les interfaces haptiques disponibles sur le marché, le PHANTOM Omni® répond à l'ensemble de ces contraintes avec un rapport qualité/prix correct. Le PHANTOM Desktop®, qui répond également aux contraintes, aurait permis des retours haptiques plus fidèles mais son prix élevé ne convient à notre plateforme collaborative où il faudra en déployer plusieurs. De plus, sa connectique (port parallèle) quasiment obsolète, est de plus en plus difficile à trouver sur les ordinateurs récents⁴.

4. Un convertisseur vers une connectique FireWire vendu par SensAble existe mais nécessite une dépense supplémentaire significative.

2.4.2 Outils existants

VMD dispose de différents outils permettant d'effectuer diverses manipulations sur les molécules (sélection, orientation, déplacement, *etc.*).

Une des fonctions élémentaires proposée par VMD est la possibilité d'orienter la scène sur trois DDLs afin d'observer la molécule sous différents angles. C'est la souris qui tient ce rôle et elle peut également être configurée pour translater la molécule ou obtenir diverses informations sur la molécule et sur les atomes. Il est également possible d'utiliser une souris 3D permettant de regrouper les fonctions de translation et d'orientation de la scène. La souris 3D SpaceNavigator® est utilisée dans le cadre de notre seconde expérimentation (voir chapitre 4 page 81).

Ces fonctionnalités de navigation sont complétées par des fonctionnalités de manipulations élémentaires. Il est possible de déplacer des atomes ou des groupes d'atomes à l'aide des périphériques précédemment cités. Cependant, la fonctionnalité qui nous intéresse est la possibilité d'effectuer ces manipulations à l'aide d'interfaces haptiques par l'intermédiaire d'une connexion VRPN (voir section 2.2.2 page 43).

La connexion à de telles interfaces permet à VMD de proposer deux outils : un outil de navigation et un outil de manipulation. Ils sont les suivants :

grab qui permet de sélectionner une molécule dans son intégralité et de la déplacer dans la scène ;

tug qui permet de sélectionner un atome de la molécule et de lui appliquer une force (qui sera transmise au moteur de simulation) pour déformer la molécule.

Ces outils ont été utilisés dans la première expérimentation (voir chapitre 3 page 53). Cependant, de nombreux outils supplémentaires ont été développés au-fur-et-à-mesure des besoins identifiés durant les expérimentations. Ces nouveaux outils sont détaillés dans la section 2.4.3.

2.4.3 Outils de manipulation avancés

Durant les différentes études menées dans la suite de ce document, les analyses et les remarques d'utilisateurs ont permis de mettre en évidence les limites et les contraintes des outils existants. De nouveaux outils ont été développés pour répondre à ces besoins, notamment en terme de collaboration. Le développement de ces nouveaux outils a nécessité la modification de VMD par extension des outils déjà existants. Les fonctionnalités ajoutées sont présentées dans les sections suivantes.

Outil de sélection collaboratif

Afin d'effectuer correctement une sélection, il est préférable de connaître *a priori* quel cible sera sélectionnée en fonction de la position actuelle du curseur. C'est pourquoi, cet outil de sélection amélioré met continuellement en surbrillance la cible la plus proche du curseur. Afin de distinguer une cible sélectionnée d'une cible par encore sélectionnée, les cibles non-sélectionnées sont simplement surligné de manière transparente alors que les cibles sélectionnées sont de couleurs opaques (voir figure 2.5).

Cependant, dans un contexte de travail collaboratif, il doit être possible pour chacun des collaborateurs de distinguer sa sélection de la sélections des autres. Les curseurs de chacun des participants étant de couleur différente, le surlignage est effectué en utilisant cette couleur.

Il est également possible de sélectionner des groupes d'atomes (dispositif mis en place sur certaines des expérimentations). Cependant, plutôt que de considérer un centre virtuel de ce groupe d'atomes (barycentre par exemple) qui ne serait pas affiché, les interactions haptiques sont effectuées par rapport à un atome. Pour que les utilisateurs aient une indication précise concernant les interactions haptiques, cet atome est agrandi par rapport aux reste du groupe d'atome (voir figure 2.5).

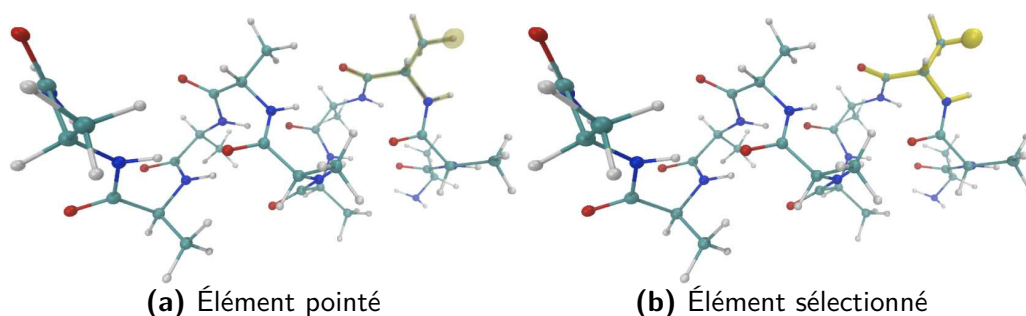


Figure 2.5 – Différence visuelle entre les éléments pointés et sélectionnés

Déformation par groupe d'atomes

L'outil *tug* permet de déformer la molécule en appliquant un effort à l'atome sélectionné. Cependant, la déformation par l'intermédiaire d'un seul atome possède deux désavantages :

- la déformation d'une molécule atome par atome est un processus très fastidieux ; il serait plus efficace de déplacer un groupe d'atomes d'un bloc.

- la molécule se trouve la plupart du temps dans un état relativement stable et le déplacement d'un atome perturbe cet état de stabilité par un étirement des structures; le déplacement d'un groupe d'atomes en un bloc permettrait d'éviter cet étirement et de conserver une meilleure stabilité.

C'est pourquoi nous proposons un outil appliquant une force à un groupe d'atomes pour le déplacer tout en conservant la stabilité intrinsèque de ce groupe. Les groupes d'atomes dignes d'intérêt sont les résidus (quelques dizaines d'atomes), les hélices- α ou feuillets- β (quelques dizaines de résidus) et les molécules (enchaînement de hélices- α et de feuillets- β). L'outil de déformation a été généralisé aux résidus et aux molécules. Cependant, la généralisation aux hélices- α et aux feuillets- β a été laissée de côté pour deux raisons :

- la forme allongée de ces structures nécessite de repenser partiellement voire complètement l'outil de déformation car la translation seule ne peut plus être utilisée ;
- les informations concernant ces structures ne sont pas toujours bien renseignées dans les bases de données de molécules.

Cependant, appliquer le même effort à l'ensemble des atomes d'un résidu ou d'une molécule produit un effort total très important. Si l'effort total est trop élevé, les perturbations envoyées à la simulation sont trop importantes et peuvent produire des incohérences dans la simulation voire même un arrêt de la simulation⁵. Afin de conserver un effort total de déformation constant quelque soit le nombre d'atomes sélectionnés, la force appliquée à chaque atome est divisée par le nombre totale d'atomes sélectionnés.

Outil de désignation

L'outil de désignation a été créé pour répondre au besoin d'indiquer des régions d'intérêt aux partenaires. Il se découpe en quatre étapes élémentaires :

Recherche d'une cible Cette étape consiste pour un utilisateur \mathcal{A} à identifier une cible à désigner digne d'intérêt; cette cible est choisie en fonction des objectifs de la tâche à réaliser (voir figure 2.6a page suivante).

Désignation d'une cible Une fois la cible trouvée, l'utilisateur \mathcal{A} la désigne à son partenaire \mathcal{B} ; la cible est alors mise en surbrillance de façon à être vue des autres utilisateurs (voir figure 2.6b page suivante).

5. NAMD s'arrête automatiquement lorsqu'il estime que les perturbations produisent trop d'incohérences.

Acceptation d'une cible L'utilisateur \mathcal{B} peut alors accepter ou non cette désignation ; s'il accepte la désignation, la cible est alors colorée de la couleur du curseur de l'utilisateur \mathcal{B} qui a accepté (voir figure 2.6c) ; tant qu'elle n'est pas acceptée, le résidu reste en surbrillance jusqu'à ce que la requête soit acceptée ou modifiée par l'utilisateur \mathcal{A} .

Sélection d'une cible L'utilisateur \mathcal{B} ayant accepté doit maintenant sélectionner la cible pour achever le processus de désignation ; tant que l'utilisateur \mathcal{B} n'a pas sélectionné le résidu ciblé, le processus ne peut pas être considéré comme terminé et l'effet de surbrillance reste actif ; lorsque la cible est sélectionnée, le processus de manipulation reprend normalement (voir figure 2.6d).

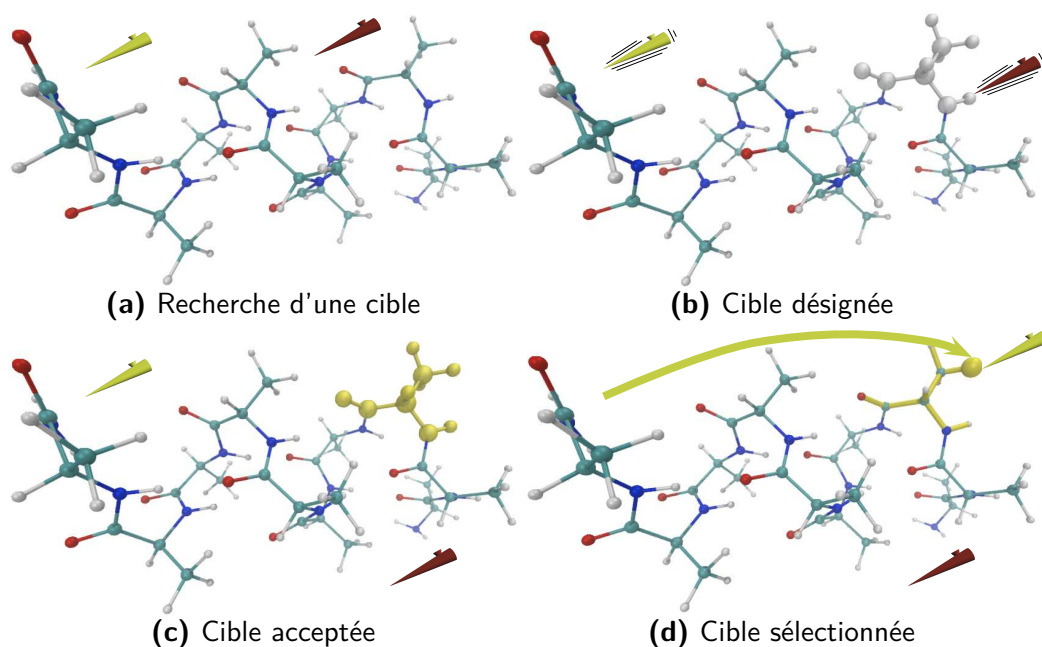


Figure 2.6 – Les quatre étapes de la désignation (utilisateur \mathcal{A} en rouge et utilisateur \mathcal{B} en jaune)

Recherche collaborative de résidu sur une molécule

Sommaire

3.1	Introduction	54
3.2	Exploration et sélection collaborative	54
3.2.1	Travaux existants	54
3.2.2	Objectifs	56
3.3	Présentation de l'expérimentation	57
3.3.1	Description de la tâche	57
3.3.2	Spécificités du protocole expérimental	61
3.4	Résultats	63
3.4.1	Amélioration des performances en binôme	65
3.4.2	Stratégies de travail	69
3.4.3	Résultats qualitatifs	76
3.5	Conclusion	78
3.5.1	Résumé des résultats	78
3.5.2	Synthèse et perspectives	78

3.1 Introduction

L'état de l'art du premier chapitre nous a permis d'identifier les principales tâches élémentaires concernant l'interaction en environnement virtuel : les PCVs. Dans cette première étude, nous souhaitons étudier les premières PCVs qui sont l'exploration et la sélection (voir figure 1.20 page 36) dans un contexte de manipulation moléculaire collaborative. Le processus d'exploration et de sélection est primordial à toute manipulation ultérieure.

Dans ce chapitre, nous commencerons par présenter les travaux existants en matière d'exploration et de sélection en environnement virtuel. Puis nous présenterons les objectifs de cette étude pour aboutir sur un protocole expérimental. Les résultats de l'expérimentation seront analysés et discutés dans la dernière partie.

3.2 Exploration et sélection collaborative

3.2.1 Travaux existants

L'exploration et la sélection en environnement virtuel sont des tâches élémentaires relativement peu explorées en environnement virtuel, notamment dans le domaine de la biologie moléculaire. Pourtant, des travaux en biologie moléculaire existent dans les environnement réels mais les contraintes techniques sont très différentes de celles en environnement virtuel ; nous ne nous étendrons pas sur ce sujet.

Actuellement, les tâches d'exploration et de recherche collaborative sont principalement destinées aux applications pour les moteurs de recherche. M. R. MORRIS [2007] souligne que la coopération dans ce domaine existe déjà sur Internet mais que les échanges entre les utilisateurs sont encore trop peu exploités. Sur cette base, PICKENS et GOLOVCHINSKY [2007] propose un système pour la recherche collaborative où des utilisateurs à la recherche d'informations peuvent échanger de manière synchrone les résultats intermédiaires afin de progresser plus rapidement.

En environnement virtuel, WERNERT et HANSON [1999] propose simplement une exploration collaborative de l'environnement virtuel ; un guide permet à l'utilisateur d'explorer plus efficacement un environnement qu'il ne connaît pas. À partir de ce travail, S. HUGHES et LEWIS [2002] propose une tâche de recherche basée sur le principe du guidage mais en supprimant la col-

laboration; le guide est un algorithme qui suggère à l'utilisateur les zones d'intérêt.

L'objectif premier de l'exploration dans notre cas est de pouvoir sélectionner une zone d'intérêt après l'avoir identifiée. En biologie moléculaire, les logiciels les plus utilisés tel que PyMOL ou VMD proposent des moteurs de sélection à base de chaîne de caractères. Par exemple, pour sélectionner tous les atomes de type C, O, N ou CA, on utilisera les commandes suivantes dans PyMOL

```
pymol> select mysel, name c+o+n+ca
```

ou dans VMD

```
vmd> set mysel [atomselect "top" "name C or name O \\  
or name N or name CA"]
```

Cependant, ces méthodes de sélection ne s'intègrent dans aucun processus d'exploration : les zones d'intérêt doivent déjà être identifiées avant de procéder à ce type de sélection. VMD propose ce type d'exploration avec une souris et permet la sélection à l'aide d'une méthode de *picking*¹. Cependant, la sélection par *picking* est limitée par les problèmes de perception de la profondeur.

Différentes approches non collaboratives ont été étudiées pour la sélection en environnement moléculaire virtuel. Par exemple, PAVLOVIĆ *et al.* [1996] propose une plateforme permettant d'interagir avec les molécules en utilisant la voix et les gestes. Cependant, les techniques de segmentations de la parole et des gestes sont encore imprécises. On trouve également les travaux de POLYS *et al.* [2004] qui proposent une interaction avec une *wand*² ou encore les travaux de OBEYSEKARE *et al.* [1996] permettant l'interaction gestuelle avec un gant sur un *Workbench*³. Ces dispositifs sont relativement difficiles à déployer pour des applications collaboratives (multiplication de matériel, accès aux ressources matérielles, *etc.*). De plus, les tâches de manipulation étudiées sont extrêmement simplifiées et n'ont pas d'application réelle en biologie moléculaire.

Cependant, certains travaux se sont consacrés à la mise en place d'une plateforme pour des tâches pertinentes. Par exemple, LEVINE *et al.* [1997] proposent une plateforme d'interaction avec un environnement moléculaire virtuel afin d'explorer un complexe ligand-protéine pour réaliser un *docking*

1. Le *picking* consiste à identifier l'élément pointé par la souris (2D) dans l'environnement virtuel (3D).

2. Dispositif d'interaction en réalité virtuelle permettant la manipulation sur 6 DDLs et disposant de boutons comme une souris.

3. Dispositif d'affichage permettant l'affichage en 3D stéréoscopique sur deux écrans.

moléculaire. Cependant, le *docking* moléculaire s'effectue ici sur des corps rigides pour simplifier la complexité de l'exploration. On trouve également les travaux de FÉREY *et al.* [2008] mais là encore, il s'agit de corps rigides. Cependant, DELALANDE *et al.* [2010] propose une plateforme en utilisant des périphériques haptiques pour aider à la localisation de ponts ioniques au sein d'une simulation moléculaire en temps-réel sur des corps flexibles. Cependant, les travaux ont évolué vers des corps flexibles avec DELALANDE *et al.* [2010] qui utilisent les périphériques haptiques pour aider à la localisation de ponts ioniques au sein d'une simulation moléculaire en temps-réel. L'interface haptique utilisée permet de ressentir les forces en action dans la simulation et ainsi améliorer le processus d'exploration et de sélection.

Cette brève bibliographie montre que les études manquent concernant les processus d'exploration et de sélection en EVC. Ce chapitre a pour but de proposer une tâche de recherche collaborative dans un environnement moléculaire virtuel afin d'identifier les avantages et les limites de cette approche.

3.2.2 Objectifs

Dans ce chapitre, nous abordons les tâches d'exploration et de sélection dans un EVC. La recherche au sein d'une simulation moléculaire est une tâche très complexe en raison du grand nombre d'atomes et de la flexibilité de la molécule. Nous proposons d'étudier la distribution des charges de travail pour la réalisation de cette tâche.

Les objectifs de cette première étude sont multiples. Tout d'abord, nous souhaitons observer les performances comparées d'un travail autonome face à une configuration de travail collaborative. Notre hypothèse va dans le sens d'une amélioration des performances pour les configurations de travail collaboratives sur des tâches de nature complexe.

De plus, nous souhaitons observer les stratégies de travail qui pourraient émerger de cette collaboration. Nous supposons que les stratégies vont varier d'un groupe à l'autre en fonction des affinités et des connaissances intrinsèques du groupe.

Ensuite, nous nous intéressons plus précisément aux avis des utilisateurs. Nous supposons que la configuration collaborative est plus appréciée des utilisateurs grâce à l'émulsion sociale qui naît des interactions et de la communication entre les manipulateurs.

Enfin, nous souhaitons valider l'utilisabilité de la plateforme de manipulation proposée afin d'améliorer l'ergonomie des outils proposés. L'évaluation sera

confiée aux sujets. L'objectif est d'identifier les faiblesses pour proposer des solutions dans les versions ultérieures Shaddock.

3.3 Présentation de l'expérimentation

Afin de répondre à nos hypothèses de travail résumées dans la section B.1.1 page 210, nous décrivons ici la tâche proposée aux sujets pour répondre aux objectifs fixés.

3.3.1 Description de la tâche

La tâche proposée consiste à trouver des résidus au sein d'une molécule puis à les extraire hors de la molécule. Les résidus sont des groupes d'atomes s'associant les uns aux autres le long d'une chaîne carbonée pour former une molécule. Trois molécules sont proposées dans le cadre de cette expérimentation. La molécule TRP-ZIPPER sera utilisée pour la procédure d'apprentissage. Les molécules TRP-CAGE et Prion sont utilisées pour la tâche de recherche et d'extraction de résidus : 5 résidus à rechercher et à extraire sont proposés sur chaque molécule. Les molécules TRP-CAGE et Prion sont utilisées pour la tâche de recherche et d'extraction de résidus : chaque molécule possède 5 résidus à extraire. Tous les résidus à rechercher sont affichés dans la table 3.1 page suivante. Pour une description précise des molécules, se reporter à la section A.2 page 205.

La figure 3.1 page 59 montre la répartition des résidus sur les deux molécules.

Chaque résidu possède ses propres caractéristiques (position, couleur, *etc.*) offrant des niveaux de complexité différents comme on peut le voir dans la table 3.2 page 60. Les critères de complexité utilisés sont les suivants :

Nombre de résidus Le nombre total de résidus présents dans la molécule.

Un nombre important de résidus surcharge visuellement l'environnement virtuel et augmente le nombre de cibles potentielles.

Position Le résidu peut se trouver soit à la périphérie de la molécule (position *externe*) ou au centre de la molécule (position *interne*). Un résidu en position externe ne nécessite pas de déformer la molécule pour l'identifier et l'atteindre contrairement à un résidu en position interne dont l'accès sera plus complexe.

Forme La forme du résidu est un motif graphique plus ou moins complexe à identifier. On distingue trois formes différentes :

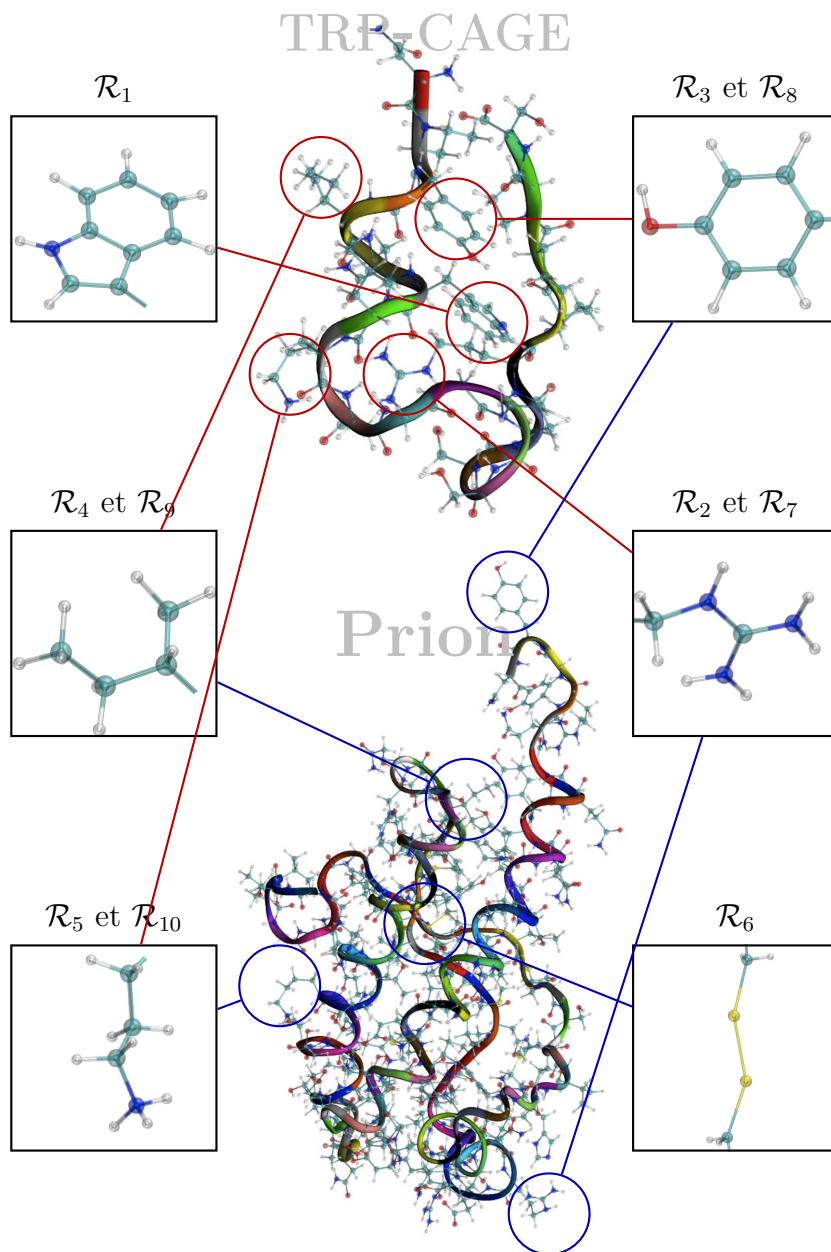
Table 3.1 – Liste des résidus recherchés

(a) Résidus sur la molécule TRP-CAGE

(b) Résidus sur la molécule Prion

Résidu	Image	Résidu	Image
\mathcal{R}_1		\mathcal{R}_6	
\mathcal{R}_2		\mathcal{R}_7	
\mathcal{R}_3		\mathcal{R}_8	
\mathcal{R}_4		\mathcal{R}_9	
\mathcal{R}_5		\mathcal{R}_{10}	

Figure 3.1 – Répartition des résidus sur les molécules



Chaîne Une chaîne d'atomes (la plupart du temps carbonés) avec des atomes d'hydrogène de chaque côté; difficile à identifier par sa forme relativement neutre.

Cycle Une chaîne fermée d'atomes de carbone ou d'azote; facile à identifier par sa forme très spécifique.

Étoile Séries de chaînes d'atomes toutes reliées sur un atome central (la plupart du temps, un atome de carbone); assez facile à identifier.

Couleurs Les atomes sont colorés en fonction de leur nature (rouge pour l'oxygène, blanc pour l'hydrogène, *etc.*). Les atomes *rare*s sont donc facilement identifiables grâce à leur couleur singulière. Par contre, les atomes nombreux (comme les hydrogènes ou les carbonés) seront plus difficiles à identifier à cause de leur fréquence d'apparition élevée.

Similarité Certains résidus à chercher sont très similaires à d'autres résidus également présents sur la molécule. Les résidus similaires possèdent un atome de moins ou de plus par rapport au résidu recherché. À cause de cette similarité, les sujets vont mobiliser une partie du temps à identifier des résidus incorrects.

Table 3.2 – Paramètres de complexité des résidus – Carbone en *cyan*, Azote en *bleu*, Oxygène en *rouge* et Soufre en *jaune*

Résidu	Nombre de résidus	Position	Forme	Couleurs	Similarité présente
\mathcal{R}_1	20	Interne	Cycle	8 C, 1 A	Non
\mathcal{R}_2	20	Interne	Étoile	1 C, 3 A	Non
\mathcal{R}_3	20	Interne	Cycle	6 C, 1 O	Non
\mathcal{R}_4	20	Externe	Chaîne	4 C	Non
\mathcal{R}_5	20	Externe	Chaîne	4 C, 1 A	Non
\mathcal{R}_6	112	Interne	Chaîne	2 C, 2 S	Non
\mathcal{R}_7	112	Externe	Étoile	1 C, 3 A	Non
\mathcal{R}_8	112	Externe	Cycle	6 C, 1 O	Non
\mathcal{R}_9	112	Interne	Chaîne	4 C	Oui
\mathcal{R}_{10}	112	Interne	Chaîne	4 C, 1 A	Oui

La tâche proposée nécessite deux étapes. Selon BOWMAN [1999], on distingue tout d'abord l'étape d'exploration. Pour explorer la molécule afin d'identifier la cible recherchée, les sujets disposent de l'outil *grab*. Lorsque la cible recherchée est identifiée, les sujets commencent la seconde étape : la sélection. Pour effectuer cette étape de sélection, les sujets disposent de l'outil *tug*. Les outils *grab* et *tug* sont décrits dans la section 2.4.2 page 49.

3.3.2 Spécificités du protocole expérimental

L'expérimentation est basée sur le dispositif expérimental décrit dans le chapitre A page 203. Cependant, certains choix expérimentaux concernant cette expérimentation sont détaillés dans les sections suivantes. La méthode expérimentale, présentée dans la section B.1 page 210, est résumée dans la table 3.3 page 64.

Matériel utilisé

Cette première expérimentation propose aux sujets d'effectuer une recherche de résidus au sein d'une molécule de taille importante. Les sujets disposent de deux outils de déformation *tug*. Cependant, un outil d'orientation de la molécule est mis à disposition pour des raisons détaillées dans la section 3.3.2 page 63. Un outil supplémentaire nécessite quelques modifications logistiques.

L'outil d'orientation de la molécule est assuré par un PHANTOM Omni® associé à l'outil *grab* (voir section 2.4.2 page 49). L'ajout d'un outil nécessite également l'ajout d'un ordinateur comme serveur VRPN. L'interface est placée devant le sujet en charge de cet outil.

Durant l'expérimentation, le résidu à rechercher est affiché aux sujets pendant toute la durée de la tâche. Afin de ne pas perturber la scène virtuelle, le résidu est affiché sur un écran LCD 17 pouces placé sur la table devant les sujets.

Pour terminer, cette expérimentation doit nous permettre également d'identifier les contraintes en communication d'une tâche collaborative. C'est pourquoi nous enregistrons tous les échanges oraux entre les sujets à l'aide d'un microphone installé sur la table, face aux sujets. L'enregistrement est assuré par le logiciel Audacity®. Un filtrage du bruit de fond est effectué *a fortiori* afin de rendre les enregistrements plus audibles.

La figure 3.2 page suivante est un schéma récapitulatif de la disposition des tous les éléments dans la salle d'expérimentation. La figure 3.3 page suivante est une photographie de la salle d'expérimentation.

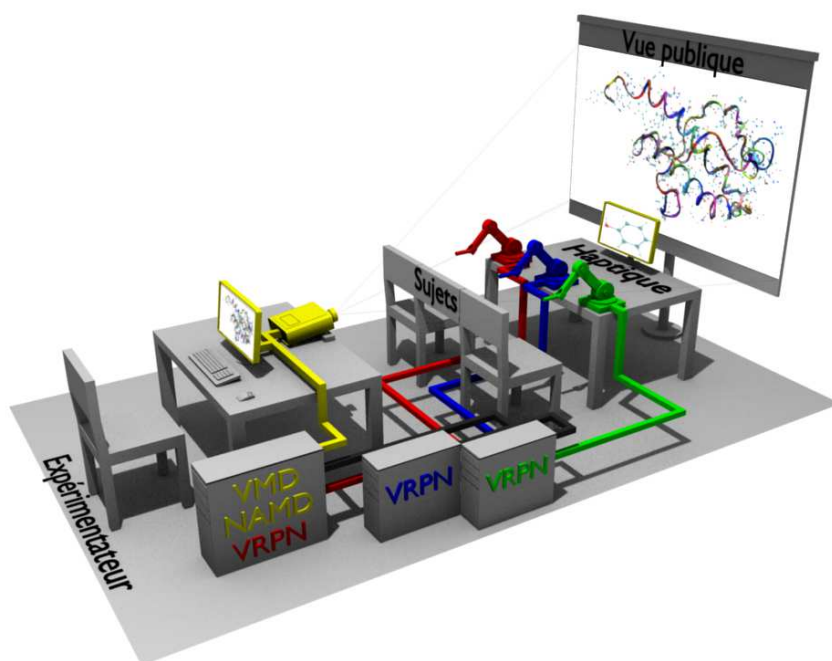


Figure 3.2 – Schéma du dispositif expérimental

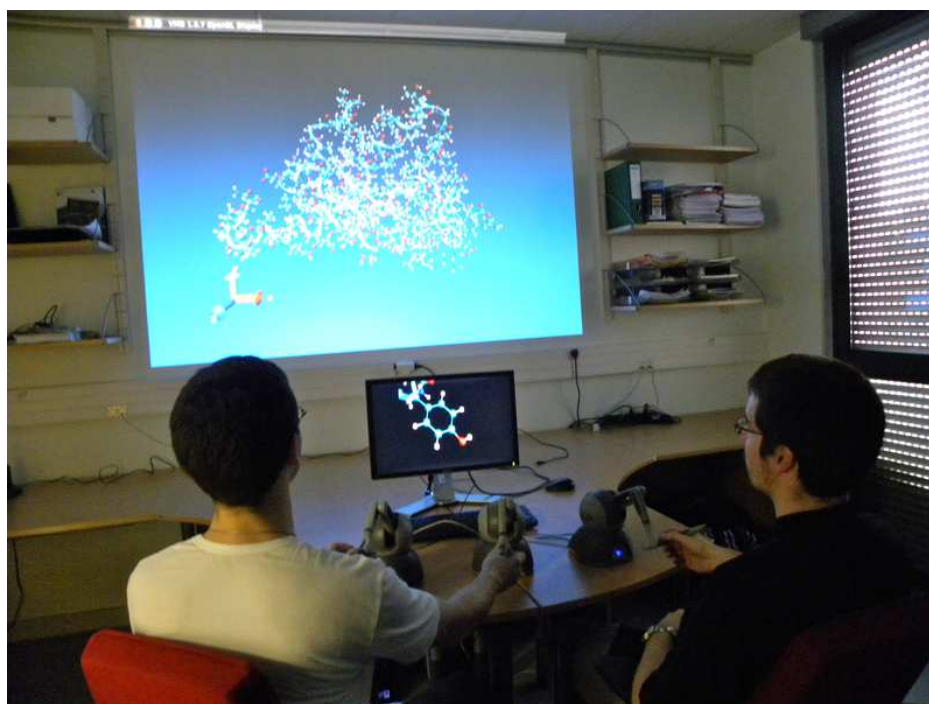


Figure 3.3 – Photographie du dispositif expérimental

Visualisation et représentation

La représentation des molécules utilisées dans cette expérimentation est la représentation classique décrite dans la section A.2.2 page 205. L'illustration des molécules TRP-CAGE et Prion telles qu'elles étaient représentées durant l'expérimentation sont affichées sur la figure 3.1 page 59.

Outils de manipulation

Durant cette tâche de recherche, nous donnons aux utilisateurs la possibilité de déformer la molécule à l'aide de l'outil *tug*. Cependant, afin de fournir un moyen d'explorer la molécule sous tous les angles, nous proposons également un outil d'orientation de la molécule. Sans un tel outil, l'accès à tout résidu qui se trouverait derrière la molécule nécessiterait une longue et fastidieuse déformation.

Cet outil, concrétisé par une interface haptique associé à l'outil *grab*, permet de sélectionner la molécule puis de la déplacer et de l'orienter. Aucune modification de l'outil proposé par VMD n'a été apportée. Cependant, l'outil n'est pas partagé entre les utilisateurs ; au début de l'expérimentation, il est demandé aux sujets de choisir celui qui sera en charge de cet outil de manipulation et ceci, tout au long de l'expérimentation. Ce choix a été fait pour limiter les conflits entre les deux utilisateurs pendant la phase de recherche et de sélection. Il est à noter que pour les monômes, le sujet n'a accès qu'à un seul outil de déformation et un outil de manipulation.

3.4 Résultats

Cette section présente et analyse l'ensemble des mesures expérimentales de cette première étude concernant la recherche et la sélection sur une tâche complexe de collaboration. Les données, confrontées à un test de SHAPIRO et WILK [1965], ne sont pas distribuées selon une loi normale. Cependant, un test de BROWN et FORSYTHE [1974] permet de confirmer l'homoscédasticité. L'analyse de la variance est alors pratiquée à l'aide d'un test de FRIEDMAN [1940] adapté pour les variables intra-sujets non-paramétriques.

Il est à noter que les données comparées entre les monômes et les binômes ne sont pas du même ordre de grandeur (24 monômes face à 12 binômes). Afin de pouvoir effectuer une comparaison du même ordre de grandeur, les données des sujets ayant fait partie d'un même binôme ont été moyennées.

Table 3.3 – Synthèse de la méthode expérimentale

Tâche	Recherche et sélection de motifs	
Hypothèses	\mathcal{H}_1	Amélioration des performances en binôme
	\mathcal{H}_2	Stratégies variables en fonction des binômes
	\mathcal{H}_3	Les sujets préfèrent le travail en binôme
	\mathcal{H}_4	Bonne utilisabilité de la plateforme
Variables indépendantes	\mathcal{V}_{i1}	Nombre de sujets
	\mathcal{V}_{i2}	Résidu à chercher
Variables dépendantes	\mathcal{V}_{d1}	Temps de réalisation
	\mathcal{V}_{d2}	Distance entre les espaces de travail
	\mathcal{V}_{d3}	Communication verbales
	\mathcal{V}_{d4}	Affinités entre les sujets
	\mathcal{V}_{d5}	Force moyenne appliquée par le sujet
	\mathcal{V}_{d6}	Réponses qualitatives
Conditions \mathcal{C}_1–\mathcal{C}_4		Conditions \mathcal{C}_5–\mathcal{C}_8
Sujet \mathcal{A} 10 résidus		Sujet \mathcal{A} 10 résidus
Sujet \mathcal{B} 10 résidus		Binôme \mathcal{AB} 10 résidus
Binôme \mathcal{AB} 10 résidus		Sujet \mathcal{B} 10 résidus

Ainsi, pour chaque variable correspond une donnée en `monôme` et une donnée en `binôme`.

3.4.1 Amélioration des performances en binôme

Dans cette section, nous étudions l'évolution des performances en présentant les données et les analyses statistiques dans un premier temps, puis une discussion critique de ces résultats dans un second temps.

Données et statistiques

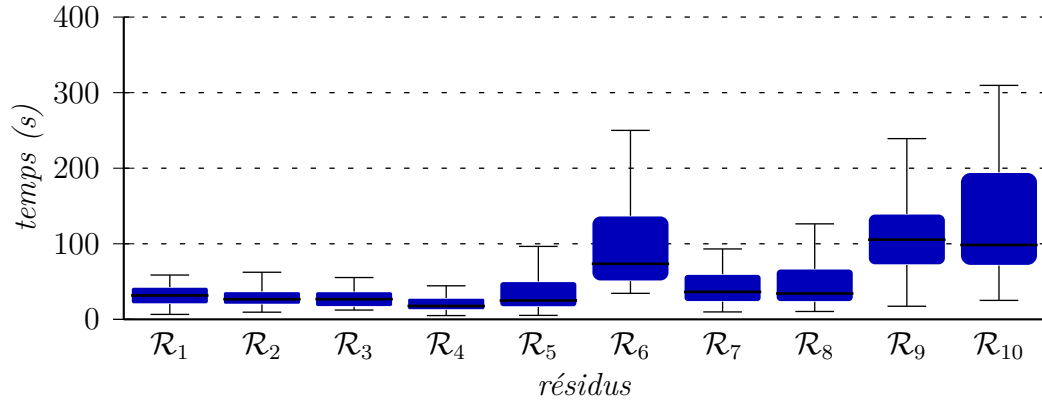


Figure 3.4 – Temps de réalisation par résidu

La figure 3.4 présente le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} pour l'identification et l'extraction de chaque résidu \mathcal{V}_{i2} . L'analyse montre qu'il y a un effet significatif des résidus \mathcal{V}_{i2} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} ($\chi^2 = 163.1$, $df = 9$, $p \ll 0.05$). Un test post-hoc de MANN et WHITNEY [1947] avec une correction de HOLM [1979] permet de déterminer que les résidus \mathcal{R}_6 , \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10} obtiennent des temps de réalisation significativement plus longs de 263.4 % que les autres résidus.

La figure 3.5 page suivante présente les temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} de chaque résidu \mathcal{V}_{i2} en fonction du nombre de participants \mathcal{V}_{i1} . L'analyse ne montre pas d'effet significatif du nombre de participants \mathcal{V}_{i1} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} ($\chi^2 = 3$, $df = 1$, $p = 0.082$). Cependant, en se limitant aux groupes des trois résidus \mathcal{R}_6 , \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10} identifiés précédemment comme significativement plus longs à trouver et extraire, l'analyse montre un effet significatif du nombre de participants \mathcal{V}_{i1} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} ($\chi^2 = 7.7$, $df = 1$, $p = 0.006$) ; le temps de réalisation pour ces résidus est inférieur de -24.3% .



Figure 3.5 – Temps de réalisation comparés (monôme ou binôme) par résidu



Figure 3.6 – Temps de recherche et de sélection comparés par résidu

La figure 3.6 page ci-contre présente les temps de recherche et de sélection par résidu \mathcal{V}_{i2} . L’analyse montre un effet significatif des résidus \mathcal{V}_{i2} sur les temps de recherche ($\chi^2 = 97.6$, $df = 9$, $p \ll 0.05$). Un test post-hoc de MANN et WHITNEY [1947] avec une correction de HOLM [1979] permet de déterminer que les résidus \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10} obtiennent des temps de recherche significativement plus longs de 825.8 % que les autres résidus. L’analyse montre également un effet significatif des résidus \mathcal{V}_{i2} sur les temps de sélection ($\chi^2 = 72.8$, $df = 9$, $p \ll 0.05$). Un test post-hoc de MANN et WHITNEY [1947] avec une correction de HOLM [1979] permet de déterminer que le résidu \mathcal{R}_6 obtient un temps de sélection significativement plus long de 430.2 % que les autres résidus.

Analyse et discussion

Les cinq résidus \mathcal{R}_1 , \mathcal{R}_2 , \mathcal{R}_3 , \mathcal{R}_4 et \mathcal{R}_5 sont au sein de la molécule TRP-CAGE qui en compte un nombre total relativement limité (20 résidus). Durant la phase d’exploration, les sujets construisent rapidement une carte mentale de la molécule ce qui leur permet de d’identifier rapidement les résidus recherchés. De plus, les faibles contraintes physiques de la molécule (énergie totale du système peu élevée à cause du faible nombre d’atomes) la rende facile à déformer et permet un accès rapide aux structures internes. Cela facilite la recherche des résidus qui sont dans une position interne à la molécule et qui nécessitent une déformation plus importante afin de pouvoir l’extraire. Tous ces facteurs rendent les tâches de recherche et de sélection peu complexes sur la molécule TRP-CAGE ce qui explique des temps de réalisation de la tâche très courts, aussi bien pour les monômes que pour les binômes.

Les cinq résidus \mathcal{R}_6 , \mathcal{R}_7 , \mathcal{R}_8 , \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10} sont au sein de la molécule Prion qui en compte un nombre total relativement important (112 résidus). La construction complète d’une carte mentale est très complexe à cause du nombre importants d’atomes qui sont continuellement en mouvement (dû à la simulation en temps-réel). Les sujets n’étant jamais confronté plus de deux fois à la même tâche (une fois en monôme et une fois en binôme), le phénomène d’apprentissage ne peut pas être effectué. En effet, les sujets ne se souviennent pas de la position d’un résidu d’une confrontation à l’autre (contrairement à la molécule TRP-CAGE pour certains cas). Les sujets adoptent une stratégie en plusieurs étapes en fonction de la caractéristique de la tâche et du résidu à trouver. Tout d’abord, une recherche exploratoire permet d’identifier les résidus \mathcal{R}_7 et \mathcal{R}_8 qui se trouvent en position externe. Ensuite, lorsque cette première étape exploratoire ne permet pas d’identifier le résidu recherché, les sujets déforment la molécule afin d’accéder aux résidus \mathcal{R}_6 , \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10} qui se trouvent en position interne.

Le travail en binôme comparé au travail en monôme ne montre pas d'amélioration significative bien que la p -value soit très proche du seuil de significativité. Cependant, un test post-hoc a permis de d'identifier les résidus \mathcal{R}_6 , \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10} comme ayant un temps de réalisation significativement plus long. Sur ce groupe de résidus plus complexes, les binômes obtiennent une amélioration significative des performances par rapport aux monômes. Ce résultat confirme notre hypothèse \mathcal{H}_1 exclusivement sur des tâches de fortes complexité.

Comme développé dans la procédure expérimentale, le temps de réalisation de la tâche peut être séparé en deux parties : le temps de recherche et le temps de sélection (voir figure B.1 page 212). Les résidus \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10} se distinguent par un temps de recherche significativement plus long que les autres résidus (excepté \mathcal{R}_6). En effet, ces deux résidus sont en présence d'autres résidus similaires au sein de la même molécule (voir table 3.2 page 60). Ces similarités ont pour effet de monopoliser l'attention des sujets ce qui provoque une hausse significative du temps de recherche du résidu au sein de la molécule.

De la même façon, le résidu \mathcal{R}_6 se distingue par un temps de sélection significativement plus long que les autres résidus (excepté \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10}). Ce résidu possède deux atomes de Soufre de couleur jaune. Cette particularité aisément identifiable malgré le nombre importants d'atomes de la molécules. Le temps de recherche est alors extrêmement court. Cependant, ce résidu est positionné au centre de la molécule. L'accès au résidu nécessite de *déplier* en grande partie la molécule afin de pouvoir le sélectionner et l'extraire.

L'analyse du rapport entre les temps de recherche et de sélection met en évidence trois configurations en fonction des différents résidus :

Temps de recherche et de sélection égaux Les sujets ont un temps similaire alloué à l'étape de recherche et de sélection. Les résidus concernés ne présentent pas de forte complexité (tous les résidus de la molécule TRP-CAGE et les résidus \mathcal{R}_7 et \mathcal{R}_8 de la molécule Prion) et sur lesquels, le travail collaboratif n'améliore pas les performances.

Temps de recherche prédominant Les sujets ont un temps important alloué à l'identification du résidu recherché. Une fois identifié, le résidu est facile à sélectionner puis à extraire. Les résidus \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10} sont concernés. Dans cette configuration, le travail collaboratif améliore significativement les performances. En effet, l'étape de recherche est fortement parallélisable : l'espace de recherche est séparé entre les sujets (stratégie *diviser pour régner*).

Temps de sélection prédominant Les sujets ont un temps important alloué à la sélection et à l'extraction du résidu recherché. Le résidu est

rapidement identifié mais il est difficile d'y accéder directement. Une phase de déformation est nécessaire pour le sélectionner. Le résidu \mathcal{R}_6 est concerné. Dans cette configuration, le travail collaboratif améliore significativement les performances. En effet, l'étape de déformation bénéficie d'une action coordonnée entre les sujets : l'effort déployé est alors plus important et le contrôle sur la déformation meilleur ce qui permet une réalisation de la tâche plus rapide.

3.4.2 Stratégies de travail

Dans cette section, nous mettons en avant les différentes stratégies adoptées par les sujets à l'aide d'une analyse statistiques des données.

Données et analyses

Dans cette section, les données concernent exclusivement les binômes. Une numérotation des binômes a été effectuée afin de pouvoir comparer les mesures effectuées et ainsi, étudier les différentes stratégies.

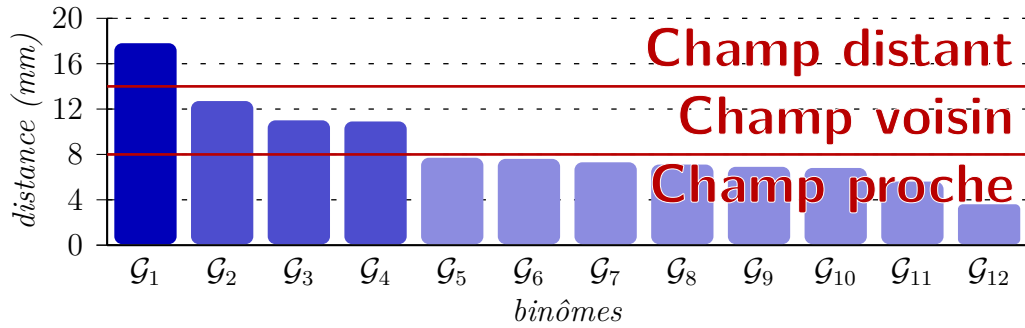


Figure 3.7 – Distance moyenne entre les sujets pour chaque binôme sur les résidus \mathcal{R}_6 , \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10}

La figure 3.7 présente la distance moyenne entre les espaces de travail \mathcal{V}_{d2} de chaque binôme. Les binômes peuvent être classés en trois catégories : *espace distant*, *espace voisin* et *espace proche*.

La figure 3.8 page suivante présente les affinités \mathcal{V}_{d4} de chaque binôme. Les notes, comprises entre un et cinq, montre que les binômes choisis ont des affinités relativement variées. L'affinité entre les sujets du binômes \mathcal{G}_1 est très basse contrairement aux binômes \mathcal{G}_8 et \mathcal{G}_{12} pour lesquelles l'affinité est très élevée.

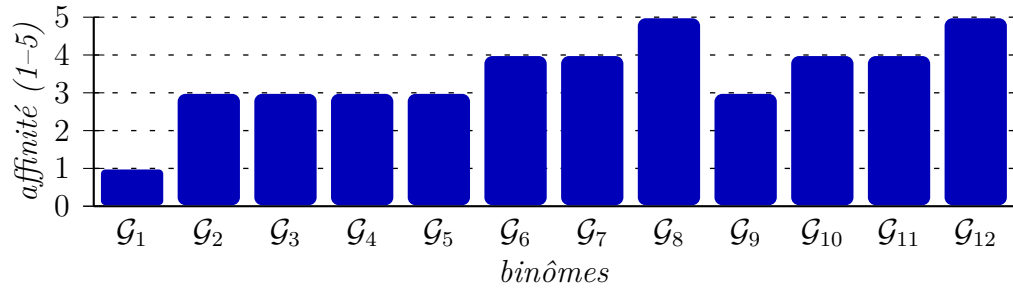


Figure 3.8 – Affinité entre les sujets pour chaque binôme

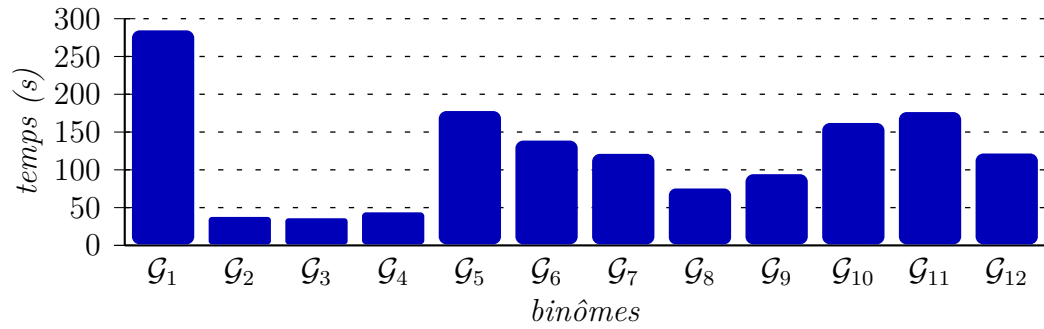


Figure 3.9 – Temps de réalisation entre les sujets pour chaque binôme

La figure 3.9 présente les temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} de chaque binôme. Le temps de réalisation de \mathcal{G}_1 est particulièrement important (plus d’une fois et demi les binômes les plus longs). À l’opposé, on note que \mathcal{G}_2 , \mathcal{G}_3 et \mathcal{G}_4 obtiennent des temps de réalisation extrêmement bas.

La figure 3.10 page ci-contre présente les temps de communication verbale \mathcal{V}_{d3} de chaque binôme. \mathcal{G}_2 , \mathcal{G}_3 et \mathcal{G}_4 ont des temps de communication verbale inférieurs à 20 s. À l’opposé, \mathcal{G}_1 , \mathcal{G}_5 et \mathcal{G}_{11} ont des temps de communication verbale qui approche les 60 s.

La figure 3.11 page suivante présente les pourcentages de temps de communication verbale durant la phase de recherche et durant la phase de sélection de chaque binôme par rapport au temps total de réalisation de la tâche. Le pourcentage représente le rapport du temps de communication verbale durant la phase recherche ou de sélection rapporté respectivement au temps total de la phase de recherche ou de sélection. Les binômes \mathcal{G}_1 à \mathcal{G}_4 ainsi que \mathcal{G}_9 communiquent plus durant la phase de sélection. Les binômes \mathcal{G}_5 à \mathcal{G}_8 et \mathcal{G}_{10} à \mathcal{G}_{12} communiquent plus durant la phase de recherche. Notons également que \mathcal{G}_1 communique assez peu par rapport aux autres binômes.

La figure 3.12 page ci-contre représente la force moyenne appliquée par les

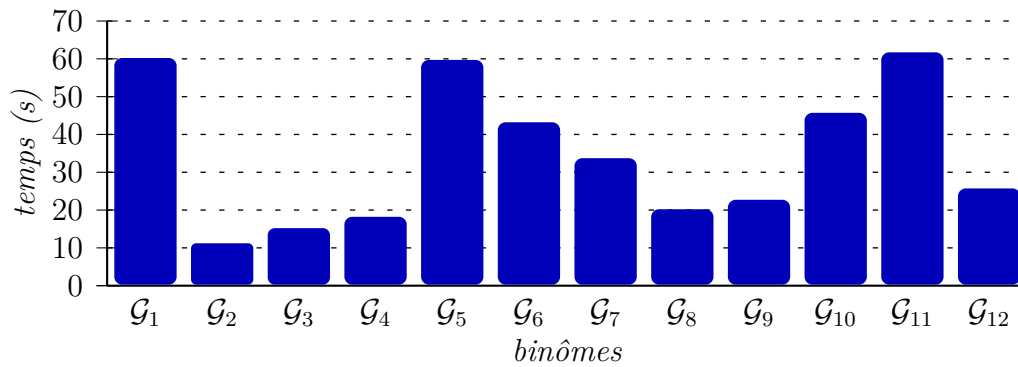


Figure 3.10 – Temps de communication verbale entre les sujets pour chaque binôme

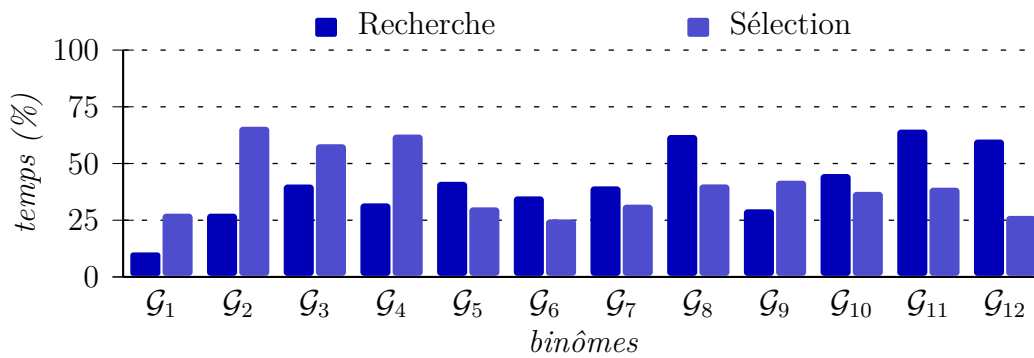


Figure 3.11 – Pourcentage de temps de communication verbale pendant la recherche et la sélection entre les sujets pour chaque binôme

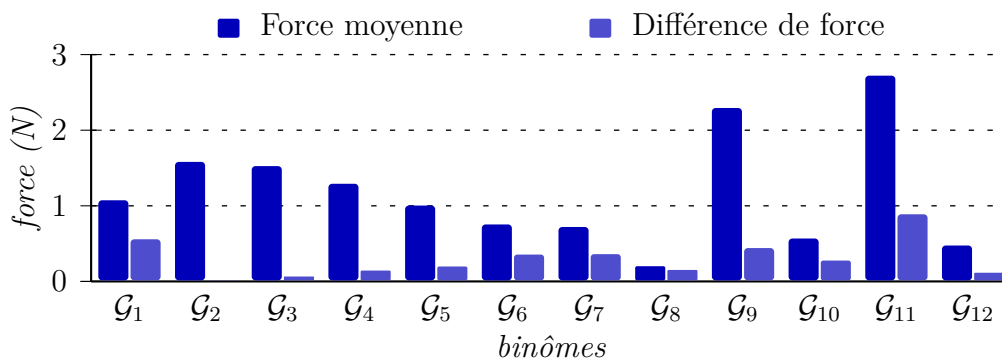


Figure 3.12 – Force moyenne et différence de force entre les sujets pour chaque binôme

sujets \mathcal{V}_{d5} et la différence de force entre les sujets. La différence de force est la différence entre les forces moyennes de chaque sujet. \mathcal{G}_9 et \mathcal{G}_{11} apporte un effort moyen très important par rapport aux autres binômes. \mathcal{G}_2 , \mathcal{G}_3 et \mathcal{G}_4 apporte un effort moyen important également tout en ayant une différence de force quasiment nulle entre les deux membres du binôme.

L'ensemble des résultats et analyses précédentes permet de différencier les binômes ce qui confirme notre hypothèse \mathcal{H}_2 . Les binômes se différencient pas des stratégies de travail variables. Les sections suivantes caractérisent les différentes stratégies de travail en fonction de plusieurs paramètres (distance entre les espaces de travail, affinités, temps de réalisation de la tâche, communication verbale, forces moyennes appliquées). Trois stratégies sont décrites, distinguées en fonction des distances entre les espaces de travail.

Collaboration en champ proche pour les distances inférieures à 8 mm ;

Collaboration en champ voisin pour les distances comprises entre 8 mm et 14 mm ;

Collaboration en champ distant pour les distances supérieures à 14 mm.

Les mesures de distances sont données dans le référentiel du monde réel.

Collaboration en champ proche

Caractéristiques La collaboration en champ proche, inférieures à 8 mm, correspond, dans l'environnement virtuel, à des distances inférieures à 10 Å ce qui est environ l'envergure d'un résidu⁴. 8 binômes sur 12 sont concernés par cette catégorie (binômes \mathcal{G}_5 , \mathcal{G}_6 , \mathcal{G}_7 , \mathcal{G}_8 , \mathcal{G}_9 , \mathcal{G}_{10} , \mathcal{G}_{11} et \mathcal{G}_{12}). Étant donné la distance inférieure à 10 Å, les binômes concernés manipulent en collaboration étroite sur les mêmes résidus. Ces binômes se caractérisent par une forte affinité ($\mu = 4$) : ce sont des collègues ou des amis (voir figure 3.8 page 70). D'après la figure 3.9 page 70, ces binômes obtiennent des temps de réalisation de la tâche moyens.

Partage de la tâche La figure 3.12 page précédente montre de fortes disparités entre les binômes concernant la force moyenne appliquée pendant la manipulation. Des observations pendant l'expérimentation ont permis d'identifier deux stratégies adoptées par les sujets : « par contrôle » où les deux sujets effectuent la même action pour obtenir un meilleur contrôle sur les structures manipulées ; « par guidage » où un des deux sujets indique à son partenaire la déformation à effectuer ou la position à atteindre. Le partage

4. « Å » désigne l'Ångström qui est une unité de mesure telle que $1 \text{ Å} = 10^{-10} \text{ m}$

des tâches est donc très différent selon les initiatives de chacun des sujets. Cependant, les binômes se distribuent mal la charge de travail comme le montre les différences importantes entre les forces appliquées par les deux sujets (voir figure 3.12 page 71). En effet, seul un des deux sujets réalise une grande partie de la tâche à réaliser. Le second sujet joue plutôt le rôle du suiveur.

Communication Les temps de communication verbale sur la figure 3.11 page 71 montrent une disparité entre les sujets. Les binômes passent plus de temps à communiquer pendant la phase de recherche que pendant la phase de sélection (excepté pour \mathcal{G}_9) ce qui met en évidence les difficultés du travail en champ proche liées aux nombreux conflits de coordination pendant la phase de recherche. En effet, les binômes doivent coordonner leurs mouvements de manipulation pour déplacer un résidu et cette coordination nécessite une communication verbale importante. La collaboration est alors étroitement couplée mais il en résulte une perte de temps à cause du temps alloué à la communication. D'ailleurs, l'analyse des communications verbales a permis de mettre en évidence de nombreuses incompréhensions dans l'inter-référencement (« Pas dans cette direction », « Pas ici mais ici », « C'est juste derrière », *etc.*). En effet, la grande complexité des tâches ainsi qu'une conscience incomplète de l'environnement et de l'état de son partenaire provoque des inter-référencements imprécis entraînant une mauvaise coordination. Ces conflits de coordination et ces incompréhensions diminuent les performances globales du binôme.

Collaboration en champ voisin

Caractéristiques La collaboration en champ voisin, comprises entre 8 mm et 14 mm, correspond, dans l'environnement virtuel, à des distances de l'ordre de résidus voisins (entre 10 Å et 20 Å). 3 binômes sur 12 se trouvent dans cette catégorie (binômes \mathcal{G}_2 , \mathcal{G}_3 et \mathcal{G}_4). Ces binômes travaillent en collaboration relativement étroite sur des résidus voisins. La figure 3.13 page suivante montre la dépendance physique ou structurelle entre les résidus voisins. En effet, les résidus interagissent entre eux à travers diverses forces physiques : plus les distances sont courtes, plus les contraintes physiques sont fortes. La figure 3.8 page 70 montre que les binômes concernés ont des affinités moyennes ($\mu = 3$) : ce sont des collègues de bureau ou d'équipe ne travaillant pas forcément sur les mêmes projets. Ces binômes obtiennent de très bonnes performances sur les temps de réalisation de la tâche figure 3.9 page 70.



Figure 3.13 – Couplage physique et structure entre les résidus

Partage de la tâche La figure 3.12 page 71 illustre une bonne répartition des efforts entre les deux membres du binôme. En effet, la force moyenne est assez élevée par rapport à la plupart des autres binômes ce qui montre qu’aucun des deux sujets n’est moins actif (ce qui entraînerait une force moyenne moins élevée). La différence des forces moyennes quasi-nulle entre les deux sujets confirme ce résultat. Ceci s’explique par une bonne coordination entre les sujets pendant laquelle les deux membres du binôme vont effectuer des actions complémentaires mais de même intensité. La stratégie adoptée peut être définie comme une stratégie *par manipulation complémentaire* : les deux sujets sont attentifs aux actions de leur partenaire afin d’avoir un meilleur contrôle du processus de déformation par une coordination améliorée.

Communication La communication verbale est faible comme le montre la figure 3.10 page 71. La manipulation en champ voisin permet d’être continuellement conscient des actions du partenaire (grâce à la vision périphérique) ce qui limite les communications verbales. Cependant, les sujets manipulent des résidus différents restreignant ainsi les conflits de coordination par rapport à la collaboration en champ proche. De plus, la figure 3.11 page 71 montre un nombre de conflits de coordination plus faible pendant la phase de recherche. En effet, la communication verbale est nettement moins importante pendant la phase de recherche que pendant la phase de sélection. L’analyse des communication verbales met en évidence des phases de communication de coordination (« Maintenant, prends ça », « peux-tu m’aider ici? », « Bien! », *etc.*). Les performances des binômes travaillant en champ voisin sont relativement élevées bien que quelques conflits de coordination similaires à ceux rencontrés dans une collaboration en champ proche soient présents. Cependant, le nombre de conflits de coordination est plus limité.

Collaboration en champ distant

Caractéristiques La collaboration en champ voisin, supérieures à 14 mm, correspond, dans l'environnement virtuel, à des résidus sans interaction physique (supérieur à 20 Å). 1 binôme sur 12 est concerné par cette catégorie (binôme \mathcal{G}_1). Ce binôme travaille de façon faiblement couplée. En effet, les membres de ce binôme travaillent de façon complètement indépendante, en limitant au maximum le nombre d'interactions. Les affinités des membres de ce binôme sont très faibles (voir figure 3.8 page 70) : les membres ne se connaissent presque pas. Le binôme obtient de très mauvaises performances en ce qui concerne le temps de réalisation de la tâche comme le montre la figure 3.9 page 70.

Partage de la tâche La figure 3.12 page 71 montre un effort moyen appliqué par les binômes peu élevé (comparé aux stratégies de collaboration en champ voisin). De plus, les forces moyennes appliquées par chacun des deux sujets sont très inégales. Il y a une mauvaise répartition de la charge de travail au sein du binôme.

Communication La figure 3.10 page 71 montre que le temps de communication verbale est assez important. Cependant, le temps de réalisation étant nettement plus important, le taux de communication verbale est beaucoup plus faible que les autres binômes (voir figure 3.11 page 71). En effet, les membres du binôme travaillent à distance et ont peu d'interactions entre eux. Le peu d'interaction permet de limiter le nombre de conflits de coordination ce qui implique le peu de communication verbale comme on peut le voir sur la figure 3.11 page 71. Cette figure montre également que ce binôme communique plus dans les phases de sélection que dans les phases de recherche. En effet, les phases de sélection forcent une collaboration étroite (spécificité de la tâche proposée) et favorisent les conflits de coordination. Cependant, les phases de recherche permettent aux sujets de manipuler de manière distante. Ainsi, ils se définissent leur propre espace de travail mais également leur propre stratégie en fonction des événements locaux à leur espace de travail. Pourtant, la phase de sélection nécessite une collaboration étroite et si les stratégies sont différentes, il en résulte de mauvaises performances dû au temps important pour se coordonner à nouveau.

Synthèse des stratégies de travail

Les binômes sont susceptibles d'adopter une des trois stratégies de travail vues dans les sections précédentes. Pour certaines, les interactions en champ distants semblent convenir mais au détriment des performances : la collaboration est quasiment inexistante. D'autres binômes interagissent en champ proches et obtiennent des performances moyennes : la collaboration est étroitement couplée mais souffre des nombreux conflits de coordination.

Cependant, ce sont les interactions en champ voisins qui produisent les meilleures performances. En effet, les conflits de coordination sont plus limités que pour des interactions en champ proche mais la collaboration est tout de même couplée. Les résultats montrent à la fois de bonnes performances en terme de temps de réalisation mais aussi en terme de répartition des charges de travail tout en limitant les communication verbales. La plupart du temps, les communications verbales sont destinées à la résolution de conflits de coordination : elles sont très chronophages et peuvent être évitées. C'est pour cette raison que nous proposerons des outils haptiques pour améliorer cette gestion des conflits de coordination (voir chapitre 6 page 133).

3.4.3 Résultats qualitatifs

Les résultats qualitatifs sont constitués de deux parties. La première permet de déterminer les impressions des sujets concernant la collaboration, les rôles et efficacité de chacun pendant la tâche. La seconde partie a pour but d'évaluer la plateforme⁵.

Évaluation du travail en collaboration

Les résultats du questionnaire montre qu'une majorité des sujets de cette expérimentation ont apprécié et préféré la réalisation de la tâche en configuration collaborative ($\mu = 3.6$, $\sigma = 0.5$). De plus, le sentiment d'effectuer une tâche en collaboration est fort. L'hypothèse \mathcal{H}_3 est confirmée par les sujets qui préfèrent le travail en collaboration que le travail en monôme.

Durant les tâches collaboratives, les sujets considèrent qu'ils ont effectivement contribué à la réalisation de la tâche ($\mu = 3.1$, $\sigma = 0.9$). Cependant, les sujets considèrent qu'ils ne se sont imposés ni en meneur ou ni en suiveur ($\mu = 2$,

5. L'échelle de notation est comprise entre 1 et 5 mais les moyennes ont été normalisées entre 0 et 4.

$\sigma = 0.5$). En effet, des questions supplémentaires ont permis de mettre en évidence que chaque sujet a tendance à surestimer le rôle du partenaire ($\approx 70\%$).

Concernant la communication, les participants estiment qu'ils exploitent principalement la communication verbale ($\mu = 3.5$, $\sigma = 0.6$) et, dans une proportion plus faible mais tout de même importante, virtuelle ($\mu = 2.5$, $\sigma = 0.8$). En ce qui concerne la communication gestuelle, ils la considèrent quasiment inexistante ($\mu = 0.5$, $\sigma = 1$).

La communication gestuelle n'est pas ou peu utilisée. La principale raison est la difficulté de communiquer avec des gestes lorsque les mains sont occupées par la manipulation. Les sujets ont rapidement adopté la désignation virtuelle qui est plus précise et plus adaptée dans les phases de désignation qui constituent la plupart des besoins de communication. La communication verbale reste le principal moyen de communication : c'est la manière la plus naturelle de communiquer. Cependant, il vient aussi en soutien de la désignation virtuelle. En effet, aucun outil visuel ou haptique n'a été fourni pour effectuer des désignations et le curseur ne suffit pas toujours à remplir cette mission.

Évaluation du système

L'évaluation du système en terme d'utilisabilité est relativement satisfaisante. En effet, en ce qui concerne les graphismes et les effets visuels, les participants les ont trouvés accessibles ($\mu = 2.8$, $\sigma = 0.8$). De la même façon, l'utilisabilité des moyens d'interaction avec le système sont bien notés ($\mu = 2.9$, $\sigma = 0.8$). En terme de confort d'utilisation, les effets visuels ($\mu = 2.7$, $\sigma = 0.7$) et les interactions ($\mu = 2.7$, $\sigma = 0.8$) sont bien évalués également.

Là encore, les résultats permettent de valider l'hypothèse \mathcal{H}_4 . La plateforme est relativement bien évaluée. Il semble cependant nécessaire d'apporter encore des améliorations afin de répondre au mieux aux attentes des utilisateurs.

Ces résultats sont cependant à nuancer. Les écart-types sont relativement élevés ce qui veut dire qu'il y a de fortes disparités dans ces notations entre les différents sujets : certains sujets se sont déclarés plutôt insatisfaits concernant le confort (visuel : 2, interaction : 2). De plus, les outils proposés pendant cette expérimentation sont relativement simples et peu envahissants. Des outils plus complexes, plus informatifs seraient peut-être moins intuitifs au premier abord et pourrait mener à un inconfort.

3.5 Conclusion

3.5.1 Résumé des résultats

Dans ce chapitre, nous avons observé et comparé les performances de monômes et de binômes pendant une tâche d’exploration et de sélection sur une simulation moléculaire en temps-réel. L’objectif était de montrer l’intérêt de la distribution des charges de travail pour l’amélioration des performances puis d’identifier les différentes stratégies de travail. De plus, il fallait valider la pertinence de la plateforme mise en place.

Les approches collaboratives ont prouvé leur intérêt, notamment sur les tâches les plus complexes. Cependant, la complexité d’une tâche est relativement difficile à établir. Au-delà des facteurs de position, de couleur ou de forme, le nombre d’atomes de la molécule (et donc le nombre de résidus) semble jouer un rôle important dans cette complexité. Un grand nombre d’atomes surcharge l’environnement virtuel qui est difficile à appréhender. Un deuxième facteur de complexité constaté durant l’expérimentation, est l’amplitude des contraintes physiques de la molécule. Certaines parties de la molécule sont dans un état de stabilité suffisamment dense pour qu’il soit difficile d’en déformer les résidus.

En observant et en analysant les différentes stratégies de travail, il ressort que les interactions en champ proche et les interactions en champ distant ne sont pas des stratégies très efficaces. En effet, le nombre de conflits de coordination durant les interactions en champ proche est trop important alors que le potentiel de la collaboration est perdu dans les interactions en champ distant. Ce sont les interactions en champ voisin qui offrent les meilleures performances, générant un bon compromis en terme de communication et de gestion des conflits de coordination.

Enfin, les relations sociales entre les différents membres du binôme tiennent une place importante. Les résultats montrent que tout déséquilibre dans le binôme mène à des performances dégradées ce qui rejoint les conclusions de WOOLLEY *et al.* [2010].

3.5.2 Synthèse et perspectives

Basés sur les résultats précédents, certaines perspectives assez évidentes s’imposent et ont guidé les expérimentations qui suivent. Tout d’abord, pour observer en détail le travail collaboratif et ses avantages, il semble nécessaire de proposer des tâches suffisamment complexes ; soit des tâches à fortes zones

de contraintes (voir chapitre 4 page 81) ; soit la manipulation de molécules de taille importante (voir chapitre 5 page 111).

Les différentes stratégies observées ont permis de mettre en évidence l'intérêt de la collaboration en champ voisin. Il semble nécessaire de favoriser ce type de collaboration par des tâches stimulantes et des outils d'interaction adaptés.

L'évaluation qualitative par questionnaire apporte également de nombreuses réponses intéressantes. Tout d'abord, les sujets ont mis en avant la communication visuelle dans l'EVC au détriment de la communication gestuelle. Des observations durant les phases expérimentales nous ont permis de constater que ce moyen de communication est principalement utilisé pour effectuer des désignations. Proposer des outils adaptés aux contraintes de la désignation en environnement complexe semble être une réponse pertinente.

Enfin, ces évaluations qualitatives ont permis de confirmer une utilisabilité acceptable de l'EVC Shaddock. Des améliorations sont cependant nécessaires en ce qui concerne le rendu visuel et les interactions. De nombreux sujets ont par exemple demandé une mise en surbrillance du résidu survolé avec le curseur. Une assistance haptique pour la sélection (en percevant les cibles de manière haptique) est également une des améliorations possibles.

Déformation collaborative de molécule

Sommaire

4.1	Introduction	82
4.2	Déformation collaborative en environnement virtuel	82
4.2.1	Travaux existants	82
4.2.2	Objectifs	83
4.3	Présentation de l'expérimentation	84
4.3.1	Description de la tâche	84
4.3.2	Spécificités du protocole expérimental	87
4.4	Résultats	91
4.4.1	Amélioration des performances en binôme	93
4.4.2	Évolution des performances en fonction de la complexité de la tâche	98
4.4.3	Amélioration de l'apprentissage pour les binômes	102
4.4.4	Résultats qualitatifs	107
4.5	Conclusion	109
4.5.1	Résumé des résultats	109
4.5.2	Synthèse et perspectives	109

4.1 Introduction

La précédente expérimentation nous a permis d'étudier les premières PCVs que sont l'exploration et la sélection. Afin de compléter notre étude, nous souhaitons à présent nous intéresser au processus de déformation. En effet, la déformation est une tâche permettant de stimuler les actions coordonnées pour une collaboration étroitement couplée. Actuellement, des environnements virtuels existent pour manipuler des molécules rigides pour effectuer un *docking* moléculaire comme les travaux de LEVINE *et al.* [1997] ou encore de FÉREY *et al.* [2008]. Cependant, afin d'effectuer un *docking* moléculaire avancé, il est nécessaire de pouvoir déformer la molécule. Ceci est rendu possible par l'avènement des simulations moléculaires interactives en temps-réel, notamment avec IMD développé par STADLER *et al.* [1997] ou encore ROSSI *et al.* [2007]. Plus récemment, DELALANDE *et al.* [2009] ont également amené une pierre à l'édifice avec MDDriver pour permettre une simulation moléculaire en temps-réel basée sur différents moteurs de simulation (NAMD ou Gromacs). Puis, DELALANDE *et al.* [2010] améliorent la manipulation et la déformation interactive par l'utilisation d'une interface haptique.

Dans ce chapitre, nous souhaitons étudier la pertinence d'une configuration collaborative pour appréhender la déformation d'une molécule. De plus, nous aborderons la question de l'apprentissage au sein d'un binôme. En effet, certains éléments de la première expérimentation semble indiquer qu'une configuration collaborative stimule l'apprentissage, que ce soit pour l'utilisation des outils, de la plateforme ou encore pour la tâche à réaliser.

4.2 Déformation collaborative en environnement virtuel

4.2.1 Travaux existants

L'utilisation de retours haptiques pour la déformation d'objets flexibles n'est pas une idée nouvelle. Par exemple, W. SHEN *et al.* [2006] proposent une solution pour déformer des objets non-rigides à l'aide de retour haptique. Les objets concernés sont de faible complexité, comme des sphères par exemple. Puis, les travaux de thèse PETERLÍK [2009] abordent les déformations de tissus cellulaires. Là encore, les tâches proposées sont de faible complexité et n'ont pas d'application concrète.

Cependant, afin d'effectuer des déformations complexes, certains chercheurs se sont intéressés aux processus de déformation collaboratifs dans les EVCS. SÜMENGEN *et al.* [2007] proposent une plateforme permettant la déformation de maillages destinés à des simulations d'objets déformables (tissus, organes, *etc.*) dans un EVC ; la simulation de l'objet déformable est partitionnée en fonction des zones de travail des différents utilisateurs. De son côté, TANG *et al.* [2010] proposent une plateforme client/serveur de déformation collaborative de maillages. La présentation de ces deux plateformes de collaboration distante se focalisent principalement sur les contraintes techniques sans aborder les contraintes de la collaboration. J. MÜLLER *et al.* [2006] développent le logiciel Clayworks, complété plus tard par GORLATCH *et al.* [2009], permettant la sculpture virtuelle sur glaise. Dans cette étude, les problématiques d'accès exclusif à certains objets ou à certaines parties d'un objet sont brièvement évoquées afin de faciliter la coordination des différents acteurs.

Tous les travaux présentés ci-dessus proposent une déformation collaborative distante où chaque utilisateur effectue une déformation dans une région restreinte où lui seul peut agir. De cette manière, les contraintes liées à la collaboration entre les acteurs sont en grande partie évitées. Pour cette raison, ce sont principalement les contraintes techniques de la collaboration qui sont abordées mais ni les conflits entre utilisateurs, ni les aspects de communication ne sont évoqués.

4.2.2 Objectifs

Ce chapitre nous permettra d'aborder les problématiques de déformation collaborative. La déformation d'une molécule nécessite de positionner certains éléments de manière précise. Cette tâche nécessite plus de précision que l'exploration et la sélection car les cibles doivent être déplacées vers un endroit défini. Nous souhaitons comparer les performances sur une tâche nécessitant de la coordination pour les étapes de déformation.

L'étude met en jeu un nombre de ressources fixe pour la tâche de déformation pour comparer une distribution des ressources (configuration monomanuelle en binôme) à une mutualisation des ressources (configuration bimanuelle en monôme). En effet, la première étude nous a permis de mettre en avant les contraintes d'une configuration collaborative en terme de temps de communication. Paradoxalement, les utilisateurs qui manipulent seuls sont confrontés à une charge de travail importante. En fournissant un nombre de ressources fixe (deux outils de déformation), nous souhaitons comparer la capacité de coordination d'un binôme, aux capacités de traitement d'un monôme face à

une importante charge de travail. Dans notre hypothèse, nous pensons que les binômes en configuration monomanuelle sont plus performants que les monômes en configuration bimanuelle.

Dans un second temps, nous souhaitons définir un lien entre la complexité de la tâche et le nombre de sujets impliqués. En effet, les tâches complexes fournissent une charge de travail très importante ; plus cette charge de travail est importante et plus les monômes devraient éprouver des difficultés à traiter l'ensemble de cette charge. Nous émettons l'hypothèse que les tâches les plus complexes, représentant la plus grande charge de travail, obtiendront de meilleures performances avec la configuration collaborative.

Enfin, cette seconde étude va nous permettre d'observer l'effet du travail collaboratif sur l'apprentissage. Nous comparons les performances des monômes et des binômes concernant la réalisation d'une même tâche répétée plusieurs fois. Nous supposons que la facilitation sociale (voir section 1.3.2 page 20) et la communication qui a lieu lors d'un travail collaboratif va permettre aux binômes d'appréhender plus rapidement la plateforme, les outils ou encore la tâche.

4.3 Présentation de l'expérimentation

4.3.1 Description de la tâche

La tâche proposée est la déformation de molécules complexes dans un EVC. L'objectif est de modifier la conformation initiale d'une molécule pour atteindre une conformation stable, une tâche relativement proche du *docking* moléculaire.

Trois molécules sont utilisées dans le cadre de cette expérimentation. Prion est une molécule très complexe et sera simplement utilisé dans la phase d'entraînement. TRP-ZIPPER et TRP-CAGE seront chacune utilisée dans deux scénarios distincts. Ces molécules sont détaillées dans la section A.2.1 page 205.

Afin de pouvoir évaluer la déformation effectuée, un score est affiché en temps-réel en haut de l'écran (voir figure 4.1 page suivante). Le score affiché est le RMSD (voir équation 4.1) qui mesure l'écart géométrique entre deux conformations d'une même molécule.

$$\text{RMSD}(\mathbf{c}, \mathbf{m}) = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|c_i - m_i\|^2} \quad (4.1)$$

où N est le nombre total d'atomes et c_i, m_i sont respectivement les atomes i de la molécule à comparer \mathbf{c} et de la molécule modèle \mathbf{m} .

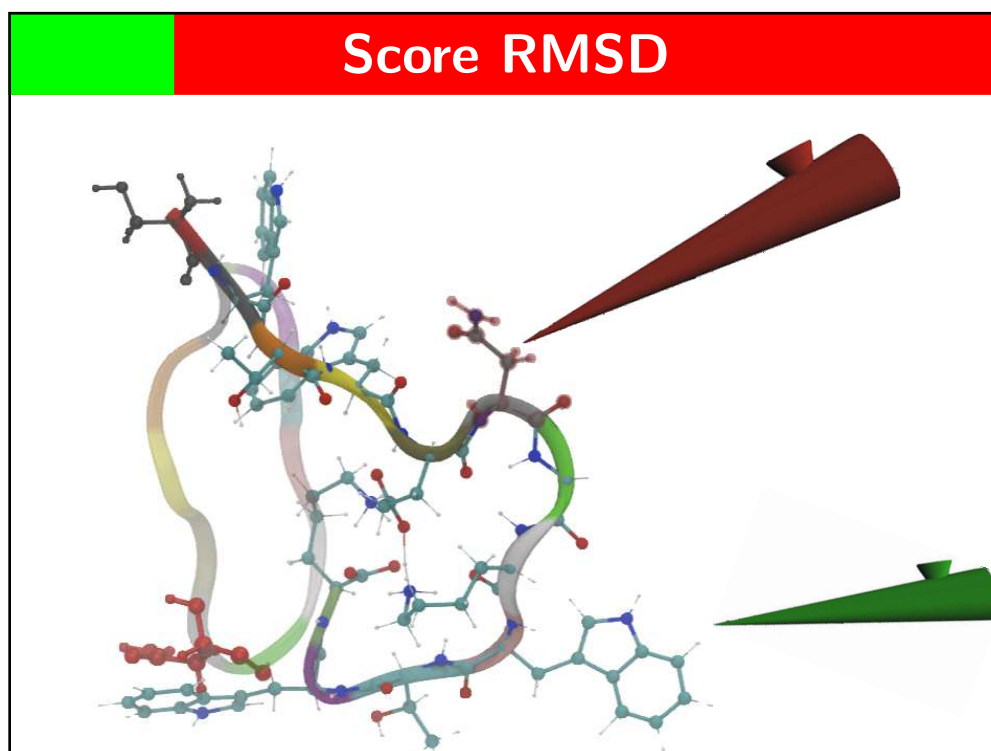


Figure 4.1 – Affichage de la molécule à déformer et de la molécule cible

Les scénarios se distinguent par différents critères de complexité :

Niveau de déformation Deux niveaux de déformation sont proposés : inter-moléculaire et intra-moléculaire (voir section 1.2.2 page 6) ;

Nombre d'atomes C'est le nombre total d'atomes que contient la molécule à manipuler ;

Résidu libre C'est le nombre de résidus de la molécules non fixés dans la simulation qui sont déformables ;

Cassure Elles représentent les jointures entre les structures secondaires, formant des courbures prononcées difficiles à maintenir en place ;

Champ de force C'est l'intensité des forces dans les zones de déformation ; il exprime l'énergie minimum nécessaire à déployer pour atteindre l'objectif et se traduit par trois niveaux (*faible, moyen et fort*).

Basé sur ces définitions, quatre scénarios sont proposés dont les critères de complexité sont résumés dans la table 4.1 page 87 :

Scénario 1A Cette tâche concerne la manipulation de la molécule TRP-ZIPPER à l'échelle inter-moléculaire. Un résidu à l'extrémité de la chaîne carbonée¹ est fixé afin d'*ancrer* la molécule dans la scène virtuelle et éviter que la molécule sorte du champ de vision. Les onze autres résidus de cette molécule sont libres de mouvement ce qui en fait une molécule assez flexible avec un champ de force à contrainte moyenne. La forme général de la molécule peut être comparée à un **V** : la chaîne de résidus de la molécule contient une cassure. La difficulté de ce scénario réside dans la nécessité de maintenir les résidus déjà placés pendant que le reste de la molécule est déformée.

Scénario 1B Cette tâche concerne la manipulation de la molécule TRP-CAGE à l'échelle inter-moléculaire. Comme le scénario 1A, elle contient un résidu fixe à une extrémité. Les dix-neuf autres résidus sont libres de mouvement ce qui en fait une molécule assez flexible avec un champ de force moyennement contraint. La forme général de la molécule peut être comparée à un **W** : la chaîne de résidus de la molécule contient deux cassures. Ce scénario est plus difficile que le scénario 1A car le nombre d'atomes à placer est plus élevé et qu'il est nécessaire de maintenir en place deux cassures.

Scénario 2A Cette tâche concerne la manipulation de la molécule TRP-ZIPPER à l'échelle intra-moléculaire. Seulement trois résidus sont laissés libres et les autres résidus sont fixés. Le champ de force au sein de la zone de déformation pour cette molécule est très faible et aucune cassure n'est à former. Cependant, la difficulté de ce scénario réside dans la précision de la déformation nécessaire. En effet, plutôt que de modifier la position des résidus, ce scénario nécessite la modification de l'orientation d'un résidu avec une précision accrue dans la sélection et la déformation des atomes.

Scénario 2B Cette tâche concerne la manipulation de la molécule TRP-CAGE à l'échelle intra-moléculaire. Seulement six résidus sont laissés libres et les autres résidus sont fixés. Le champ de force au sein de la zone de déformation est très important et l'énergie qu'il est nécessaire de déployer est importante. Cette déformation ne peut être réalisée qu'avec la manipulation simultanée et coordonnée de deux résidus afin de recréer la cassure.

1. La molécule forme une chaîne carbonée; il s'agit ici d'une des extrémités de cette chaîne carbonée.

Table 4.1 – Paramètres de complexité des tâches

Scénario	1A	1B	2A	2B
Niveau de déformation	inter	inter	intra	intra
Nombre d'atomes	218	304	218	304
Résidus libres	11	19	3	7
Cassure	1	2	0	1
Champ de force	Moyen	Moyen	Faible	Fort

4.3.2 Spécificités du protocole expérimental

L'expérimentation, basée sur le dispositif expérimental présenté dans le chapitre A page 203, a subi quelques modifications qui seront détaillées dans les sections suivantes. Un résumé de la méthode expérimentale se trouve dans la table 4.2 page 92 qu'on pourra retrouver de manière détaillée dans la section B.2 page 213.

Matériel utilisé

Pour cette seconde expérimentation, une unique modification a été effectuée par rapport à la plateforme de base présentée dans la section A.1 page 204. L'outil *grab* qui était assuré par un PHANTOM Omni® et permettant d'orienter la molécule a été remplacé par une souris 3D SpaceNavigator®. Cette souris ne nécessite pas d'ordinateur supplémentaire et peut être connectée directement à la machine principale sur laquelle VMD est exécuté. Elle est placée sur la table entre les deux sujets et chaque sujet peut l'utiliser comme il le souhaite : nous créons ainsi artificiellement un point de conflit pour l'accès à cet outil. L'objectif est de stimuler les interactions.

Les figure 4.2 page suivante et figure 4.3 page suivante illustrent par un schéma et une photographie le dispositif expérimental.

Visualisation et représentation

Dans cette seconde expérimentation, quatre scénarios sont proposés et présentés dans la section 4.3.1 page 84. Les rendus graphiques de base sont utilisés pour afficher les molécules correspondantes (voir section A.2.2 page 205).

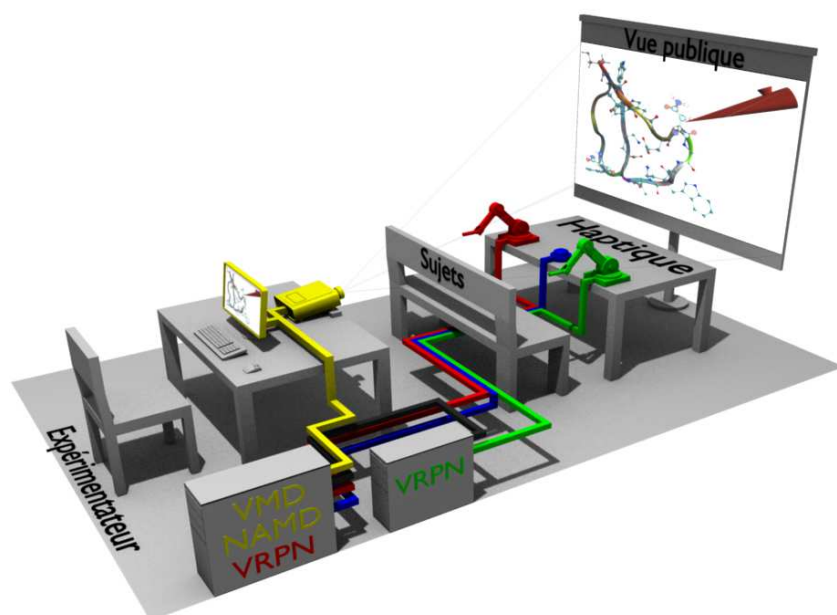


Figure 4.2 – Schéma du dispositif expérimental

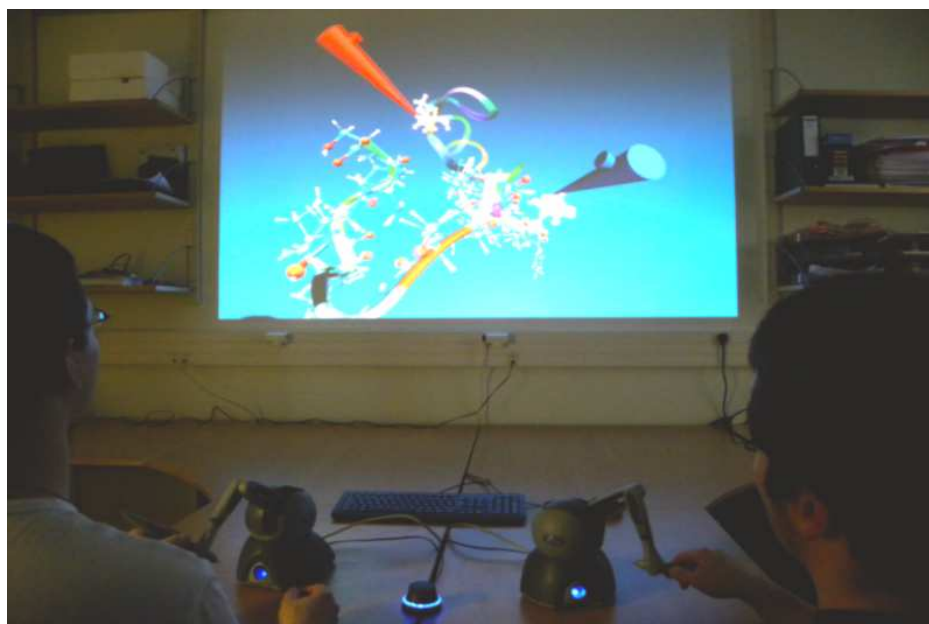


Figure 4.3 – Photographie du dispositif expérimental

Cependant, les sujets doivent également avoir accès aux informations concernant l'objectif : la molécule dans son état stable. Cette molécule est affichée avec un rendu *NewRibbon* transparent et les atomes ne sont pas affichés. Cet affichage très synthétique permet de ne pas surcharger la scène. La figure 4.4, la figure 4.5 page suivante, la figure 4.6 page suivante et la figure 4.7 page 91 représentent respectivement les scénarios 1A, 1B, 2A et 2B tels qu'ils sont affichés pour la réalisation de la tâche.

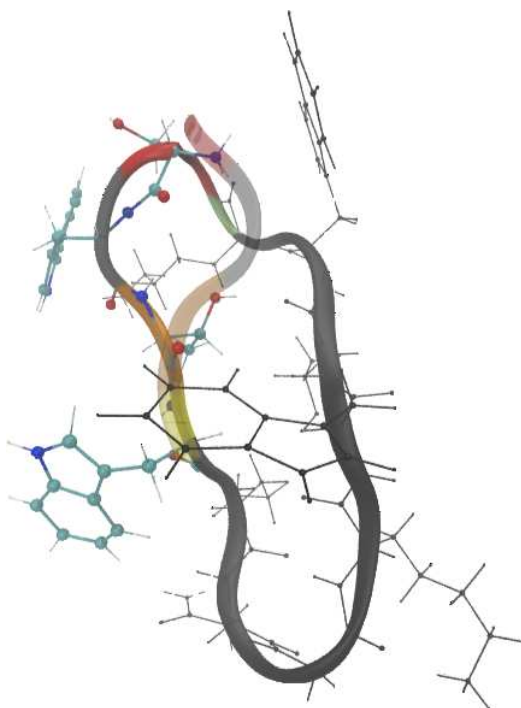


Figure 4.4 – Représentation de la molécule TRP-ZIPPER pour le scénario 1A

Pour finir, afin d'aider les sujets à trouver l'emplacement final du résidu sélectionné, un affichage du résidu correspondant est effectué sur la molécule stable. Ce résidu est représenté par un rendu CPK coloré de la couleur du curseur du sujet concerné comme on peut le voir sur la figure 4.8 page 93.

Outils de manipulation

Suite à la première expérimentation, nous avons remis en cause la présence de l'outil d'orientation de la molécule. En effet, bien que nécessaire dans certains cas, certains sujets n'ont pas réussi à s'approprier rapidement l'outil *grab*.

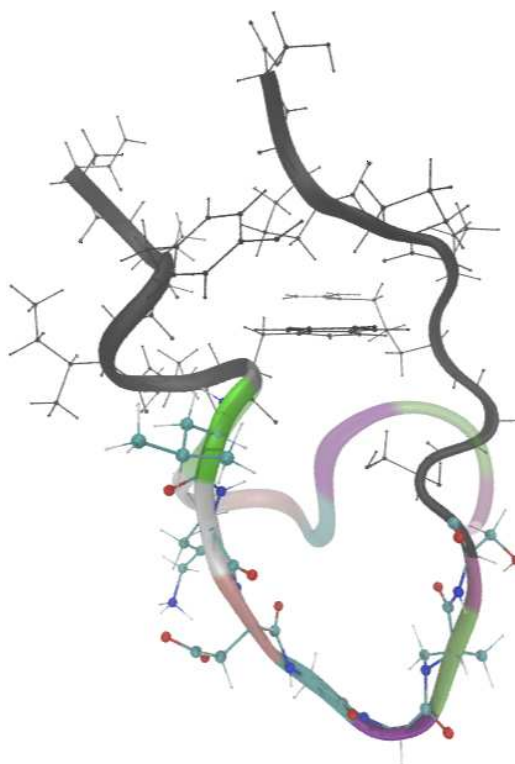


Figure 4.5 – Représentation de la molécule TRP-CAGE pour le scénario 1B

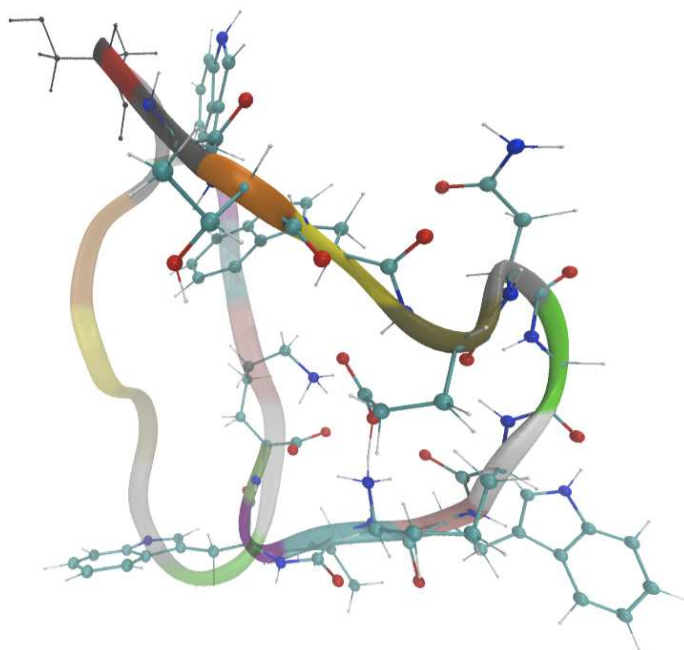


Figure 4.6 – Représentation de la molécule TRP-ZIPPER pour le scénario 2A

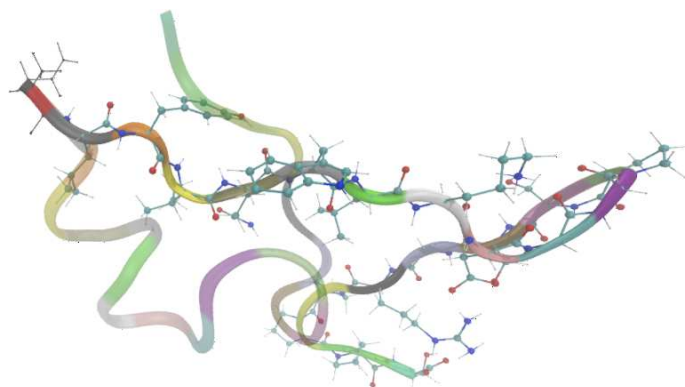


Figure 4.7 – Représentation de la molécule TRP-CAGE pour le scénario 2B

Un bio-informaticien nous a suggéré l'utilisation d'une souris 3D, outil plus approprié pour l'orientation d'une molécule. En effet, les contraintes mécaniques de l'interface haptique provoquait une problématique d'interaction connue sous le nom de débrayage [DOMINJON 2006]. La souris 3D ne souffre pas d'une telle contrainte mécanique.

Cet outil permettant de différencier facilement les translations et les rotations, nous avons choisi de ne conserver que les DDLs en rotation. Cela évite que les sujets puisse sortir la molécule de l'écran tout en conservant la possibilité de l'observer sous tous les points de vue.

Les binômes étant dans une configuration monomanuelle, ils peuvent accéder à l'outil d'orientation de la molécule sans relâcher l'outil de déformation ; ce n'est pas le cas des monômes en configuration bimanuelle. Afin de compenser ce désavantage et de conserver une équité entre les monômes et les binômes, une déformation ne peut pas être effectuée lorsque l'outil d'orientation est utilisé ; toutes les sélections en cours sont désactivées.

4.4 Résultats

Cette section présente et analyse l'ensemble des mesures expérimentales de cette seconde étude concernant la déformation de molécules complexes en configuration collaborative. Les données, confrontées à un test de SHAPIRO et WILK [1965], ne sont pas distribuées selon une loi normale. Cependant, un test de BROWN et FORSYTHE [1974] permet de confirmer l'homoscedasticité. L'analyse de la variance est alors pratiquée avec différents tests statistiques suivant les cas :

- test de FRIEDMAN [1940] pour les variables intra-sujets non-paramétriques ;

Table 4.2 – Synthèse de la procédure expérimentale

Tâche	Déformation d'une molécule		
Hypothèses	\mathcal{H}_1 Amélioration des performances en binôme \mathcal{H}_2 binômes plus performants sur les tâches complexes \mathcal{H}_3 Apprentissage plus performant en binôme \mathcal{H}_4 Les sujets préfèrent le travail en collaboration		
Variables indépendantes	\mathcal{V}_{i1} Nombre de sujets \mathcal{V}_{i2} Complexité de la tâche \mathcal{V}_{i3} Niveau d'apprentissage		
Variables dépendantes	\mathcal{V}_{d1} Temps de réalisation \mathcal{V}_{d2} Nombre de sélections \mathcal{V}_{d3} Distance passive entre les espaces de travail \mathcal{V}_{d4} Distance active entre les espaces de travail \mathcal{V}_{d5} Vitesse moyenne \mathcal{V}_{d6} Réponses qualitatives		
Conditions $\mathcal{C}_1\text{--}\mathcal{C}_3$	Conditions $\mathcal{C}_4\text{--}\mathcal{C}_6$	Conditions $\mathcal{C}_7\text{--}\mathcal{C}_9$	Conditions $\mathcal{C}_{10}\text{--}\mathcal{C}_{12}$
1 sujet Bimanuel	1 sujet Bimanuel	2 sujets Monomanuel	2 sujets Monomanuel
Scénario 1A	Scénario 1B	Scénario 1A	Scénario 1B
Scénario 1B	Scénario 1A	Scénario 1B	Scénario 1A
Scénario 2A	Scénario 2B	Scénario 2A	Scénario 2B
Scénario 2B	Scénario 2A	Scénario 2B	Scénario 2A

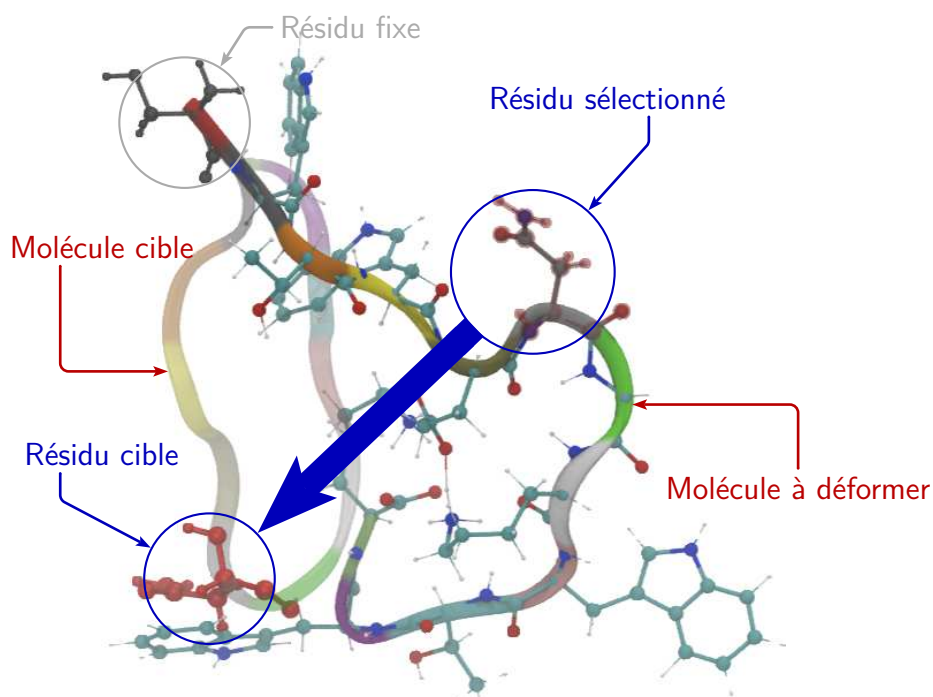


Figure 4.8 – Illustration des rendus pour l'affichage de la molécule

- test de KRUSKAL et WALLIS [1952] pour les variables inter-sujets non-paramétriques.

4.4.1 Amélioration des performances en binôme

Tout d'abord, nous présentons les données accompagnées des analyses statistiques. Puis nous discuterons l'évolution des performances entre les monômes et les binômes pour la réalisation de cette tâche.

Données et statistiques

La figure 4.9 page suivante présente le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre qu'il y a un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} ($\chi^2 = 4.9$, $df = 1$, $p = 0.027$) avec une diminution de -11.7% .

La figure 4.10 page suivante présente la distance passive \mathcal{V}_{d3} et active \mathcal{V}_{d4} entre les effecteurs terminaux en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse

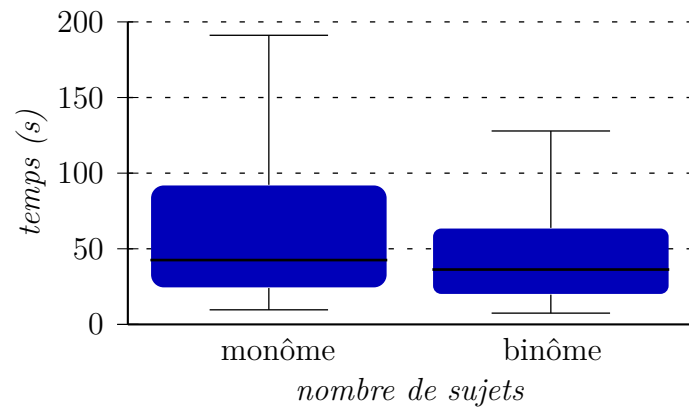


Figure 4.9 – Temps de réalisation en fonction du nombre de sujets

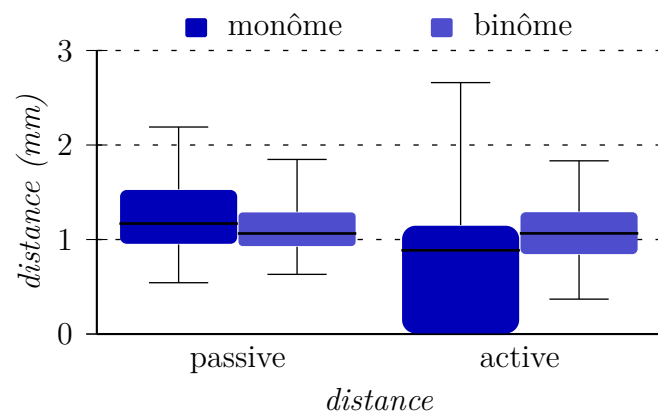


Figure 4.10 – Distance passive et active entre les effecteurs terminaux en fonction du nombre de sujets

montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la distance passive \mathcal{V}_{d3} ($\chi^2 = 2.8$, $df = 1$, $p = 0.092$). Cependant, l'analyse montre qu'il y a un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la distance active \mathcal{V}_{d4} ($\chi^2 = 21.6$, $df = 1$, $p \ll 0.05$); la distance active est supérieure de 37 % pour les binômes.

On peut également comparer les distances passive et active en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre qu'il y a un effet significatif de la nature de la distance (passive ou active) au sein d'un monôme ($\chi^2 = 42.6$, $df = 1$, $p \ll 0.05$); la distance active est inférieure de -36.6 %. Par contre, l'analyse ne montre pas d'effet significatif de la nature de la distance (passive ou active) au sein d'un binôme ($\chi^2 = 2.5$, $df = 1$, $p = 0.114$).

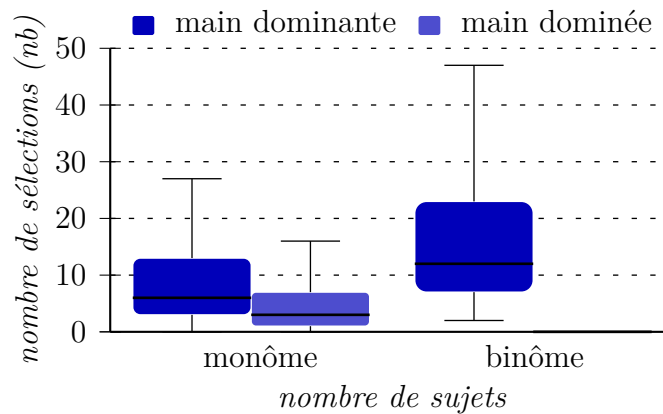


Figure 4.11 – Nombre de sélections par main dominante/dominée en fonction du nombre de sujets

La figure 4.11 présente le nombre de sélections par main dominante/dominée \mathcal{V}_{d2} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . Les binômes n'utilisant que leur main dominante, il n'y a pas de résultat pour la main dominée; le résultat utilisé est donc la somme des sélections par main dominante des membres du binôme. On constate un déséquilibre du nombre de sélections entre la main dominante et la main dominée pour les monômes. En comparant la somme des mains dominée et dominante des monômes avec le nombre de sélections total des binômes, l'analyse montre qu'il y a un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le nombre total de sélections \mathcal{V}_{d2} ($\chi^2 = 6.3$, $df = 1$, $p = 0.012$); le nombre de sélections est supérieur de 37.6 % pour les binômes.

Le nombre de sélections pour la main dominante comptabilise les sélections des deux sujets du binôme contrairement aux monômes : ceci explique le nombre plus élevé de sélections en binômes. Cependant, si on compare le nombre moyen de sélections par sujet seulement pour la main dominante,

l'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le nombre de sélections \mathcal{V}_{d2} ($\chi^2 = 0$, $df = 1$, $p = 0.912$).

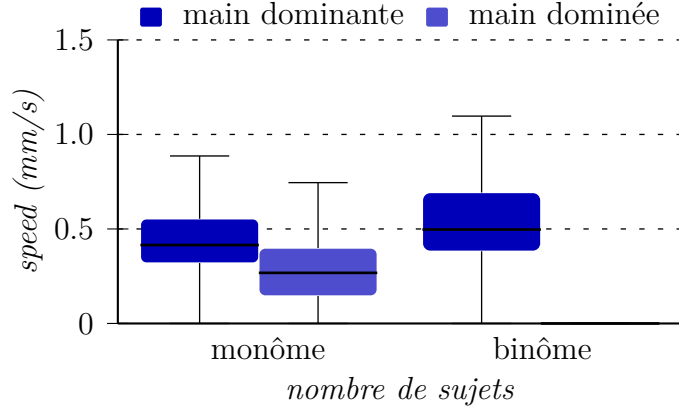


Figure 4.12 – Vitesse moyenne de la main dominante et dominée en fonction du nombre de sujets

La figure 4.12 présente la vitesse moyenne des effecteurs terminaux \mathcal{V}_{d5} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d5} ($\chi^2 = 122.6$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) avec une augmentation de 56.6 %. L'analyse montre un déséquilibre de vitesse entre la main dominante et dominée des monômes avec un effet significatif ($\chi^2 = 51.1$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) ; la vitesse moyenne de la main dominante est supérieure de -40.4 % à celle de la main dominée. L'analyse montre également un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d5} de la main dominante ($\chi^2 = 23$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) ; la vitesse moyenne de la main dominante est supérieure de 25 % chez les binômes.

Analyse et discussion

Le premier résultat sur la figure 4.9 page 94 nous permet de confirmer notre hypothèse \mathcal{H}_1 : les binômes sont plus performants que les monômes. La suite de l'analyse va mettre en avant les paramètres qui amènent un gain de performances ainsi que les scénarios les plus adaptés à la configuration de travail collaborative.

Pour commencer, les distances moyennes entre les effecteurs terminaux nous permettent de constater un déséquilibre de performances entre les monômes et les binômes (voir figure 4.10 page 94). En effet, la distance passive entre les effecteurs terminaux est plus importante pour les monômes que pour les binômes. Cependant, la distance active montre un effet inverse. En effet, la

manipulation bimanuelle (pour les monômes) constitue une charge de travail importante. Le sujet doit alors être capable de gérer deux effecteurs terminaux simultanément. Cette configuration a amené la plupart des sujets en monôme à utiliser un seul effecteur terminal en laissant le second sur le côté afin que le curseur ne gêne pas à l'écran. La main dominée n'est utilisée que dans les cas où le sujet estime que c'est absolument nécessaire pour achever la tâche. Le second outil de déformation étant placé sur le côté de l'écran, la mesure de distance passive mesurée n'est pas représentative de l'espace de travail où le sujet est actif.

La distance active permet d'éviter ce biais de mesure. En effet, cette mesure ne prend en compte que les phases d'activité d'un effecteur terminal. On constate alors que les binômes couvrent un plus grand espace de travail (voir figure 4.10 page 94). Les monômes couvrent un espace de travail plus restreint car ils ne peuvent pas focaliser visuellement sur plusieurs zone de travail simultanément. Par conséquent, les deux effecteurs terminaux se trouvent toujours proche de la zone de manipulation, dans la zone de focus visuel du sujet.

La figure 4.11 page 95 confirme ce déséquilibre. En effet, on constate un nombre total de sélections plus grand pour les binômes (19.4 sélections) que pour les monômes (14.1 sélections). Là encore, le sujet effectuant la tâche en monôme n'exploite pas pleinement les deux outils en sa possession : la charge de travail est trop importante. En effet, la Théorie des Ressources Multiples (TRM), proposée par WICKENS [1984], considère que la gestion de plusieurs ressources pour la même modalité est impossible. Cependant, les analyses statistiques montre que l'outil utilisé par la main dominante obtient un taux d'utilisation identique entre les monômes et les binômes. Les binômes en configuration monomanuelle répartissent correctement la charge de travail entre les deux ressources disponibles ce qui n'est pas le cas des monômes.

Cependant, on constate tout de même que l'outil utilisé par la main dominante n'est pas tout à fait aussi performant chez les monômes que chez les binômes. En effet, l'analyse montre une différence significative sur la mesure de la vitesse. La configuration bimanuelle provoque une séquentialité dans les actions du sujet : il manipule avec un outil, puis avec l'autre mais rarement les deux en même temps. Cette séquentialité a pour effet des pauses régulières pour chaque outil ce qui explique une vitesse moyenne moins élevée.

Cette section nous a permis de constater que le travail en binôme permet de meilleures performances que le travail en monôme. Une analyse plus détaillée a mis en avant la difficulté du travail en configuration bimanuelle : la charge de travail à assumer avec deux outils est trop importante. Cette difficulté a pour

effet de fortement dégrader le taux d'utilisation de l'outil associé à la main dominée. On constate également une légère baisse de l'utilisation de l'outil associé à la main dominante. Pour résumer, il est préférable de distribuer les ressources disponibles (outil de déformation dans notre cas) entre plusieurs sujets.

4.4.2 Évolution des performances en fonction de la complexité de la tâche

Dans cette section, nous nous intéressons plus précisément à la complexité de la tâche et à son influence sur le nombre de sujets. Les données et les analyses statistiques, présentées en premier, sont discutées par la suite.

Données et statistiques

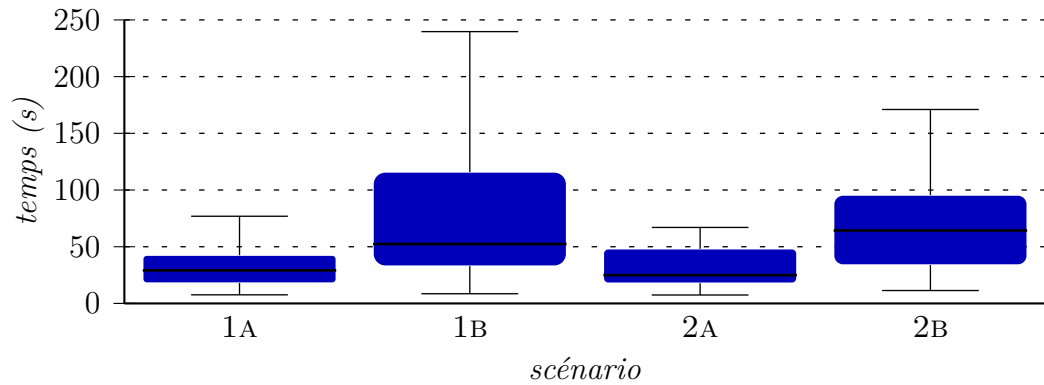


Figure 4.13 – Temps de réalisation des scénarios

La figure 4.13 présente le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} (temps cumulé des monômes et des binômes) en fonction de la complexité de la tâche \mathcal{V}_{i2} . L'analyse montre un effet significatif de la complexité de la tâche \mathcal{V}_{i2} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} ($\chi^2 = 59.2$, $df = 3$, $p \ll 0.05$). Un test post-hoc de MANN et WHITNEY [1947] avec une correction de HOLM [1979] permet de trier les scénarios en deux classes de complexité : $\{1A, 2A\}$ et $\{1B, 2B\}$.

La figure 4.14 page suivante présente le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} des différents scénarios \mathcal{V}_{i2} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . En regroupant les scénarios par classe de complexité, l'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} pour les scénarios 1A

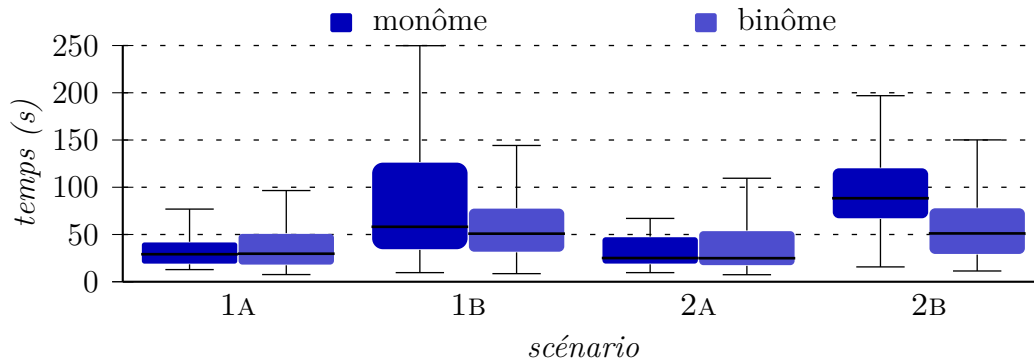


Figure 4.14 – Temps de réalisation des scénarios en fonction du nombre de sujets

et 2A ($\chi^2 = 0.1$, $df = 1$, $p = 0.713$). Cependant, l'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} pour les scénarios 1B et 2B ($\chi^2 = 10.4$, $df = 1$, $p = 0.001$); le temps de réalisation des binômes est inférieur de -18.4% .

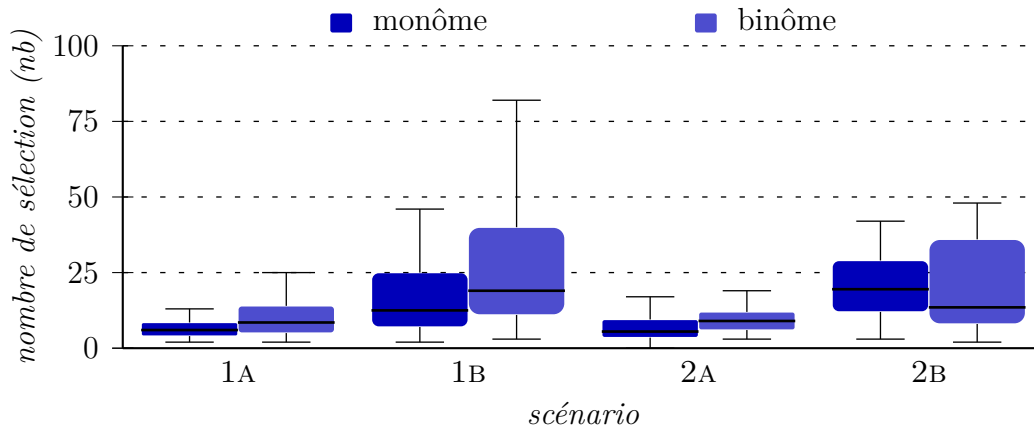


Figure 4.15 – Nombre de sélections de chaque scénario en fonction du nombre de sujets

La figure 4.15 présente le nombre de sélections \mathcal{V}_{d2} des différents scénarios \mathcal{V}_{i2} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . En regroupant les scénarios par classe de complexité, l'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le nombre de sélections \mathcal{V}_{d2} pour les scénarios 1A et 2A ($\chi^2 = 11.5$, $df = 1$, $p \ll 0.05$); le nombre de sélections est supérieur de 62.2% pour les binômes. Cependant, l'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le nombre de sélections \mathcal{V}_{d2} pour les scénarios 1B et

2B ($\chi^2 = 0.4$, $df = 1$, $p = 0.504$).

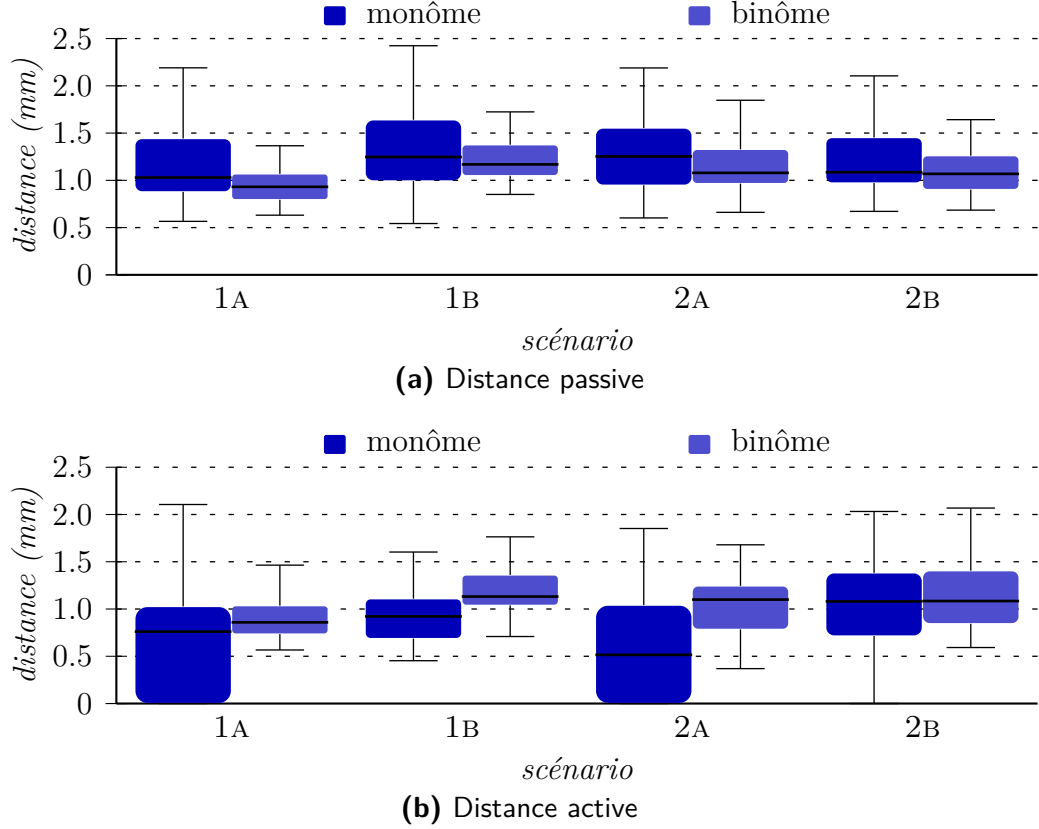


Figure 4.16 – Distance passive et active entre les effecteurs terminaux sur chaque scénario en fonction du nombre de sujets

La figure 4.16 présente les distances passives \mathcal{V}_{d3} et actives \mathcal{V}_{d4} des différents scénarios \mathcal{V}_{i2} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . En regroupant les scénarios par classe de complexité, l'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la distance passive \mathcal{V}_{d3} pour les scénarios 1A et 2A ($\chi^2 = 6.3$, $df = 1$, $p = 0.012$) ; la distance passive des binômes est inférieure de -13.8% . On n'observe pas d'effet significatif sur les scénarios 1B et 2B ($\chi^2 = 1.6$, $df = 1$, $p = 0.207$). Cependant, on constate un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la distance active \mathcal{V}_{d4} pour les scénarios 1A et 2A ($\chi^2 = 17.3$, $df = 1$, $p \ll 0.05$), avec une augmentation de la distance active pour les binômes de 57.9% , ainsi que sur les scénarios 1B et 2B ($\chi^2 = 9.7$, $df = 1$, $p = 0.002$) avec une augmentation de 23.6% .

La figure 4.17 page ci-contre présente la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d5} des différents scénarios \mathcal{V}_{i2} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . En regroupant les scénarios

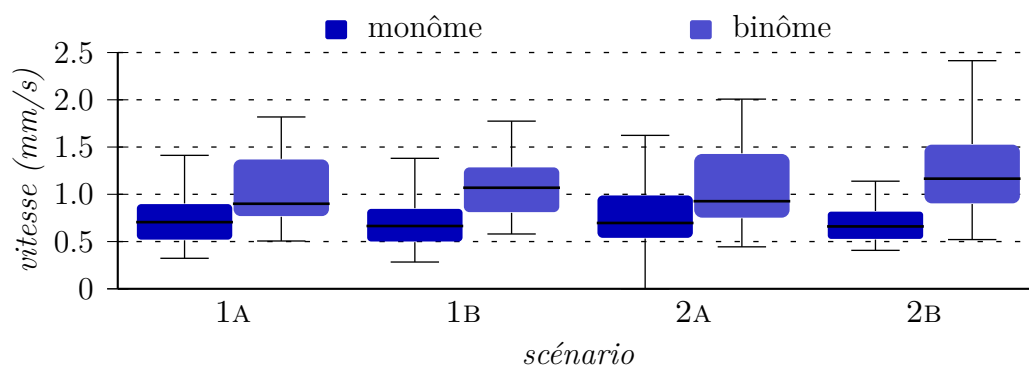


Figure 4.17 – Vitesse moyenne sur chaque scénario en fonction du nombre de sujets

par classe de complexité, l'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d5} pour les scénarios 1A et 2A ($\chi^2 = 32.2$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) ; la vitesse moyenne des binômes est supérieure de 44.8 %. De même, l'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d5} pour les scénarios 1B et 2B ($\chi^2 = 72.5$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) ; la vitesse moyenne des binômes est supérieure de 69.2 %.

Analyse et discussion

L'analyse du temps de réalisation des différentes tâches ainsi que la table 4.1 page 87 nous permet de classer ces tâches par niveau de complexité : les scénarios 1A et 2A sont relativement simples alors que les scénarios 1B et 2B sont complexes. En effet, les scénarios 1A et 2A concernent la molécule TRP-ZIPPER contenant peu d'atomes et de résidus à déformer. Par contre, les scénarios 1B et 2B, dont le nombre d'atomes et de résidus libres est plus important, est constitué de champ de force à fortes contraintes physiques et nécessité la formation de plusieurs cassures.

En observant les différences de performances entre les monômes et les binômes sur la figure 4.14 page 99, on constate que la configuration collaborative n'amélioré ses performances que dans le cas des tâches complexes. Ces tâches ont la particularité de nécessiter une coordination entre les deux outils de déformation. En effet, en observant la figure 4.16a page précédente, l'analyse de la distance active montre une différence significative entre les monômes et les binômes pour les scénarios simples.

Selon les résultats de la section précédente (voir section 4.4.1 page 93), les monômes ont tendance à délaisser le deuxième outil. L'outil délaissé aug-

mente ainsi la valeur de la distance passive mesurée en étant mis à l'écart. En observant seulement les scénarios simples 1A et 2A, on constate que la distance passive des *monômes* est plus importante que celle des *binômes*. On en conclue que la complexité de ces scénarios n'oblige pas à effectuer une manipulation *bimanuelle* et que la tâche peut être achevée avec un seul outil. Il y a donc peu d'intérêt à effectuer ces tâches peu complexe en configuration collaborative puisqu'aucune amélioration significative des performances n'est constatée.

Pour les scénarios complexes, l'analyse ne montre pas de différence significative de la distance passive entre les *monômes* et les *binômes*. Pour ces scénarios, l'utilisation du deuxième outil est nécessaire et malgré la charge de travail importante que cela représente pour les *monômes*, la tâche est réalisée à l'aide des deux outils (configuration *bimanuelle*). La configuration *monomanuelle* adoptée dans ce cas par les *binômes* permet de meilleures performances (voir figure 4.14 page 99) pour une distance active similaire (voir figure 4.16b page 100). En effet, l'espace de travail couvert par les *monômes* est identique à celui des *binômes* mais leur incapacité à traiter cette charge de travail supplémentaire les rend moins performants.

L'analyse du nombre de sélections vient appuyer ces conclusions. En effet, les *monômes* effectuent moins de sélections que les *binômes* dans la réalisation des scénarios simples. Cependant, on comptabilise un nombre de sélections similaire entre les *monômes* et les *binômes* sur les scénarios complexes avec des performances moins élevées pour les *monômes*.

Dans cette section, nous avons montré que les améliorations de performances des *binômes* par rapport aux *monômes* étaient très liées à la complexité de la tâche. En effet, sur des tâches de faible complexité, les *monômes* obtiennent de bonnes performances (malgré une manipulation *monomanuelle*) pendant que les *binômes* souffrent de *conflits de coordination* : les performances sont similaires. Cependant, dans le cas de tâches complexes, les *conflits de coordination* ne sont pas suffisamment préjudiciables et la collaboration permet d'obtenir de meilleures performances que le travail individuel. Dans la section précédente, nous avons montré que la configuration *bimanuelle* ne permet pas d'égaliser les performances d'un travail en collaboration. Complétons cette conclusion par le fait qu'elle est surtout vraie pour les scénarios complexes.

4.4.3 Amélioration de l'apprentissage pour les binômes

Nous étudions l'effet du nombre de sujets sur l'apprentissage dans cette section. Les graphiques accompagnés d'analyses statistiques sont présentés puis

discutés dans un second temps.

Données et statistiques

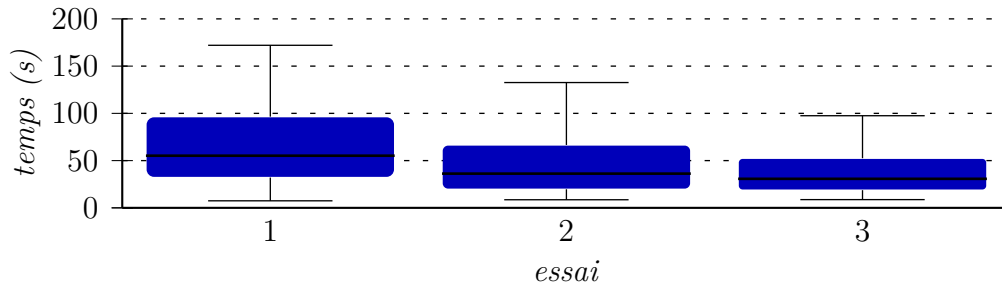


Figure 4.18 – Temps de réalisation de chaque essai

La figure 4.18 présente le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} des différents essais \mathcal{V}_{i3} . L'analyse montre un effet significatif du numéro de l'essai \mathcal{V}_{i3} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} ($\chi^2 = 20.2$, $df = 2$, $p \ll 0.05$). Un test post-hoc de MANN et WHITNEY [1947] avec une correction de HOLM [1979] montre une évolution significative entre le premier essai et le deuxième essai (diminution de -19%) ainsi qu'entre le deuxième essai et le troisième (diminution de -18.7%).

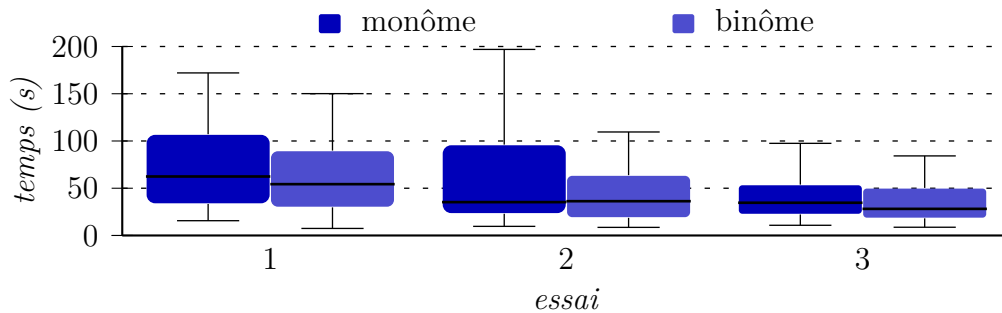


Figure 4.19 – Temps de réalisation de chaque essai en fonction du nombre de sujets

La figure 4.19 présente le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} des différents essais \mathcal{V}_{i3} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} pour le premier essai ($\chi^2 = 1.3$, $df = 1$, $p = 0.263$), le deuxième essai ($\chi^2 = 1.2$, $df = 1$, $p = 0.276$) ou le troisième essai ($\chi^2 = 2.5$, $df = 1$, $p = 0.115$).

Cependant, l'analyse montre un effet significatif du numéro de l'essai \mathcal{V}_{i3} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} pour les monômes ($\chi^2 = 7.1$, $df = 2$, $p = 0.028$) et pour les binômes ($\chi^2 = 19.8$, $df = 2$, $p \ll 0.05$). Un test post-hoc de MANN et WHITNEY [1947] avec une correction de HOLM [1979] montre une évolution significative pour les monômes à partir de dernier essai avec une diminution de -23.9% alors que l'évolution est significative dès le deuxième essai pour les binômes avec une diminution de -24.6% .

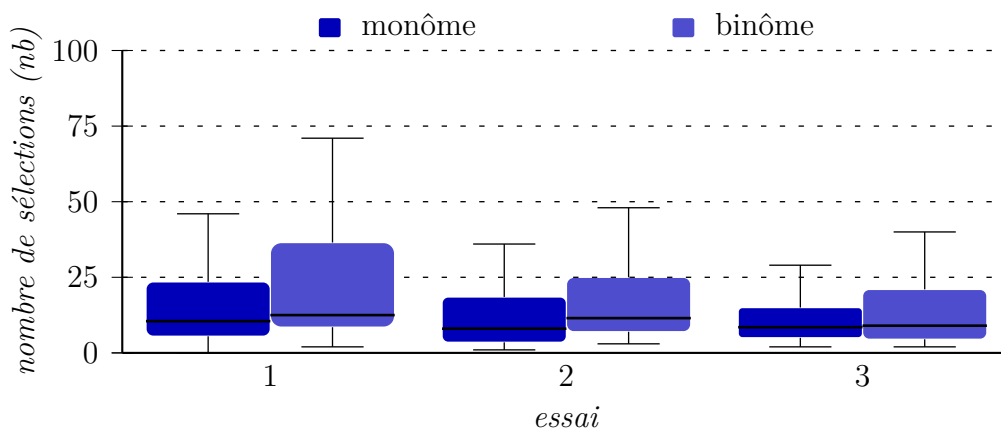


Figure 4.20 – Nombre de sélections de chaque essai en fonction du nombre de sujets

La figure 4.20 présente le nombre de sélections \mathcal{V}_{d2} des différents essais \mathcal{V}_{i3} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le nombre de sélections \mathcal{V}_{d2} pour le premier essai ($\chi^2 = 3.3$, $df = 1$, $p = 0.068$) ou le troisième essai ($\chi^2 = 0.1$, $df = 1$, $p = 0.715$). Cependant, l'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le nombre de sélections \mathcal{V}_{d2} pour le deuxième essai ($\chi^2 = 3.8$, $df = 1$, $p = 0.05$) supérieur de 29.7% .

De plus, l'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du numéro de l'essai \mathcal{V}_{i3} sur le nombre de sélections \mathcal{V}_{d2} pour les monômes ($\chi^2 = 0.5$, $df = 2$, $p = 0.763$). Cependant, l'analyse montre un effet significatif du numéro de l'essai \mathcal{V}_{i3} sur le nombre de sélections \mathcal{V}_{d2} pour les binômes ($\chi^2 = 9.1$, $df = 2$, $p = 0.011$). Le test post-hoc de MANN et WHITNEY [1947] avec une correction de HOLM [1979] montre une diminution significative du nombre de sélections pour les binômes entre le premier et le dernier essai avec une diminution de -33.3% .

La figure 4.21 page ci-contre présente la distance active \mathcal{V}_{d4} des différents essais \mathcal{V}_{i3} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . Étant donné le biais de mesure

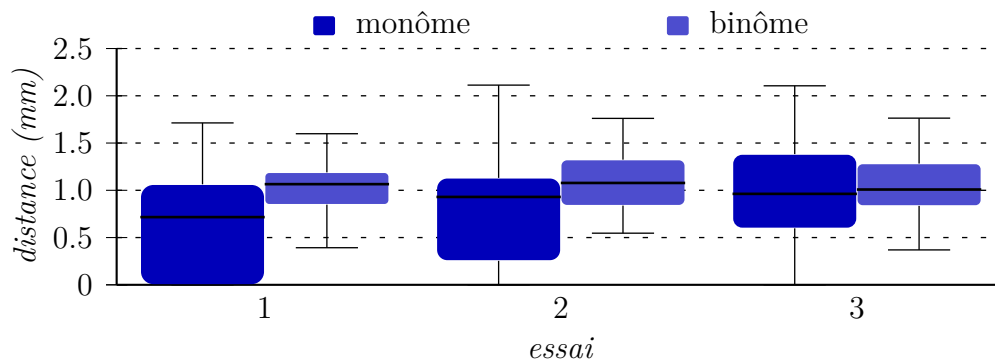


Figure 4.21 – Distance active entre les effecteurs terminaux pour chaque essai en fonction du nombre de sujets

décrit dans la section 4.4.1 page 93, la distance passive n'a pas été prise en considération. L'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la distance active \mathcal{V}_{d4} pour le premier essai ($\chi^2 = 21.4$, $df = 1$, $p \ll 0.05$), supérieur de 74.7 % pour les binômes et pour le deuxième essai ($\chi^2 = 8.5$, $df = 1$, $p = 0.004$) supérieur de 32.7 % pour les binômes mais pas pour le troisième essai ($\chi^2 = 0.8$, $df = 1$, $p = 0.362$).

De plus, l'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du numéro de l'essai \mathcal{V}_{i3} sur la distance active \mathcal{V}_{d4} pour les binômes ($\chi^2 = 2.6$, $df = 2$, $p = 0.275$). Cependant, l'analyse montre un effet significatif du numéro de l'essai \mathcal{V}_{i3} sur la distance active \mathcal{V}_{d4} pour les monômes ($\chi^2 = 7.3$, $df = 2$, $p = 0.025$). Un test post-hoc de MANN et WHITNEY [1947] avec une correction de HOLM [1979] montre une augmentation significative de 50.9 % entre le premier essai et le troisième essai.

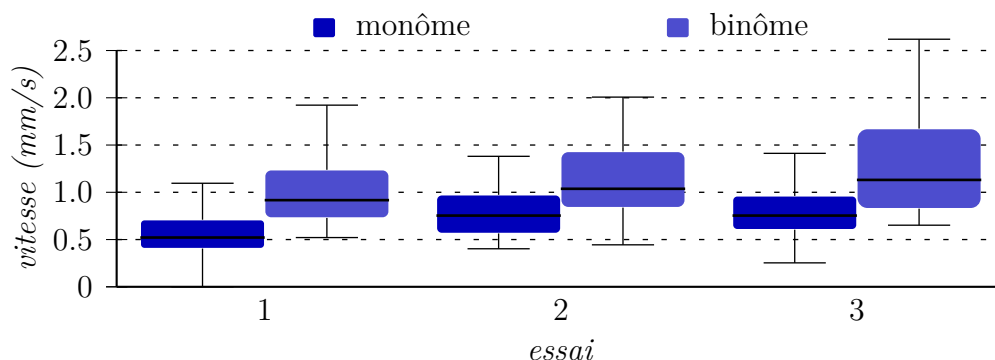


Figure 4.22 – Vitesse moyenne pour chaque essai en fonction du nombre de sujets

La figure 4.22 page précédente présente la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d5} des différents essais \mathcal{V}_{i3} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d5} pour le premier essai ($\chi^2 = 50$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) supérieur de 77.6 % pour les binômes, le second essai ($\chi^2 = 25.6$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) supérieur de 41.5 % pour les binômes et le troisième essai ($\chi^2 = 33.1$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) supérieur de 55.8 % pour les binômes.

De plus, l'analyse montre un effet significatif du numéro de l'essai \mathcal{V}_{i3} sur la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d5} pour les monômes ($\chi^2 = 40.5$, $df = 2$, $p \ll 0.05$) et les binômes ($\chi^2 = 9$, $df = 2$, $p = 0.011$). Le test post-hoc de MANN et WHITNEY [1947] avec une correction de HOLM [1979] montre dans chaque cas (monôme et binôme) une augmentation significative après le premier essai (augmentation de 43.6 % pour les monômes et de 14.4 % pour les binômes).

Analyse et discussion

L'observation des temps de réalisation de la tâche (voir figure 4.18 page 103) nous permet de caractériser un apprentissage réel sur l'ensemble des trois réalisations de la tâche. Le détail de l'apprentissage en fonction du nombre de sujets sur la figure 4.19 page 103 apporte cependant un point important : les binômes améliorent plus rapidement leurs performances que les monômes. En effet, on constate une amélioration significative des performances dès le second essai dans le cas des binômes alors que ce n'est que sur le dernier essai que les monômes montrent une évolution. L'amélioration plus rapide des performances chez les binômes suggère un apprentissage plus efficace de la tâche, des outils ou de la molécule².

En observant l'évolution des variables \mathcal{V}_{d1} (temps de réalisation) et \mathcal{V}_{d2} (nombre de sélections), on constate que les binômes ont un apprentissage rapide. Le temps de réalisation décroît ainsi que le nombre de sélections ce qui n'est pas le cas des monômes. En effet, le temps de réalisation des monômes décroît alors que le nombre de sélections ne décroît pas. Au-fur-et-à-mesure des essais, les monômes apprennent et intègre la manipulation en configuration bimanuelle : ils augmentent ainsi leurs performances (diminution du temps de réalisation et du nombre de sélections de la main dominante) tout en conservant un nombre de sélections relativement constant (par une augmentation du nombre de sélections de la main dominée).

2. On observe une amélioration des performances par apprentissage mais rien ne permet de distinguer sur quels notions de l'expérimentation l'apprentissage a lieu.

On observe clairement l'apprentissage progressif du deuxième outil mis à disposition des monômes dans la figure 4.21 page 105. Alors que l'espace de travail des binômes reste stable sur l'ensemble des essais, celui des monômes s'étend au-fur-et-à-mesure des essais jusqu'à atteindre une valeur similaire à celle des binômes. En effet, seul l'apprentissage permet de s'affranchir en partie de la charge de travail importante que représente la manipulation bimanuelle [WICKENS 1984] : avec l'apprentissage, les monômes sont capables de gérer un espace de travail de plus en plus grand. Le potentiel du deuxième outil n'est pas ignoré et est utilisé (avec la main dominée) comme un moyen de fixer un résidu déjà placé pendant que l'autre outil déforme. Ceci permet de déformer une partie de la molécule tout en conservant la stabilité de la partie déjà déformée.

En ce qui concerne les vitesses moyennes, les monômes comme les binômes s'améliorent en manipulant de plus en plus rapidement. Cependant, les binômes restent nettement plus rapides que les monômes. Cette donnée est à mettre en corrélation avec l'évolution des temps de réalisation : plus les sujets déforment rapidement, plus la tâche est réalisée rapidement..

Dans cette section, nous avons mis en évidence les améliorations en terme d'apprentissage pour les configurations collaboratives sans distinguer les notions sur lesquelles s'appliquait l'apprentissage (molécule, outils, tâche, *etc.*). En effet, les binômes atteignent des performances optimales dès le second essai tandis que les monômes ont besoin de plus d'apprentissage pour converger vers de bonnes performances. La capacité des binômes à communiquer, échanger et conseiller permet de mutualiser l'apprentissage et de l'accélérer. De plus, un binôme peut bénéficier des connaissances spécifiques ou de l'expérience d'un des membres du binôme et ainsi, la mutualisation des aptitudes de chacun crée une dynamique de groupe. La configuration bimanuelle offre une alternative de manipulation aux monômes avec une surcharge de travail importante : l'apprentissage est plus long.

4.4.4 Résultats qualitatifs

Le questionnaire est destiné à évaluer la collaboration du point de vue de l'utilisateur.

La majorité des sujets travaillant en binôme se sont trouvés utiles dans cette tâche de collaboration ($\mu = 3.1$, $\sigma = 0.8$)³. Ce résultat élevé permet de vérifier que les sujets ne se sentent pas écartés et participent activement

3. L'échelle de notation est comprise entre 1 et 5 mais les moyennes ont été normalisées entre 0 et 4.

à la réalisation de la tâche. La collaboration peut se traduire soit par une participation active à la déformation, soit par une participation plutôt passive (échanges verbaux, conseils, remarques, *etc.*). Dans un cas comme dans l'autre, les sujets ne sont pas isolés ce qui permet d'éviter les phénomènes de paresse sociale.

Le sentiment d'avoir été meneur durant la réalisation de la tâche est relativement neutre ($\mu = 2$, $\sigma = 0.6$). Cependant, cette question semble avoir été posée de manière incorrecte. En effet, les sujets ne souhaitent pas prétendre avoir été meneur ou chef des opérations par modestie. Paradoxalement, ils ne souhaitent pas non plus avouer avoir été dirigé par quelqu'un d'autre par fierté. D'ailleurs, on observe un écart-type relativement bas concernant cette note ce qui signifie que la majorité des sujets ont répondu de façon neutre.

L'évaluation de la communication confirme ce qui a été observé dans la précédente expérimentation (voir section 3.4.3 page 76). Tout d'abord, l'importance de la communication verbale a été mise en avant ($\mu = 2.4$, $\sigma = 1.2$). Par opposition, les sujets ont considéré qu'ils ne communiquaient pas par le virtuel ($\mu = 0.9$, $\sigma = 1$) et encore moins par la gestuelle ($\mu = 0.3$, $\sigma = 0.6$).

La communication verbale étant la plus naturelle, il n'est pas étonnant d'obtenir de tels scores. La communication gestuelle est difficile étant donné que les sujets sont déjà en train de manipuler avec leurs mains. De plus, leur vision se focalise principalement sur le déroulement de la tâche à l'écran mais pas sur le partenaire ce qui laisse peu de place à la communication gestuelle.

Pour finir, l'expérimentation ne proposant aucun outil permettant d'exploiter la modalité de communication virtuelle, cela explique probablement le faible taux d'investissement dans les communications par le virtuel. La dernière expérimentation (voir chapitre 6 page 133) propose des outils de désignation qui vont permettre d'exploiter le potentiel de ce canal de communication.

Pour finir, les sujets ont été interrogés sur leur configuration de travail préférée. Le questionnaire propose aux sujets de donner leur avis sur une configuration pour laquelle ils n'ont pas été testés. La configuration monomanuelle en monôme (qui n'a été testée par aucun sujet) a été relativement peu choisie ($\mu = 0.8$, $\sigma = 1$). Les sujets évalués en monôme sont mitigés sur l'intérêt d'une configuration monomanuelle en binôme ($\mu = 2.2$, $\sigma = 1.2$). De la même façon, les sujets évalués en binôme sont mitigés sur l'intérêt d'une configuration bimanuelle en monôme ($\mu = 1.9$, $\sigma = 1.3$). Quoiqu'il en soit, ils ont été seulement 41.7 % à préférer la configuration bimanuelle en monôme alors qu'ils ont été 58.3 % à opter pour la configuration monomanuelle en binôme. Une petite majorité des sujets semble préférer la configuration collaborative.

4.5 Conclusion

4.5.1 Résumé des résultats

Dans cette seconde expérimentation, nous avons comparé et étudié les performances de *monômes* et de *binômes*, possédant un nombre de ressources identiques, sur une tâche de déformation. De plus, nous avons cherché à observer l'apport de la configuration collaborative sur l'apprentissage.

Il a été montré qu'avec un nombre de ressources déterminé (un outil d'orientation et deux outils de déformation dans notre cas), il est préférable de répartir les ressources sur plusieurs sujets. Cette répartition des ressources permet une meilleure distribution des charges de travail. En effet, la charge de travail est trop importante pour un utilisateur seul. La configuration collaborative, bien que souffrant de *conflits de coordination*, obtient tout de même des meilleures performances.

Deuxièmement, nous avons montré que la configuration collaborative est particulièrement performante pour les scénarios à forte complexité. En ce qui concerne les scénarios à faible complexité, les performances d'une configuration collaborative ne sont ni meilleures, ni moins bonnes que celle d'un manipulateur seul en configuration *bimanuelle*. On notera tout de même que les sujets semblent légèrement préférer la configuration collaborative.

Le troisième résultat important concerne l'apprentissage. Nous avons montré que le travail en collaboration a une influence sur l'évolution de l'apprentissage. L'apprentissage semble être catalysé par la communication et les échanges entre les sujets.

4.5.2 Synthèse et perspectives

Nous avons vu les avantages d'une configuration collaborative sur les *binômes*. L'étape suivante sera l'étude du travail collaboratif sur des groupes (plus de deux sujets). Ceci devrait permettre d'augmenter encore le potentiel du groupe pour la gestion de charges de travail importantes.

Pour mener une telle étude, il va falloir proposer des scénarios plus complexes. Cette deuxième expérimentation a montré une nouvelle fois le rôle prépondérant de la taille de la molécule dans la complexité de la tâche. Nous verrons que les molécules proposées dans la prochaine étude sont plus importantes en taille que celle utilisées jusqu'à présent.

Cette deuxième expérimentation a également permis de remettre en cause la pertinence d'une manipulation en configuration bimanuelle. D'après les analyses, la charge de travail qu'apporte la gestion d'un deuxième outil de déformation est trop importante ; l'outil de déformation est relativement complexe à appréhender. Il ne faut donc pas exclure la possibilité d'obtenir des performances acceptables en fournissant un outil simple et un outil complexe pour une manipulation bimanuelle. Nous verrons que la configuration de la dernière étude (voir chapitre 6 page 133) propose une configuration bimanuelle avec un outil simple de déplacement et un outil plus complexe de désignation.

Le questionnaire nous a également permis de mettre en avant les lacunes en ce qui concerne l'utilisation de l'environnement virtuel pour la communication. La dernière expérimentation sera l'occasion d'introduire des outils adaptés afin de permettre l'utilisation de cet environnement pour assister la communication.

La dynamique de groupe

Sommaire

5.1	Introduction	112
5.2	Collaboration de groupe	112
5.2.1	Travaux existants	112
5.2.2	Objectifs	113
5.3	Présentation de l'expérimentation	114
5.3.1	Description de la tâche	114
5.3.2	Spécificités du protocole expérimental	115
5.4	Résultats	119
5.4.1	Amélioration des performances	119
5.4.2	Utilité du <i>brainstorming</i> pour la collaboration	123
5.4.3	Définition d'un meneur	127
5.5	Conclusion	130
5.5.1	Résumé des résultats	130
5.5.2	Synthèse et perspectives	131

5.1 Introduction

Après avoir étudié les différentes PCVs sur des binômes, nous souhaitons élargir notre étude à des groupes. Le terme *groupe* est défini par BALES [1950] comme un « ensemble d'au moins trois individus ». Ce travail en groupe implique des processus de communication différents que nous souhaitons étudier. L'augmentation du nombre de manipulateur nous permet également de confronter les utilisateurs à des tâches plus complexes que celles proposées dans les études précédentes.

Selon la littérature en psychologie sociale, le travail en groupe provoque des modifications sur l'organisation et la structure (voir section 1.3 page 16) qu'on nomme « dynamique de groupe ». Cependant, les études sur ce sujet manquent en ce qui concerne la collaboration étroitement couplée. Le but de l'expérimentation exposée dans ce chapitre est d'identifier les contraintes et les stratégies de travail liées à ce type de collaboration.

De plus, A. F. OSBORN [1963] montre l'importance du *brainstorming*¹ pour améliorer les performances d'un groupe. Nous souhaitons évaluer la mise en place d'un dispositif de *brainstorming* dans le cadre d'une collaboration étroitement couplée afin d'observer l'évolution des performances de groupe.

5.2 Collaboration de groupe

5.2.1 Travaux existants

Nous avons déjà vu, dans la section 1.3 page 16, les dynamiques de groupe qui se mettent en place lors d'un travail en collaboration. Pour mémoire, nous avons abordé les phénomènes de *facilitation sociale* [RINGELMANN 1913] et de *paresse sociale* [ROETHLISBERGER *et al.* 1939]. La *facilitation sociale* est la tendance des collaborateurs à améliorer les performances lors d'un travail de groupe (motivation, échange de connaissances, partage de mémoire, *etc.*). La *paresse sociale* est la tendance des collaborateurs ne pas s'impliquer activement dans le travail de groupe (isolation, peur de l'évaluation, *etc.*). MUGNY *et al.* [1995] propose un état de l'art intéressant concernant la dynamique des groupes.

Cependant, BALES [1950] identifie une différence entre les groupes de taille

1. Pour la suite des développements, le mot *brainstorming* sera utilisé à la place de sa traduction *remue-méninges* qui est peu utilisée dans la littérature scientifique.

importante et les groupes d'une vingtaine d'individus ou moins ², qu'il nomme « groupe restreint ». L'étude qu'il mène sur ces groupes restreints montre que quelque soit la taille du groupe, le groupe sera toujours dominé par un voire deux meneurs.

Afin d'améliorer les performances de ces groupes restreints, A. F. OSBORN [1963] propose de mettre en place une séance de *brainstorming*. L'idée est créer une période de temps où tous les collaborateurs peuvent élaborer une stratégie sur la tâche à réaliser. Selon TUCKMAN [1965], le *brainstorming* permet de renforcer la cohésion sociale et d'améliorer les performances du groupe à long terme.

Cependant, DIEHL et STROEBE [1987] tempère les avantages du *brainstorming* en groupe. En effet, il montre que cette réflexion pré-opératoire peut également être effectuée de manière individuelle et que les individus seuls profite plus de cette réflexion. De plus, POOLE et HOLLINGSHEAD [2005] explique que le *brainstorming* n'est pas toujours utilisé à bon escient. Selon l'étude qu'il propose, les groupes ont tendance à se focaliser sur les connaissances communes à tous les membres du groupe et n'aborde pas les connaissances spécifiques de chacun des membres ; de cette manière, le partage des connaissances ne se réalise pas correctement.

Comme le montre l'état de l'art, les études sur la dynamique de groupe concernant les tâches faiblement couplées sont nombreuses. Cependant, la généralisation de ces résultats à des tâches étroitement couplées doit donner lieu à des études plus approfondies. C'est l'objectif de ce chapitre.

5.2.2 Objectifs

Dans cette troisième étude, nous souhaitons étudier le travail collaboratif étroitement couplé au sein de groupes restreints. L'objectif est d'identifier les nouvelles contraintes liées à ces groupes et de caractériser les stratégies qui se mettent en place.

Dans un premier temps, nous allons étudier l'évolution des performances en fonction du nombre de sujets. Selon le principe de la distribution des charges de travail, nous supposons que les performances d'un groupe seront meilleures que celle d'un binôme, malgré une augmentation du nombre de conflits de coordination.

2. Selon les différentes sources, la définition d'un groupe restreint varie d'une douzaine à une vingtaine d'individus.

De plus, en se basant sur les conclusions de BALES [1950], nous supposons qu’au moins un meneur va émerger durant la réalisation des tâches de l’expérimentation. Nous allons observer ce phénomène en essayant d’identifier des stratégies de travail différentes entre les membres du groupes.

BALES [1950] avait également noté que les participants éprouvent le besoin de discuter pour se connaître avant de commencer la tâche. C’est pourquoi, nous souhaitons mettre en place une période de *brainstorming* pour améliorer les performances du groupe, en accord avec les conclusions obtenues par A. F. OSBORN [1963]. Nous supposons que cette période de temps sera mise à contribution pour faire émerger les meneurs rapidement.

5.3 Présentation de l’expérimentation

5.3.1 Description de la tâche

La tâche proposée est de nature similaire à celle exposée dans la seconde expérimentation, il faut modifier la conformation initiale d’une molécule pour atteindre une conformation stable (voir section 4.3.1 page 84). Cependant, les scénarios proposés dans cette expérimentation sont plus complexes afin de générer plus de difficultés dans la réalisation.

Dans cette expérimentation, la molécule TRP-CAGE est utilisée pour la phase d’entraînement. Des molécules de taille importante (Prion et Ubiquitin) sont utilisées pour les scénarios de déformation collaborative. Ces molécules sont détaillées dans la section A.2.1 page 205.

Le mécanisme de sélection et d’affichage est strictement identique à la seconde expérimentation (voir section 4.3.2 page 87). De la même façon, le système d’évaluation basé sur le score RMSD est identique. On pourra trouver la description de ces éléments dans la section 4.3.1 page 84.

Deux scénarios sont proposés :

Scénario 1 Basé sur la molécule Prion, il nécessite de replacer correctement une chaîne de 16 résidus par rapport à un état stable. Cette chaîne se trouve en périphérie de la molécule et est soumise à de faibles contraintes physiques. Ce scénario permet une division en sous-tâches élémentaires présentant de faibles interactions. L’objectif est de proposer un niveau de collaboration faiblement couplée.

Scénario 2 Basé sur la molécule Ubiquitin, il nécessite de replacer correctement une chaîne de 19 résidus par rapport à un modèle. Cette

chaîne se trouve au centre de la molécule où elle est soumise à de fortes contraintes physiques, notamment le milieu de la chaîne ; le contrôle précis de cette déformation est complexe. La réalisation de ce scénario nécessite plusieurs points de contrôle et une coordination de l'ensemble des sujets. L'objectif est de proposer un niveau de collaboration étroitement couplée.

5.3.2 Spécificités du protocole expérimental

Le dispositif expérimental utilisé, basé sur celui présenté dans le chapitre A page 203, a été adapté pour les besoins de l'expérimentation. Les modifications sont présentées dans les sections qui vont suivre. Le protocole expérimental est détaillé dans la section B.3 page 216 avec un résumé dans la table 5.1 page 118.

Matériel utilisé

Dans cette expérimentation, des quadrinômes vont être amenés à manipuler les molécules. Étant donné que la plateforme de base n'est constituée que de deux outils de déformation, nous avons ajouté deux outils de déformations supplémentaires. Ces deux outils sont matérialisés par des PHANTOM Omni® connectés à des serveurs VRPN. Les outils de déformations sont placés sur la table face aux sujets.

Dans le cas des binômes, les sujets seront amenés à manipuler deux outils chacun (configuration bimanuelle). Pour les quadrinômes, chaque sujet aura un outil à sa disposition (configuration monomanuelle). Les outils peuvent être déplacés pour que la position de travail des sujets soit la meilleure possible.

Afin d'enregistrer les communications, une caméra vidéo SONY® (PJ50V HD) a été placée derrière les sujets afin de filmer les sujets de dos et l'écran de vidéoprojection dans un même plan. La caméra enregistre également toutes les communications orales. Ces vidéos sont exportées et séquencées *a fortiori* à l'aide du logiciel iMovie.

La figure 5.1 page suivante illustre le dispositif expérimental par un schéma. La figure 5.2 page suivante est une photographie de la salle d'expérimentation.

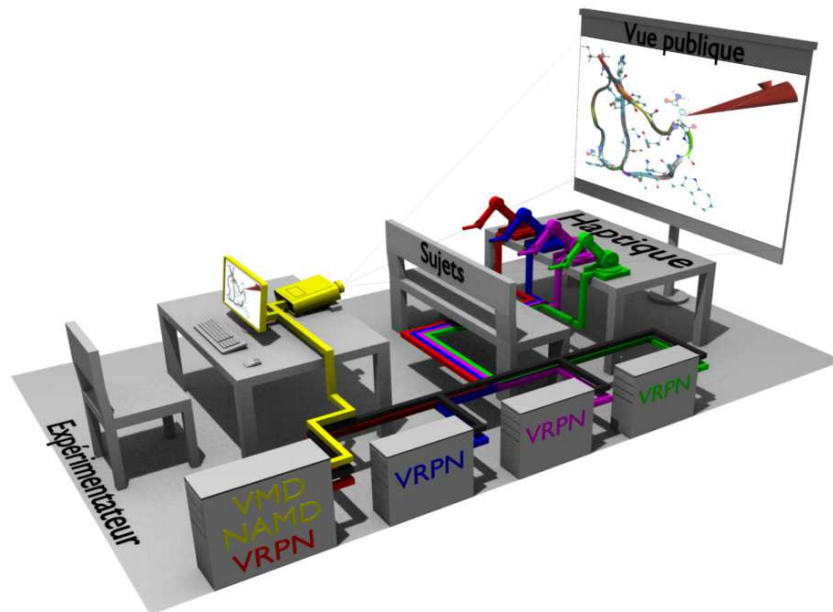


Figure 5.1 – Schéma du dispositif expérimental

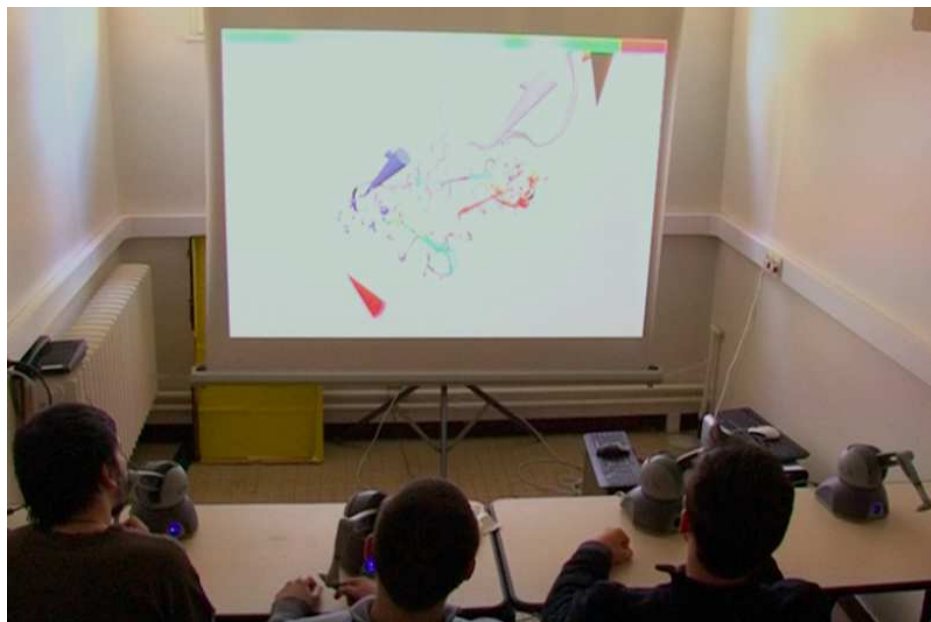


Figure 5.2 – Photographie du dispositif expérimental

Visualisation et représentation

La visualisation et la représentation des molécules sont identiques à l'expérimentation précédente (voir section 4.3.2 page 87). La molécule Prion est utilisée pour le scénario 1 (voir figure 5.3) ; la molécule Ubiquitin est utilisée pour le scénario 2 (voir figure 5.4 page 119).

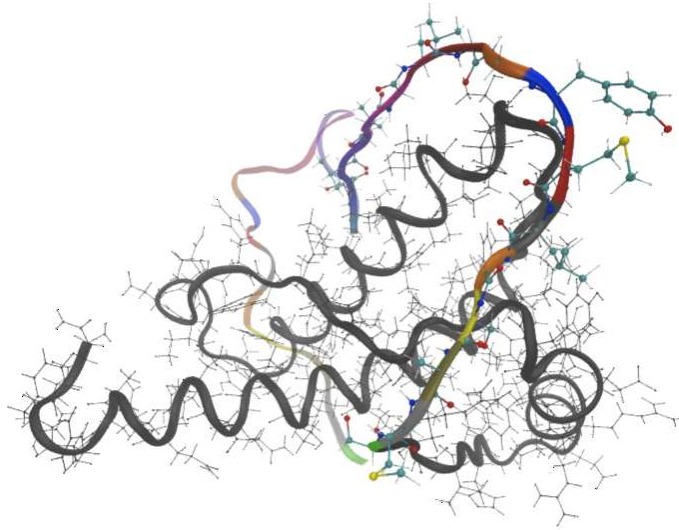


Figure 5.3 – Représentation de la molécule Prion pour le scénario 1

Outils de manipulation

Cette expérimentation faisant intervenir des quadrinômes, nous avons décidé d'enlever l'outil d'orientation qui était proposé jusqu'à présent. En effet, étant donné la configuration de la salle d'expérimentation, il est physiquement impossible de placer un outil d'orientation qui soit accessible par tous les sujets comme le préconise BUISINE *et al.* [2011]. Les scénarios ont été conçus en tenant compte de cette contrainte et sont réalisables sans avoir besoin de modifier le point de vue.

Les outils de déformation sont identiques à ceux présentés dans la seconde expérimentation (voir section 4.3.2 page 89). Chaque résidu qu'un sujet sélectionne est mis en surbrillance sur la molécule déformable et sur la molécule stable.

Table 5.1 – Synthèse de la procédure expérimentale

Tâche	Déformation d'une molécule en groupe		
Hypothèses	\mathcal{H}_1	Amélioration des performances en quadrinôme	
	\mathcal{H}_2	Un meneur émerge dans les quadrinômes	
	\mathcal{H}_3	Les quadrinômes se structurent par le <i>brainstorming</i>	
Variables indépendantes	\mathcal{V}_{i1}	Nombre de sujets	
	\mathcal{V}_{i2}	Complexité de la tâche	
	\mathcal{V}_{i3}	Temps alloué pour le <i>brainstorming</i>	
Variables dépendantes	\mathcal{V}_{d1}	Temps de réalisation	
	\mathcal{V}_{d2}	Fréquence des sélections	
	\mathcal{V}_{d3}	Vitesse moyenne	
	\mathcal{V}_{d4}	Force moyenne	
	\mathcal{V}_{d5}	Communications verbales	
Condition \mathcal{C}_1	Condition \mathcal{C}_2	Condition \mathcal{C}_3	Condition \mathcal{C}_4
2 sujets Bimanuel	2 sujets Bimanuel	4 sujets Monomanuel	4 sujets Monomanuel
Pas de <i>brainstorming</i>	1 mn de <i>brainstorming</i>	Pas de <i>brainstorming</i>	1 mn de <i>brainstorming</i>
Scénario 1	Scénario 1	Scénario 1	Scénario 1
Condition \mathcal{C}_5	Condition \mathcal{C}_6	Condition \mathcal{C}_7	Condition \mathcal{C}_8
2 sujets Bimanuel	2 sujets Bimanuel	4 sujets Monomanuel	4 sujets Monomanuel
Pas de <i>brainstorming</i>	1 mn de <i>brainstorming</i>	Pas de <i>brainstorming</i>	1 mn de <i>brainstorming</i>
Scénario 2	Scénario 2	Scénario 2	Scénario 2

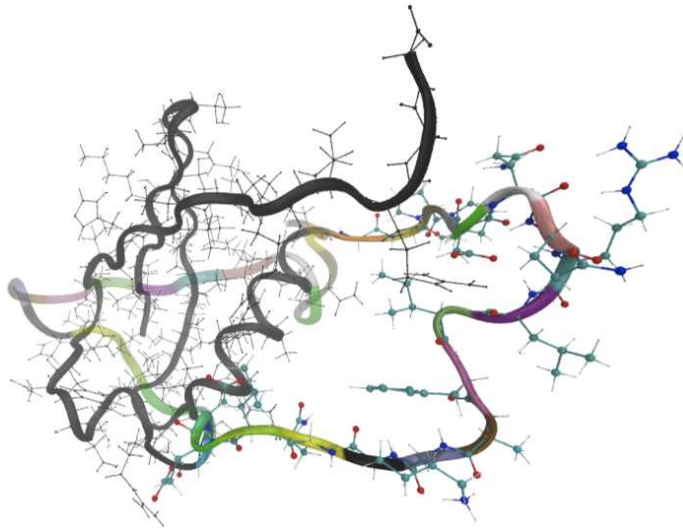


Figure 5.4 – Représentation de la molécule Ubiquitin pour le scénario 2

5.4 Résultats

5.4.1 Amélioration des performances

Dans cette section, nous cherchons à étudier l'évolution des performances en fonction du nombre de sujets impliqués dans la collaboration en commençant par présenter les graphiques et les analyses statistiques.

Données et tests statistiques

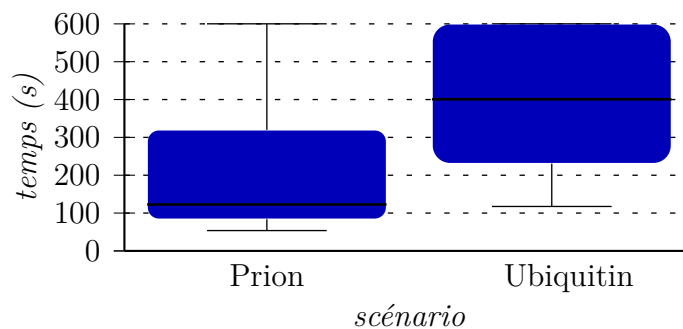


Figure 5.5 – Temps de réalisation des scénarios

La figure 5.5 présente le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} de chaque scénario \mathcal{V}_{i2} .

L'analyse montre un effet significatif des scénarios \mathcal{V}_{i2} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} ($\chi^2 = 33.3$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) supérieur de 95.4 %.

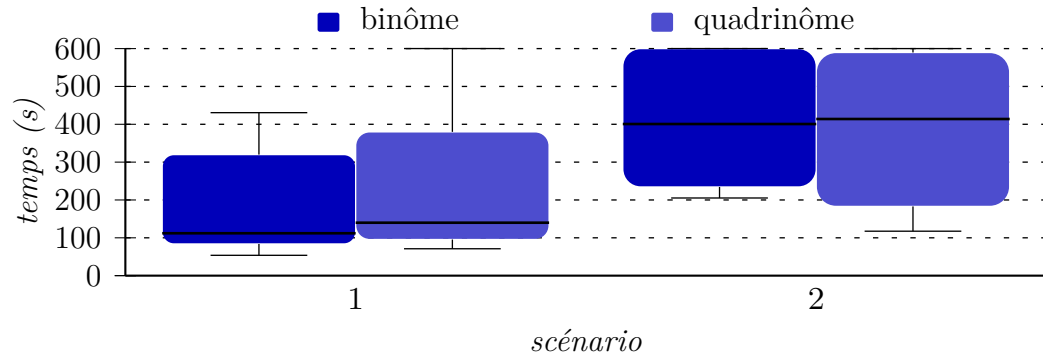


Figure 5.6 – Temps de réalisation des scénarios en fonction du nombre de participants

La figure 5.6 présente le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} de chaque scénario \mathcal{V}_{i2} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} du scénario 1 ($\chi^2 = 0$, $df = 1$, $p = 1$). De la même façon, l'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} du scénario 2 ($\chi^2 = 2$, $df = 1$, $p = 0.157$).

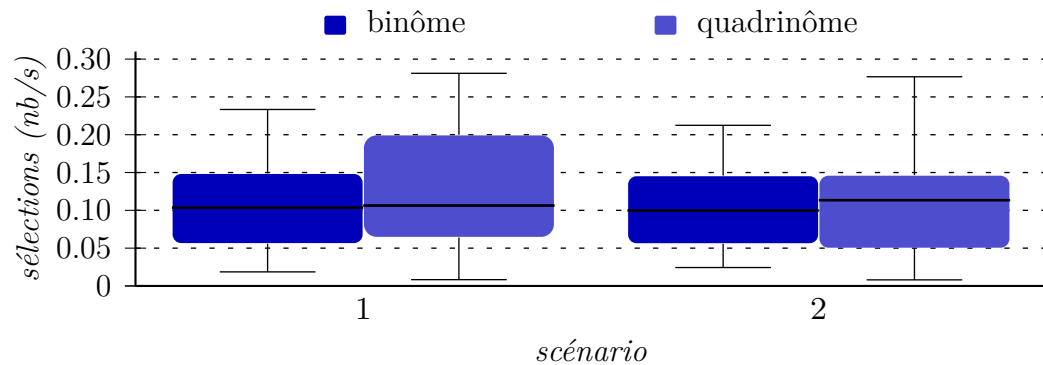


Figure 5.7 – Fréquence des sélections sur les scénarios en fonction du nombre de participants

La figure 5.7 présente la fréquence de sélection \mathcal{V}_{d2} de chaque scénario \mathcal{V}_{i2} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la fréquence de sélection \mathcal{V}_{d2} du scénario 1 ($\chi^2 = 1.6$, $df = 1$, $p = 0.209$). De la même façon, l'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la fréquence de sélection \mathcal{V}_{d2} du scénario 2 ($\chi^2 = 0.1$, $df = 1$, $p = 0.724$).

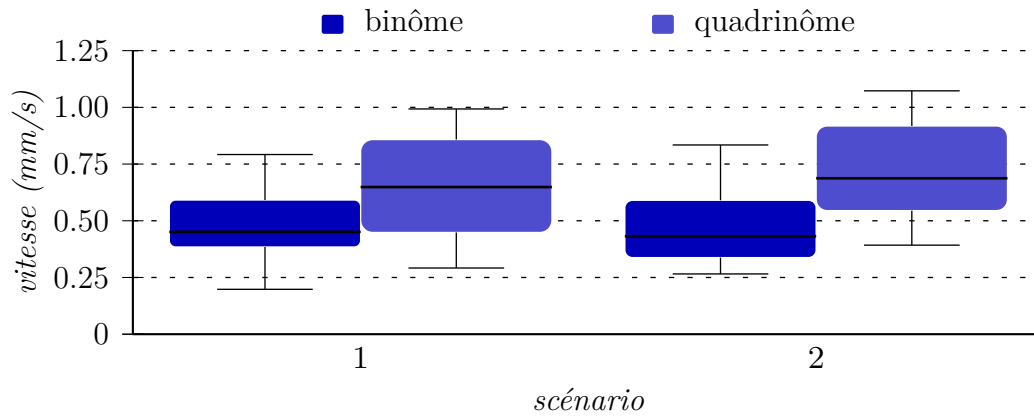


Figure 5.8 – Vitesse moyenne sur les scénarios en fonction du nombre de participants

La figure 5.8 présente la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d3} de chaque scénario \mathcal{V}_{i2} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d3} du scénario 1 ($\chi^2 = 4.5$, $df = 1$, $p = 0.034$) ; la vitesse des quadrinômes est supérieure de 27.6 %. De la même façon, l'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d3} du scénario 2 ($\chi^2 = 8$, $df = 1$, $p = 0.005$) ; la vitesse des quadrinômes est supérieure de 46.9 %.

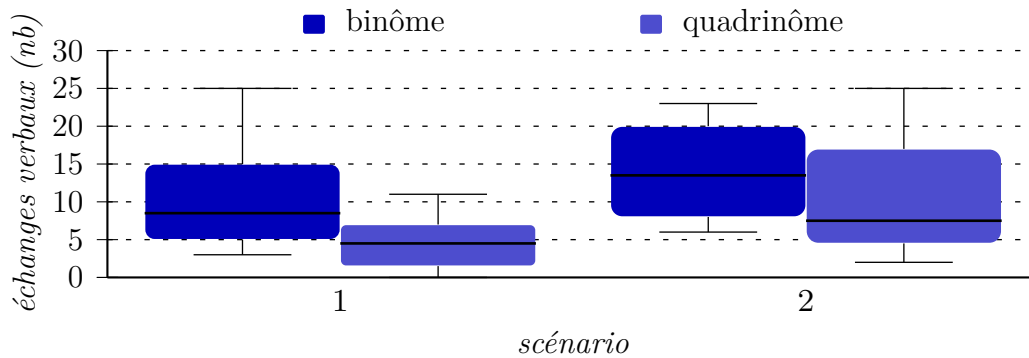


Figure 5.9 – Nombre d'échanges verbaux sur les scénarios en fonction du nombre de participants

La figure 5.9 présente le nombre d'échanges verbaux \mathcal{V}_{d5} de chaque scénario \mathcal{V}_{i2} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le nombre d'échanges verbaux \mathcal{V}_{d5} du scénario 1 ($\chi^2 = 11.8$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) ; le nombre d'échanges est inférieur de -54.5 % pour les quadrinômes. De la même façon, l'analyse montre un effet significatif

du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le nombre d'échanges verbaux \mathcal{V}_{d5} du scénario 2 ($\chi^2 = 4.3$, $df = 1$, $p = 0.039$) ; le nombre d'échanges est inférieur de -12% pour les quadrinômes.

Analyse et discussion

Les deux tâches proposées sont de natures très différentes. Malgré l'apprentissage, la figure 5.5 page 119 montre que la molécule Ubiquitin a été la plus longue à réaliser malgré l'apprentissage : la tâche collaborative étroitement couplée (scénario 2) est plus complexe que la tâche faiblement couplée (scénario 1). De plus, de nombreux groupes ont atteint la limite de 10 mn lors de la réalisation du scénario 2 (Ubiquitin). Nous pouvons en déduire que la collaboration étroitement couplée est plus complexe à appréhender.

L'étude précédente présentée dans le chapitre 3 page 53 a montré que les performances sont meilleures lorsque les ressources disponibles (outils de déformation) sont distribuées entre plusieurs utilisateurs et qu'il est préférable que les utilisateurs manipulent de manière monomanuelle. Pourtant, on constate sur la figure 5.6 page 120 que les quadrinômes obtiennent des performances similaires aux binômes, indépendamment du scénario. Les binômes et les quadrinômes ont également effectué des fréquences de sélections similaires ce qui appuie ce résultat (voir figure 5.7 page 120).

Pourtant, la figure 5.8 page précédente montre des différences significatives, en terme de vitesse, entre les binômes et les quadrinômes. L'étude exposée par ROETHLISBERGER *et al.* [1939] a mis en évidence ce phénomène de *facilitation sociale* : les utilisateurs se motivent entre eux pour réaliser la tâche. Il permet aux quadrinômes de générer une activité intense avec peu de phases de relâchement. La vitesse moyenne est ainsi augmentée de manière significative sur toute la durée de la tâche.

Dans l'étude précédente, nous avons également mis en évidence la présence de conflits de coordination chez les binômes. Ces conflits de coordination entravent la progression de la tâche. Cependant, nous avons constaté que les sujets parviennent à résoudre ces conflits grâce à la communication verbale. Dans cette troisième expérimentation, la figure 5.9 page précédente montre que le nombre d'échanges verbaux en quadrinôme est inférieur à celui en binôme. Ce résultat est surprenant étant donné que le nombre d'interactions possibles entre les sujets (et donc les conflits de coordination potentiels) sont plus nombreux chez les quadrinômes. En effet, un conflit de coordination intervient lorsqu'au moins deux collaborateurs manipulent sur la même zone

de travail. Les combinaisons possibles de conflits dans un quadrinôme sont donc plus nombreuses que dans un binôme.

À partir d'observations effectuées durant la phase expérimentale, nous avons pu constater que certains sujets se montrent relativement silencieux, même en situation de conflit de coordination. La section 5.4.3 page 127 montre que la présence d'un meneur modifie les processus de communication verbale au sein d'un groupe.

Dans cette section, nous n'avons constaté aucune évolution des performances entre les binômes et les quadrinômes. Cette conservation des performances est présente malgré un nombre potentiel de conflits de coordination important et une communication verbale faible chez les quadrinômes. L'augmentation de la vitesse moyenne, provoquée par le phénomène de facilitation sociale déjà remarqué par ROETHLISBERGER *et al.* [1939], permet d'expliquer ces performances. En effet, la facilitation sociale permet de réduire les phases d'inaction en stimulant l'intérêt des sujets pour la tâche à réaliser. Afin d'améliorer les performances d'un quadrinôme, il faudrait faciliter les communications pour une gestion optimale des conflits de coordination.

5.4.2 Utilité du *brainstorming* pour la collaboration

Cette section nous permettra d'étudier l'effet du *brainstorming* sur les performances des sujets. Nous présentons tout d'abord les analyses statistiques accompagnées de graphiques puis nous discuterons ces résultats.

Données et tests statistiques

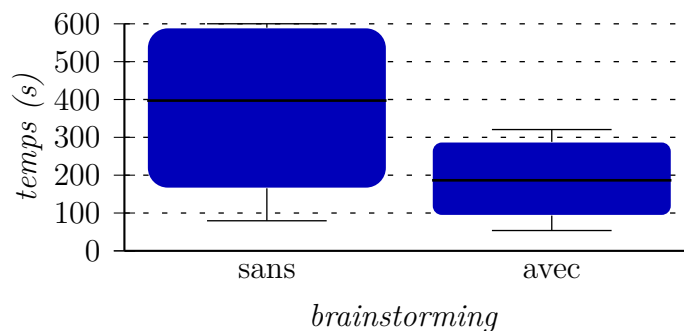


Figure 5.10 – Temps de réalisation avec ou sans *brainstorming*

La figure 5.10 présente le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} en fonction des groupes avec ou sans *brainstorming* \mathcal{V}_{i3} . L'analyse montre un effet significatif du

brainstorming \mathcal{V}_{i3} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} ($\chi^2 = 11.2$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) inférieur de -36.6% .

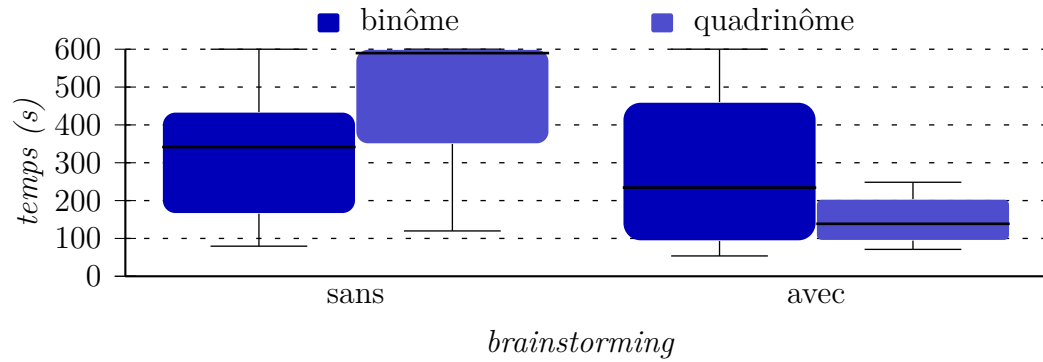


Figure 5.11 – Temps de réalisation des scénarios en fonction des groupes avec ou sans *brainstorming*

La figure 5.11 présente le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} pour les groupes avec ou sans *brainstorming* \mathcal{V}_{i3} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du *brainstorming* \mathcal{V}_{i3} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} des binômes ($\chi^2 = 0.9$, $df = 1$, $p = 0.333$). Cependant, l'analyse montre un effet significatif du *brainstorming* \mathcal{V}_{i3} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} des quadrinômes ($\chi^2 = 13.1$, $df = 1$, $p \ll 0.05$); le temps de réalisation est diminué de -68.6% avec le *brainstorming*.

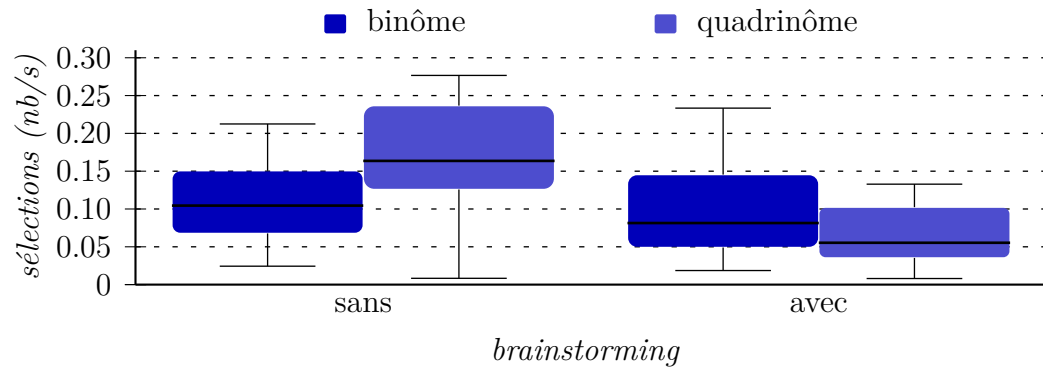


Figure 5.12 – Fréquence des sélections sur les scénarios en fonction des groupes avec ou sans *brainstorming*

La figure 5.12 présente la fréquence de sélection \mathcal{V}_{d2} pour les groupes avec ou sans *brainstorming* \mathcal{V}_{i3} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du *brainstorming* \mathcal{V}_{i3} sur la fréquence de sélection \mathcal{V}_{d2} des binômes ($\chi^2 = 1.2$, $df = 1$, $p = 0.265$). Cependant, l'analyse

montre un effet significatif du *brainstorming* \mathcal{V}_{i3} sur la fréquence de sélection \mathcal{V}_{d2} des quadrinômes ($\chi^2 = 11$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) ; la fréquence des sélections est diminuée de -54.5% avec le *brainstorming*.

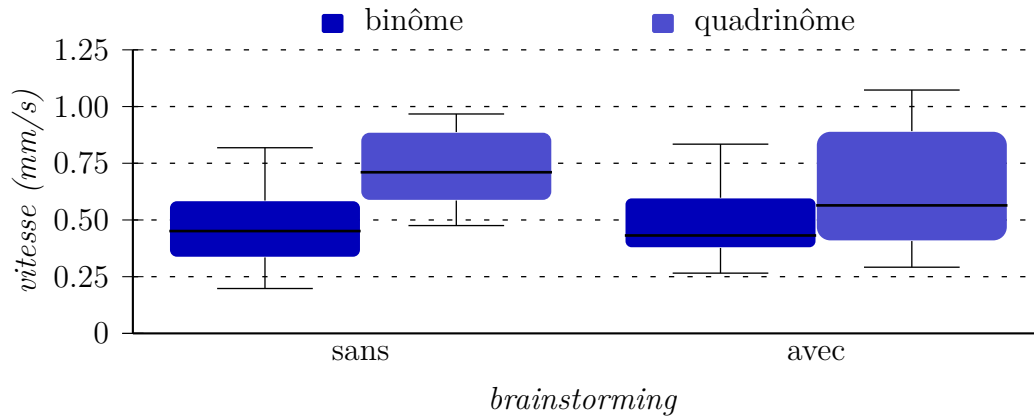


Figure 5.13 – Vitesse moyenne sur les scénarios en fonction des groupes avec ou sans *brainstorming*

La figure 5.13 présente la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d3} pour les groupes avec ou sans *brainstorming* \mathcal{V}_{i3} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du *brainstorming* \mathcal{V}_{i3} sur la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d3} des binômes ($\chi^2 = 0.1$, $df = 1$, $p = 0.727$). De la même façon, l'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif du *brainstorming* \mathcal{V}_{i3} sur la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d3} des quadrinômes ($\chi^2 = 1.5$, $df = 1$, $p = 0.228$).

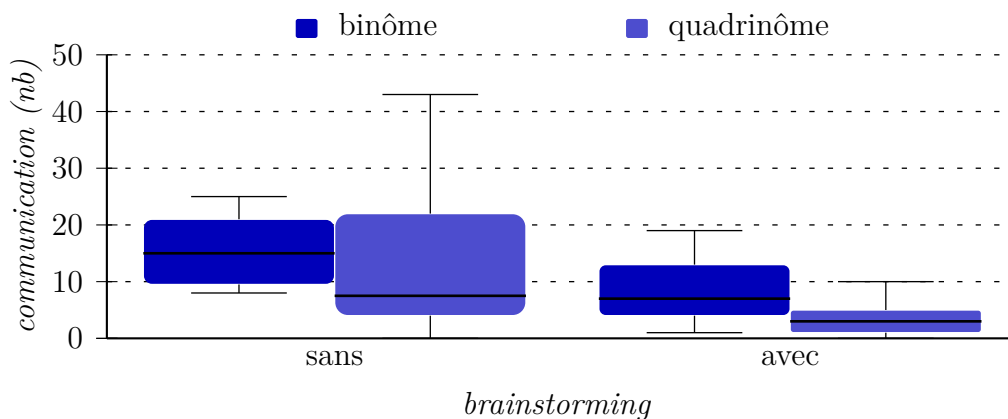


Figure 5.14 – Nombre d'ordres verbaux sur les scénarios en fonction des groupes avec ou sans *brainstorming*

La figure 5.14 présente le nombre d'ordres verbaux \mathcal{V}_{d5} pour les groupes avec ou sans *brainstorming* \mathcal{V}_{i3} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . L'analyse

montre un effet significatif du *brainstorming* \mathcal{V}_{i3} sur le nombre d'ordres verbaux \mathcal{V}_{d5} des binômes ($\chi^2 = 12.9$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) ; le nombre d'ordres est diminué de -46.8% avec le *brainstorming*. De la même façon, l'analyse montre un effet significatif du *brainstorming* \mathcal{V}_{i3} sur le nombre d'ordres verbaux \mathcal{V}_{d5} des quadrinômes ($\chi^2 = 4.1$, $df = 1$, $p = 0.042$) ; le nombre d'ordres est diminué de -75% avec le *brainstorming*.

Analyse et discussion

La figure 5.14 page précédente nous permet de constater une baisse significative du nombre d'échanges verbaux pour les sujets ayant eu une période de *brainstorming*. Le *brainstorming* permet une réflexion préalable sur la tâche afin d'aboutir à une stratégie de travail concernant différents éléments :

- répartition et distribution du travail ;
- organisation du travail dans l'espace ;
- organisation du travail dans le temps ;
- identification des rôles de chaque manipulateur ;
- prévisions sur l'évolution de l'environnement.

Cependant, la figure 5.11 page 124 et la figure 5.12 page 124 montrent que le *brainstorming* est surtout profitable aux quadrinômes. En effet, les binômes n'obtiennent aucune évolution significative des performances avec *brainstorming*. De même, la figure 5.13 page précédente montre que la vitesse moyenne de l'effecteur terminal des binômes n'évolue pas.

Deux raisons expliquent pourquoi le *brainstorming* ne permet pas aux binômes d'améliorer leurs performances. Le *brainstorming* étant utilisé pour définir une stratégie de travail, il permet de réduire le nombre de conflits de coordination. Le nombre de conflit de coordination pour les binômes étant potentiellement plus faible que celui des quadrinômes, l'intérêt du *brainstorming* est amoindri. De plus, nous avons vu que la gestion des conflits de coordination s'effectue par une communication verbale. La communication en binôme est relativement naturelle (simple conversation) alors que la communication dans un groupe de plus de trois sujets s'avère plus complexe : problème de prise de parole, conversation entre deux sujets monopolisant la parole, etc. Sur ce point, les binômes ont peu de marge d'amélioration possible liée au *brainstorming* contrairement aux quadrinômes.

La figure 5.11 page 124 et la figure 5.12 page 124 mettent en évidence l'amélioration des performances pour les quadrinômes. Nous avons vu dans la section 5.4.1 page 119 que les quadrinômes éprouvent des difficultés dans la résolution des conflits de coordination. D'après les figures observées, le *brainstorming* permet l'élaboration d'une stratégie et la définition des rôles de cha-

cun des sujets. L'élaboration d'une stratégie réduit de façon importante le nombre de conflits de coordination pendant la réalisation de la tâche et ainsi améliore les performances. De plus, la définition des rôles de chacun avant le début de la tâche permet de partager la tâche afin d'éviter le phénomène de paresse sociale. Cette conclusion rejoint la suggestion effectuée par LATANÉ *et al.* [1979] concernant l'identification des rôles.

Dans le cas du scénario 1 (Prion), la tâche comporte un faible niveau d'interaction entre les zones à déformer ; elle peut aisément être subdivisée en quatre tâches élémentaires. D'ailleurs, l'analyse des communications verbales lors des *brainstorming* a montré que c'était la stratégie choisie par tous les groupes.

Le scénario 2 (Ubiquitin) comportant un fort niveau d'interaction, nécessite plus de coordination mais peut être subdivisée en deux tâches élémentaires. Dans ce cas, le *brainstorming* aboutit à une scission du groupe en deux binômes qui réaliseront chacun une partie de la déformation. Ceci permet d'avoir des gestions de conflits de coordination locaux et restreints à deux binômes.

La période de *brainstorming* permet de partitionner le temps de réflexion et le temps de manipulation. En effet, l'analyse des communications verbales permet de constater que les groupes n'ayant pas eu de période de *brainstorming* tentent d'élaborer une stratégie de travail pendant la manipulation. Cependant, la manipulation crée une charge de travail importante. Les capacités de travail des sujets sont alors partagées entre la manipulation et l'élaboration d'une stratégie. Les sujets ne sont pas pleinement attentifs à l'élaboration de la stratégie et peuvent ne pas être attentifs au même instant que leurs collègues. La stratégie élaborée est alors de qualité inférieure.

Cette section montre l'intérêt d'un *brainstorming* pour structurer les groupes. En effet, elle permet d'éviter les problèmes de paresse sociale en stimulant l'identification de rôles pour chaque utilisateur. Nous verrons dans la section suivante que le groupe va s'organiser autour d'un meneur et que les collaborateurs seront plutôt dans un rôle de suiveurs.

5.4.3 Définition d'un meneur

Cette section va définir les caractéristiques d'un meneur. Nous utiliserons les données d'un groupe représentatif pour alimenter notre propos. Cependant, étant donné le peu de données que représente un seul groupe, aucune analyse de la variance n'est présentée.

Données et statistiques

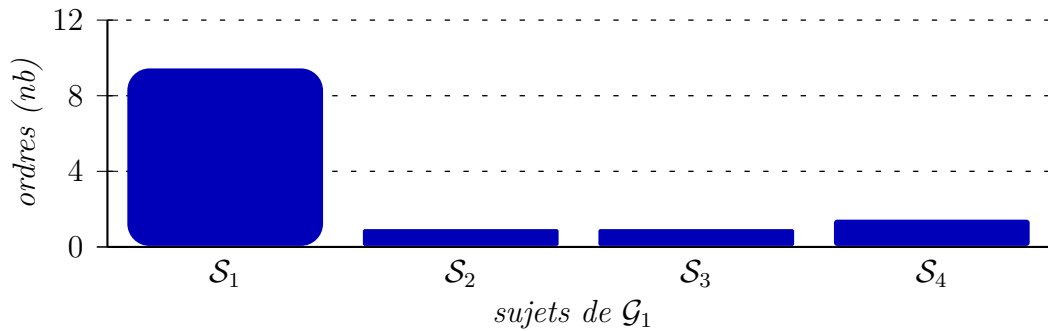


Figure 5.15 – Nombre d’ordres donnés par chacun des sujets de \mathcal{G}_1

La figure 5.15 présente le nombre d’ordres donnés \mathcal{V}_{d5} en fonction des sujets du groupe \mathcal{G}_1 . On observe que le sujet S_1 donne plus d’ordres que la moyenne (65.8% de plus que la moyenne).

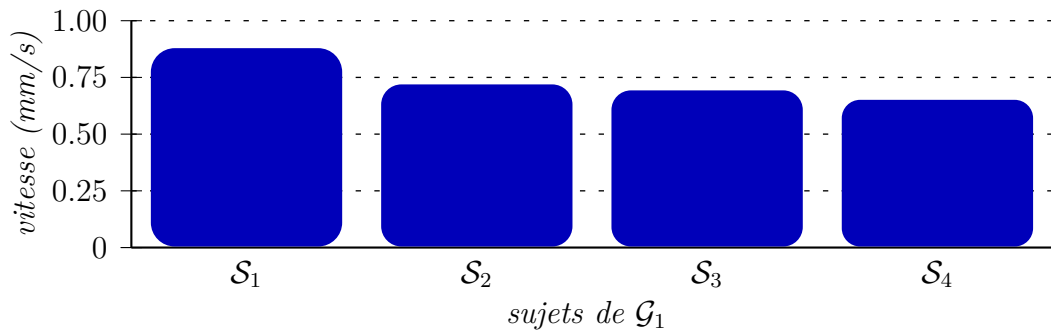


Figure 5.16 – Vitesse moyenne des effecteurs terminaux pour chacun des sujets de \mathcal{G}_1

La figure 5.16 présente la vitesse moyenne des effecteurs terminaux \mathcal{V}_{d3} en fonction des sujets du groupe \mathcal{G}_1 . On observe que le vitesse du sujet S_1 est plus élevée que la moyenne (16.2% de plus que la moyenne).

La figure 5.17 page ci-contre présente les profils de force \mathcal{V}_{d4} des sujets S_1 et S_2 du groupe \mathcal{G}_1 . Chaque période où la force est maintenue constante représente une sélection (voir figure 5.17b page suivante). On constate un profil très chaotique pour le sujet S_1 avec un grand nombre de sélections (11 sélections). Par opposition, le profil du sujet S_2 est très peu chaotique avec un petit nombre de sélections (4 sélections d’un temps supérieur à 10 s). De plus, les efforts maximaux produits par le sujet S_2 sont plus importants que ceux du S_1 (5 N pour S_2 contre 4 N pour S_1).

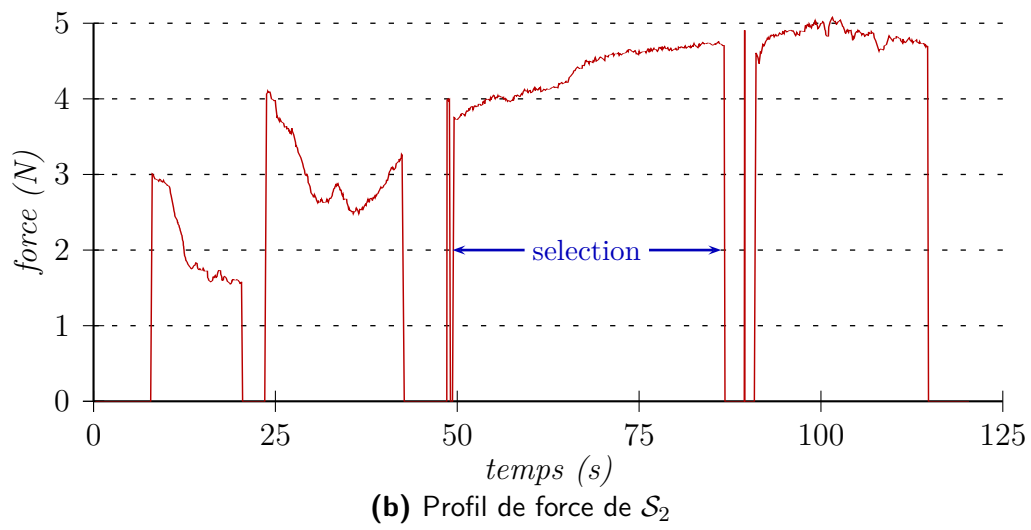
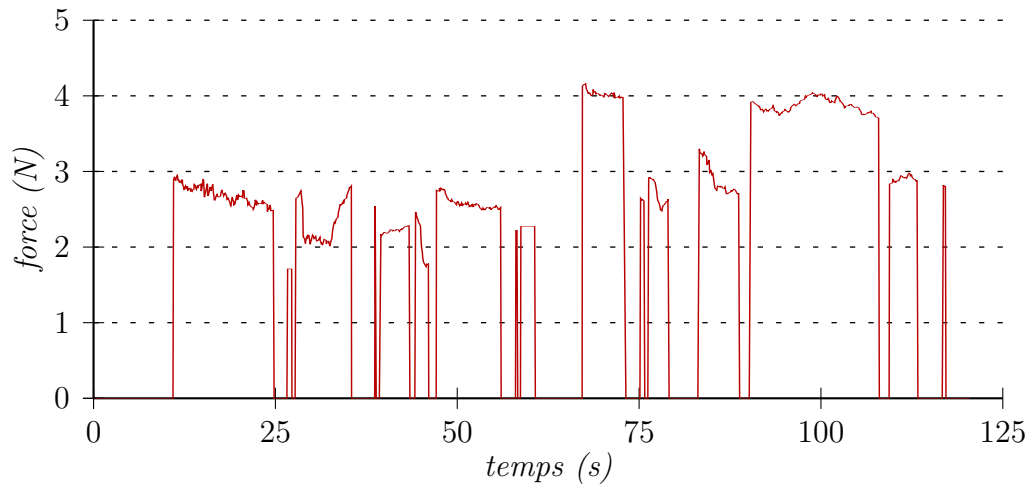


Figure 5.17 – Profil de force du groupe \mathcal{G}_1 sur la molécule Prion

Analyse et discussion

Le meneur est celui qui dirige les opérations. Dans notre population, les groupes ne possèdent *a priori* pas de meneur : ils sont appelés « structures informelles » [ROETHLISBERGER *et al.* 1939]. Dans la précédente section, nous avons identifié l'émergence de rôles, en particulier grâce au *brainstorming*. Parmi les rôles, on distingue le rôle du meneur, déjà identifié dans les travaux de BALES [1950] et les rôles de suiveurs.

La figure 5.16 page 128 et la figure 5.17a page précédente nous permet de déterminer la stratégie de travail du meneur. En effet, on constate un grand nombre de sélections ainsi qu'une vitesse élevée. Le meneur explore l'environnement pour prendre des décisions. Il effectue des sélections de courte durée avec une force relativement faible. Ces nombreuses sélections ont pour objectif d'explorer différentes zones de la molécule pour évaluer le travail à effectuer. Ainsi, il distribue des tâches élémentaires de déformation aux autres sujets en fonction de son analyse.

Par opposition, les suiveurs n'explorent pas l'environnement. En effet, la figure 5.17b page précédente montre un nombre de sélections peu élevées mais des sélections maintenues sur une longue période de temps. Cette longue période de temps correspond à une déformation d'une cible vers un objectif fixe. La déformation a pu être proposée par le meneur. Les manipulations des suiveurs sont plutôt longues et lentes (voir figure 5.16 page 128) car les déformations nécessitent une manipulation précise. De plus, l'effort déployé est plus important car toute l'attention du suiveur est portée sur la déformation. Le meneur ne déploie pas autant de force car son objectif est d'explorer l'environnement, pas de déformer.

Pour conclure cette section, le meneur a un rôle crucial dans la dynamique du groupe. C'est lui qui va définir et répartir les tâches : il élabore la stratégie du groupe. Cette répartition permet à chaque sujet de se faire attribuer une tâche bien identifiée. Cette identification est nécessaire pour éviter le phénomène de paresse sociale (voir section 5.4.2 page 123) et permet ainsi d'améliorer les performances.

5.5 Conclusion

5.5.1 Résumé des résultats

Cette expérience a permis d'étudier et de comparer des binômes en configuration bimanuelle avec des quadrinômes en configuration monomanuelle. L'ob-

jectif était d'observer l'évolution des performances en fonction du nombre de participants ainsi que les nouvelles contraintes liées aux dynamiques de groupe.

Les résultats ont montré que l'augmentation du nombre de sujets ne permettait pas systématiquement d'améliorer les performances du groupe. En effet, les quadrinômes, bien que plus rapides dans leurs mouvements grâce au phénomène de *facilitation sociale*, obtiennent des performances identiques aux binômes. Les quadrinômes perdent du temps dans la résolution des conflits de coordination qui sont plus nombreux que chez les binômes.

Cependant, le *brainstorming* permet une organisation préalable du groupe permettant de meilleures performances tout en réduisant le nombre de conflits de coordination. L'élaboration d'une stratégie de travail est surtout profitable aux quadrinômes qui sont potentiellement confrontés à de nombreux conflits de coordination.

De plus, ce *brainstorming* permet de faire rapidement émerger les rôles au sein de cette structure informelle. L'émergence d'un meneur est nécessaire pour structurer le groupe, diviser le travail et répartir les tâches. D'un autre côté, les suiveurs acceptent la présence de ce meneur et l'assistent dans la réalisation de la tâche. Le meneur cherche à établir une stratégie globale en explorant continuellement l'environnement. Les suiveurs effectuent plutôt des déformations locales sur des durées plus importantes.

Cette expérimentation montre que l'augmentation du nombre d'utilisateurs est bénéfique sous certaines réserves concernant la structure du groupe. Par exemple, un *brainstorming*, préalable à la réalisation de la tâche, permet de structurer un groupe.

5.5.2 Synthèse et perspectives

Nous venons de montrer l'intérêt de structurer les groupes pour effectuer des tâches collaboratives étroitement couplée. Sur la base des résultats obtenus, nous allons pouvoir proposer une configuration de travail intégrant l'ensemble des facteurs identifiés.

Pour commencer, nous avons mis en avant la nécessité de faire émerger rapidement les rôles de meneurs et de suiveurs. Le groupe est ainsi coordonné par le meneur ce qui permet de limiter les conflits de coordination.

Cependant, la manière de travailler du meneur est très différente de celle d'un suiveur. Des outils haptiques adaptés aux besoins de chaque rôle seront proposés afin d'améliorer les moyens d'interaction de chacun. En l'occurrence,

le meneur n'a pas réellement besoin d'un outil de déformation mais plutôt d'un outil d'exploration.

En ce qui concerne le suiveur, il est principalement affecté à la réalisation de déformations locales. Il faut lui fournir un outil permettant d'effectuer des déformations locales et précises. Cependant, il faut également lui faciliter la communication avec le meneur et lui permettant d'accéder rapidement aux consignes.

La majorité de ces fonctionnalités seront implémentées dans la dernière version de la plateforme puis testées, notamment par des biologistes. Ces outils seront évalués à la fois en terme d'amélioration sur les performances mais également en terme d'utilisabilité.

Travail collaboratif assisté par haptique

Sommaire

6.1	Introduction	134
6.2	Assistance haptique pour la communication . .	134
6.2.1	Travaux existants	134
6.2.2	Outils haptiques pour la collaboration	135
6.2.3	Objectifs	136
6.3	Présentation de l'expérimentation	137
6.3.1	Description de la tâche	137
6.3.2	Spécificités du protocole expérimental	138
6.4	Résultats	143
6.4.1	Amélioration des performances	143
6.4.2	Amélioration de la communication	149
6.4.3	Évaluation qualitative	154
6.5	Conclusion	156
6.5.1	Résumé des résultats	156
6.5.2	Synthèse et perspectives	158

6.1 Introduction

Sur la base des résultats obtenus dans les trois études précédentes, nous avons développé des outils haptiques afin d'améliorer la collaboration entre les utilisateurs dans la réalisation d'un *docking* moléculaire. Nous avons également identifié un certain nombre de paramètres permettant d'améliorer les performances d'un groupe (identification des rôles, *brainstorming*, présence d'un meneur, *etc.*) afin de les intégrer dans cette dernière expérimentation. Ce chapitre a pour but de tester et d'évaluer les outils proposés et les méthodologies de travail dans un contexte de déformation moléculaire.

Ce dernier chapitre sera également l'occasion de confronter la plateforme Shaddock à des experts en biologie moléculaire. En effet, il est nécessaire pour cette dernière étape d'avoir l'avis de spécialistes afin d'évaluer l'utilisabilité de la plateforme et de confirmer la validité de ce processus de travail.

6.2 Assistance haptique pour la communication

Dans cette section, nous commencerons par présenter les travaux existants en terme de communication haptique. Puis nous exposerons les choix qui ont guidés le développement des outils haptiques proposés. Enfin, nous présenterons les objectifs de cette quatrième et dernière expérimentation.

6.2.1 Travaux existants

Le concept de communication haptique a été initié par les travaux de SALLNÄS *et al.* [2000] avec une étude sur la manipulation synchrone d'objets 3D dans environnement virtuel. Les utilisateurs disposent d'un outil haptique leur permettant d'exercer une pression sur les objets 3D virtuels ; il faut alors deux utilisateurs pour soulever un objet en exerçant une pression de chaque côté de l'objet. Sur le même principe de manipulation synchrone, BAŞDOĞAN *et al.* [2000] proposent le déplacement d'un anneau par une manipulation en binôme coordonnée ; l'anneau doit passer autour d'un fil sans le toucher. Les résultats de ces deux études montrent clairement que l'utilisation de la modalité haptique permet des améliorations significatives pour la coordination entre les partenaires.

Sur la base de ces résultats, OAKLEY *et al.* [2001] propose de créer des outils haptiques pour la création de diagrammes UML en environnement 2D.

Il fournit aux utilisateurs différents outils haptiques permettant d'interagir avec le partenaire :

- ressentir le curseur du partenaire avec la possibilité de le pousser ;
- attraper et guider le curseur du partenaire vers une position choisie ;
- activer à distance un guidage du partenaire vers son propre curseur ;
- activer à distance un guidage de son propre curseur vers celui de son partenaire ;
- ressentir une viscosité plus importante par la proximité du curseur du partenaire.

Dans la continuité de OAKLEY *et al.* [2001], MOLL et SALLNÄS [2009] expérimentent des outils haptiques similaires dans un environnement virtuel de construction par bloc en 3D. Ces deux dernières études prouvent que la communication entre deux partenaires par l'intermédiaire de la modalité haptique est possible. D'ailleurs, MOLL et SALLNÄS [2009] soulignent la pertinence des retours haptiques pour la désignation de cibles en environnement virtuel.

Le terme *communication haptique* a pris tout son sens avec les premières tentatives de *langages haptiques*. Tout d'abord, CHANG *et al.* [2002] proposent d'augmenter l'information d'une communication par *talkies-walkies* avec différents types de vibrations. Puis, ENRIQUEZ *et al.* [2006] crée une liste de phonèmes haptiques permettant la communication. Il constate cependant qu'une telle solution nécessite un fort apprentissage (≈ 45 mn) pour une utilisation persistente. CHAN *et al.* [2008] utilise également des mots haptiques pour aider et assister la prise de contrôle d'un système lors de la réalisation d'une tâche collaborative.

Récemment, ULLAH [2011] s'est intéressé à l'influence de la communication haptique sur le sentiment de présence et sur la conscience périphérique (voir ?? page ??). Tout d'abord avec une étude sur la manipulation collaborative d'un bras articulé en environnement virtuel, il montre une amélioration de la conscience périphérique [NAUD *et al.* 2009]. Puis, en proposant une tâche de déplacement d'objet virtuel coordonné (une cheville à déplacer dans un trou), ULLAH *et al.* [2010] montre une amélioration significative du sentiment de présence et de la conscience périphérique.

6.2.2 Outils haptiques pour la collaboration

Sur la base de cet état de l'art et des conclusions obtenues au fil des trois études précédentes, plusieurs propositions s'imposent pour le développement d'outils haptiques de collaboration.

Pour commencer, la présence d'un meneur répond à deux contraintes identifiées lors de la troisième expérimentation : l'identification des rôles et la coordination des tâches. Afin de forcer une identification des rôles, nous allons proposer un outil spécifique destiné seulement au meneur et des outils de déformations pour les suiveurs. De plus, nous avons vu que le meneur élabore une stratégie en explorant l'environnement virtuel ; c'est lui qui aura accès aux outils d'orientation et de manipulation de la molécule.

Le meneur aura à sa disposition une période de *brainstorming* durant laquelle il pourra manipuler la molécule afin de discuter avec ces collaborateurs de la meilleure stratégie à adopter. Durant cette phase de travail, seul l'outil d'orientation, détenu par le meneur, sera activée.

Étant donné qu'il détermine les tâches à effectuer par les suiveurs, il faut également qu'il ait la possibilité d'indiquer des cibles durant la tâche de déformation. Nous avons souligné ce point lors de la première expérimentation et MOLL et SALLNÄS [2009] met en avant la pertinence de la modalité haptique pour effectuer une désignation.

Cette première expérimentation avait également permis d'identifier une stratégie offrant un bon compromis entre la collaboration et les conflits de coordination : l'interaction en champs voisins. Pour mémoire, les interactions en champs voisins correspondent à la manipulation de deux zones distantes d'environ un résidu. Afin de favoriser ce type de stratégie, les outils proposés agiront de préférence à l'échelle des résidus en laissant la possibilité le cas échéant, de manipuler au niveau atomique afin d'avoir accès à un niveau de déformation fin..

Pour finir, la seconde expérimentation a mis en avant la difficulté d'utiliser deux outils de déformation en configuration bimanuelle. C'est pourquoi, les opérateurs qui seront chargés d'effectuer la déformation seront en configuration monomanuelle avec à leur disposition un unique outil de déformation. Le meneur, qui aura à sa disposition des outils moins complexes à utiliser, manipulera en configuration bimanuelle.

6.2.3 Objectifs

Dans cette expérimentation, nous proposons des outils haptiques pour assister la communication entre les partenaires et souhaitons les tester dans le cadre d'une tâche de déformation collaborative de molécule.

MOLL et SALLNÄS [2009] ont montré la pertinence de la modalité haptique pour la communication et en particulier pour le processus de désignation. Sur

la base de la configuration collaborative détaillée précédemment (voir section 6.2.2 page 135), nous souhaitons étudier la contribution des outils haptiques proposés pour l'amélioration des performances puis de la communication dans le groupe.

De plus, cette dernière expérimentation est l'occasion de confronter la plateforme et les méthodes de travail proposées à des experts susceptibles d'utiliser un tel environnement de travail. C'est pourquoi une partie des sujets évalués sera constituée de biologistes œuvrant dans le domaine de la biologie moléculaire et sensibilisés aux plateformes d'interaction avec les environnements moléculaires virtuels. Ces sujets permettront d'obtenir des avis pertinents sur l'utilité des outils proposés et sur les évolutions possibles.

6.3 Présentation de l'expérimentation

6.3.1 Description de la tâche

La tâche proposée est de nature similaire à celle exposée dans la seconde expérimentation et la troisième expérimentation, il faut modifier la conformation initiale d'une molécule pour atteindre une conformation stable (voir section 4.3.1 page 84). Pour la première fois, ils seront soumis à une tâche de *docking* moléculaire faisant intervenir deux molécules.

La tâche est proposée à des groupes de trois sujets : les *trinômes*. Dans ces *trinômes*, un « coordinateur » et deux « opérateurs » ont à leur disposition différents outils pour l'orientation, la déformation, la désignation ou la manipulation. Le coordinateur jouera le rôle du *meneur*. Les sujets ont la possibilité de communiquer sans restriction par différents canaux : oral, gestuel ou virtuel.

Durant cette expérimentation, nous présentons aux sujets cinq molécules ; trois d'entre elles sont utilisées pour l'entraînement. Chaque molécule est présentée dans la section A.2.1 page 205. Les cinq molécules sont utilisées pour les différents scénarios décrits ci-dessous.

Entraînement 1 Le premier entraînement est destiné à familiariser les sujets avec l'outil de désignation ainsi qu'avec la structure du groupe. Cet entraînement se déroule sur la molécule TRP-CAGE. La tâche est volontairement peu complexe. Elle est destinée à enseigner aux sujets les étapes du processus de désignation (voir section 2.4.3 page 51).

Entraînement 2 La seconde phase d'entraînement s'effectue sur la molécule Prion qui est de taille plus importante. C'est dans cette phase que

sont introduits les outils de communication haptique pour les phases de désignation. Cet entraînement permet de renforcer l'apprentissage du processus de désignation sur une tâche plus complexe en ajoutant la modalité haptique.

Entraînement 3 La dernière phase d'entraînement s'adresse au coordinateur puisqu'elle introduit l'outil de manipulation qui jusqu'à présent n'a pas été utilisé. La molécule TRP-ZIPPER, de petite taille, a été choisie. La molécule est rendue solidaire de l'outil de manipulation pour que le coordinateur puisse découvrir ce nouvel outil.

Scénario 1 La première tâche à réaliser est la déformation de la molécule Ubiquitin. La déformation proposée est identique à la déformation proposée dans la troisième expérimentation. En effet, cette tâche s'est révélée très intéressante pour stimuler une collaboration étroite. Dans cette tâche, seuls les outils de désignation, de déformation et d'orientation sont activés ; la molécule Ubiquitin est ancrée dans l'environnement virtuel à l'aide d'atomes fixes.

Scénario 2 La seconde tâche consiste à reconstituer le complexe de molécules NUSE:NUSG. La molécule NUSG est laissée libre de mouvement (pas d'atome fixes) et doit être amarrée à la molécule NUSE : c'est une tâche de *docking* moléculaire simplifiée. On distingue deux phases dans cette tâche ; il faut approcher la molécule NUSG ; puis il faut affiner l'amarrage par une déformation interne de NUSG. Tous les outils (désignation, déformation, orientation et manipulation) sont activés dans ce scénario ; la molécule NUSG est solidaire de l'outil de manipulation. La molécule NUSE est ancrée dans l'environnement virtuel à l'aide d'atome fixes (sa chaîne carbonée).

Durant l'expérimentation, les sujets disposent de deux informations calculées en temps-réel. La première mesure est le score `RMSD`, déjà décrit dans la section 4.3.1 page 84. La seconde mesure est l'énergie totale du système, valeur calculée par `NAMD` et représentant la synthèse des énergies électriques et des énergies de VAN DER WAALS.

6.3.2 Spécificités du protocole expérimental

Les sections suivantes décrivent l'ensemble des modifications apportées à la plateforme de base (voir chapitre A page 203) et principalement aux outils d'interaction. La méthode expérimentale est exposée dans la section B.4 page 219. Un résumé de cette méthode se trouve dans la table 6.1 page 144.

Matériel utilisé

Dans cette expérimentation, nous introduisons de nouveaux outils destinés à améliorer les interactions entre les membres d'un trinôme. Les deux opérateurs auront à leur disposition deux outils de déformation matérialisés par des PHANTOM Omni®. Le coordinateur aura à sa disposition trois outils :

- une souris USB pour l'outil d'orientation ;
- un PHANTOM Omni® pour l'outil de désignation (lié à un serveur VRPN) ;
- un PHANTOM Desktop® pour l'outil de manipulation (lié à un serveur VRPN).

De la même manière que dans la troisième expérimentation, une caméra vidéo SONY® (HDR-CX550) a été installée derrière les sujets afin de filmer à la fois les sujets et l'écran de vidéoprojection. Le son est également enregistré. Là encore, les vidéos sont exportées et séquencées *a fortiori* à l'aide des logiciels iMovie et ffmpeg.

La figure 6.1 illustre le dispositif expérimental par un schéma. La figure 6.2 page suivante est une photographie de la salle d'expérimentation.

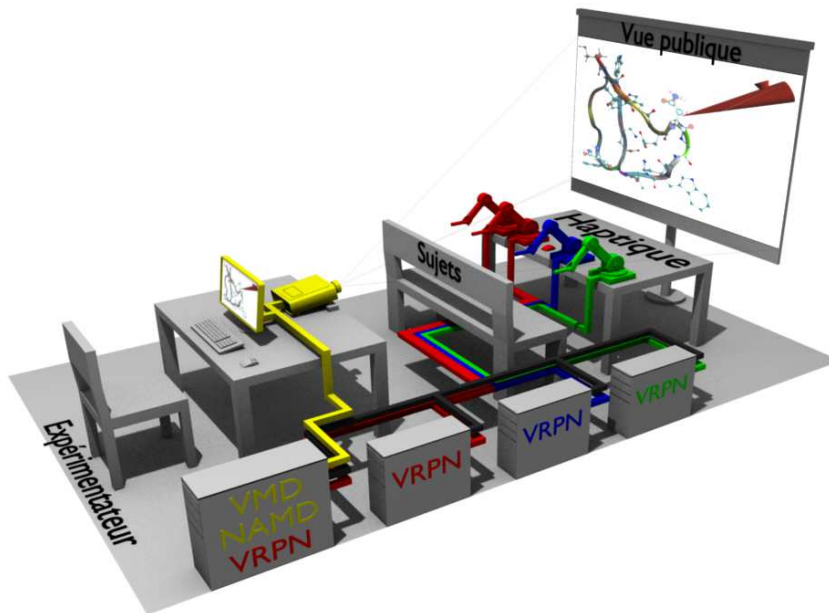


Figure 6.1 – Schéma du dispositif expérimental

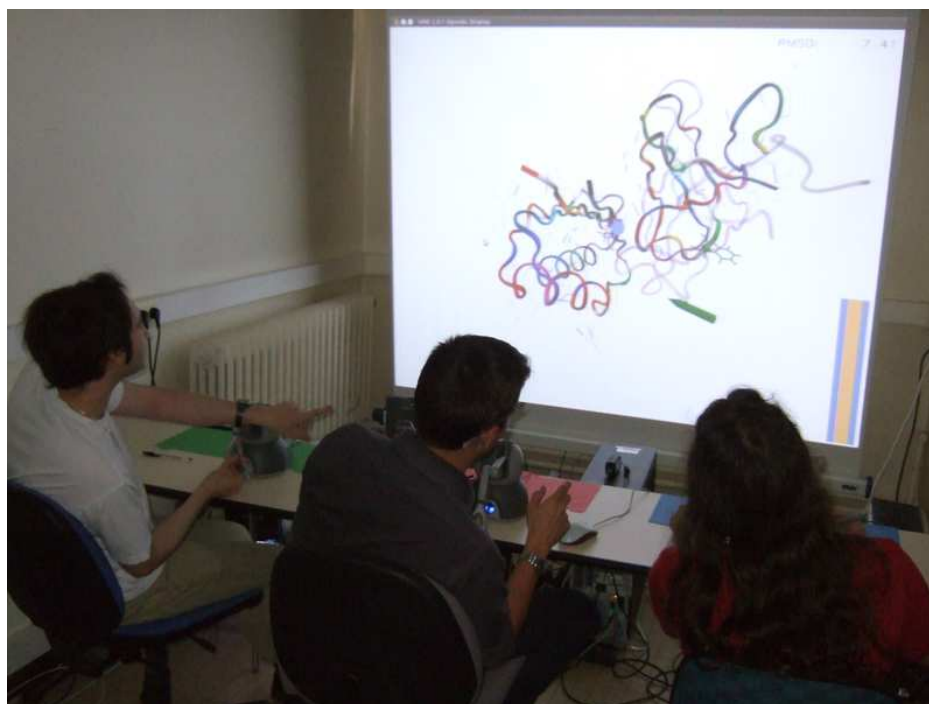


Figure 6.2 – Photographie du dispositif expérimental

Visualisation et représentation

L'affichage des molécules est similaire à celui de la troisième expérimentation présenté dans la section 5.3.2 page 117 : la molécule déformable est représentée en CPK et *NewRibbon* alors que la molécule cible est en *NewRibbon* transparent. Cependant, les molécules étant de taille importante, nous avons décidé de représenter les atomes en transparence et sans couleur afin d'éviter une surcharge visuelle, surtout dans le cas du complexe de molécules NUSE:NUSG. Cependant, nous verrons dans la section suivante que l'outil de désignation permet de mettre en évidence les atomes des résidus désignés par une mise en couleur.

La figure 6.3 page suivante représente la molécule Ubiquitin et la figure 6.4 page ci-contre représente le complexe de molécules NUSE:NUSG.

Outils d'interaction

Pour cette expérimentation, nous avons développé de nouveaux outils héritant des outils de base proposés par VMD. En effet, nous souhaitons apporter une assistance haptique afin d'augmenter la communication sensorielle entre

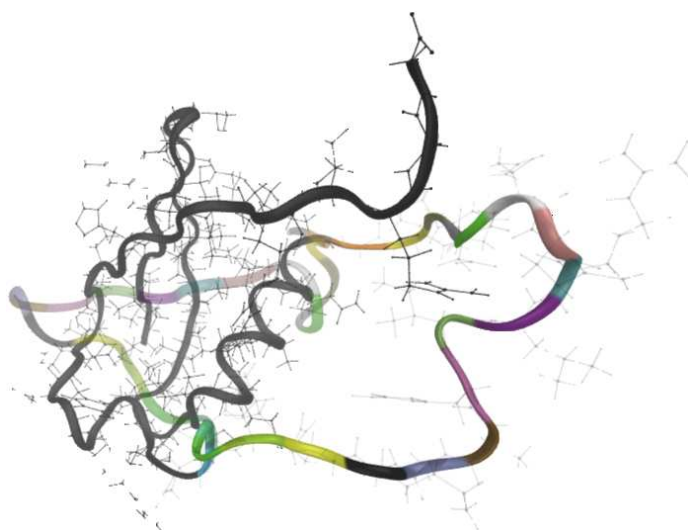


Figure 6.3 – Représentation de la molécule Ubiquitin pour le scénario 1

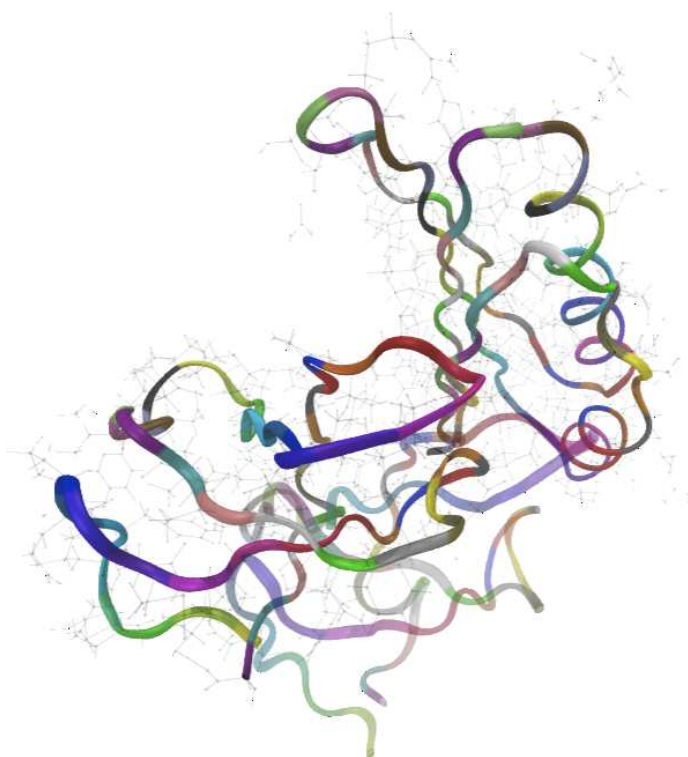


Figure 6.4 – Représentation de la molécule NusE:NusG pour le scénario 2

les sujets. Quatre outils sont proposés dont les fonctionnalités sont résumées ci-après. Pour une description technique détaillée de ces outils, se reporter à la section 2.4.3 page 49.

Outil de désignation

Utilisateur Coordinateur.

Matériel PHANTOM Omni®.

Fonction Permet de désigner un résidu aux opérateurs.

Fonctionnement Un des rôles du coordinateur est de désigner des structures (des résidus) à déformer aux opérateurs. L'opérateur pourra accepter ou non cette désignation. Tant que la cible désignée par le coordinateur n'aura pas été acceptée, le coordinateur pourra modifier la cible courante.

Rendu haptique Lorsque le coordinateur effectue une désignation, une vibration est générée sur son outil. Cette vibration sinusoïdale s'arrête dès qu'un opérateur a accepté la désignation ce qui permet au coordinateur d'être informé que la désignation a été acceptée.

Outil de déformation

Utilisateur Opérateur.

Matériel PHANTOM Omni®.

Fonction Permet de déformer un ou plusieurs atomes.

Fonctionnement Le rôle principal de l'opérateur est déformer un ou plusieurs atomes dans la molécule. Il a la possibilité de déformer des atomes seuls de manière autonome. S'il accepte une désignation proposée par le coordinateur, il a alors la possibilité de déformer un résidu avec une force de déformation plus importante, l'objectif étant de favoriser l'utilisation de cet outil.

Rendu haptique Lorsque le coordinateur effectue une désignation, l'opérateur est soumis à une vibration sinusoïdale sauf si ce dernier est déjà en train de déformer. S'il décide d'accepter la désignation, la vibration s'arrête et l'opérateur est alors attiré directement vers la cible par une attraction de type masse-ressort.

Outil de manipulation

Utilisateur Coordinateur.

Matériel PHANTOM Desktop®.

Fonction Permet de déplacer l'ensemble des atomes d'une molécule.

Fonctionnement Cet outil est attaché à une molécule défini pour chaque scénario. Tout mouvement de cet outil permet de déplacer l'ensemble des atomes de la molécule attachée.

Rendu haptique Le retour haptique est un système masse-ressort qui contraint le coordinateur à rester au centre de la molécule attachée. De plus, toute déformation effectuée par un opérateur est reportée, dans une proportion relativement faible, sur cet outil qui influe ainsi le déplacement global de la molécule.

Outil d'orientation

Utilisateur Coordinateur.

Matériel Souris USB.

Fonction Permet de modifier le point de vue de la scène.

Fonctionnement Cet outil remplace la souris 3D utilisée dans la seconde expérimentation qui s'est montrée trop peu intuitive pour les utilisateurs. Il permet de modifier l'orientation de la scène. Cet outil modifie l'ensemble de la perception de la scène ce qui peut perturber les opérateurs. C'est pourquoi il est proposé comme un troisième outil afin qu'il ne soit utilisé que lorsque c'est vraiment nécessaire.

Rendu haptique Cet outil ne permet de retour haptique.

6.4 Résultats

Cette section présente et analyse l'ensemble des mesures expérimentales de cette quatrième étude. Les données, qui sont appareillées et en faible nombre, ont été analysées par le test des rangs signés de WILCOXON [1945].

6.4.1 Amélioration des performances

Nous abordons ici les performances des groupes afin d'observer les évolutions liées à la présence de l'assistance haptique. Nous commençons par présenter les graphiques accompagnés de leurs analyses statistiques puis nous discuterons ces résultats.

Table 6.1 – Synthèse de la procédure expérimentale

Tâche	Déformation de molécule ou de complexe de molécule		
Hypothèses	\mathcal{H}_1 Performances améliorées par l'assistance haptique \mathcal{H}_2 L'assistance haptique améliore la communication \mathcal{H}_3 La plateforme est appréciée des experts		
Variables indépendantes	\mathcal{V}_{i1} Présence de l'assistance \mathcal{V}_{i2} Molécules à déformer		
Variables dépendantes	\mathcal{V}_{d1} Score RMSD minimum \mathcal{V}_{d2} Temps du score RMSD minimum \mathcal{V}_{d3} Nombre de sélections \mathcal{V}_{d4} Temps moyen d'une sélection \mathcal{V}_{d5} Temps moyen pour accepter une cible \mathcal{V}_{d6} Temps moyen pour atteindre une cible acceptée \mathcal{V}_{d7} Nombre de désignations acceptées \mathcal{V}_{d8} Vitesse moyenne \mathcal{V}_{d9} Temps des communication verbale par sujet \mathcal{V}_{d10} Questionnaire d'utilisabilité et sur la conscience		
Condition \mathcal{C}_1	Condition \mathcal{C}_2	Condition \mathcal{C}_3	Condition \mathcal{C}_4
Sans assistance	Avec assistance	Sans assistance	Avec assistance
Ubiquitin	Ubiquitin	NusE:NusG	NusE:NusG

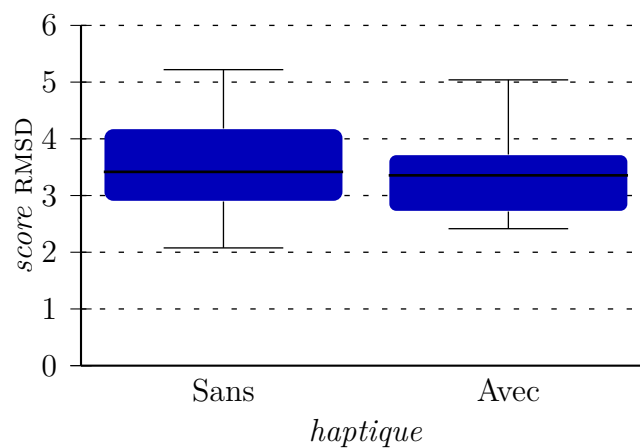


Figure 6.5 – Score RMSD minimum atteint avec et sans haptique

Données et tests statistiques

La figure 6.5 page ci-contre présente le score RMSD minimum atteint \mathcal{V}_{d1} en fonction de la présence de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} sur le score RMSD minimum atteint \mathcal{V}_{d1} ($W = 87$, $p = 0.348$).

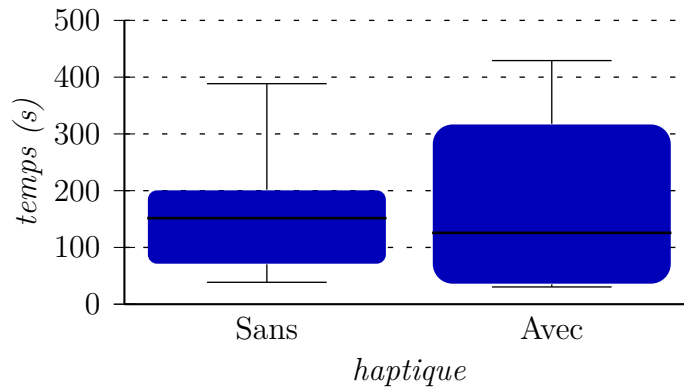


Figure 6.6 – Temps pour atteindre le score RMSD minimum avec et sans haptique

La figure 6.6 présente le temps du score RMSD minimum atteint \mathcal{V}_{d2} en fonction de la présence de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} sur le temps du score RMSD minimum atteint \mathcal{V}_{d2} ($W = 81$, $p = 0.528$).

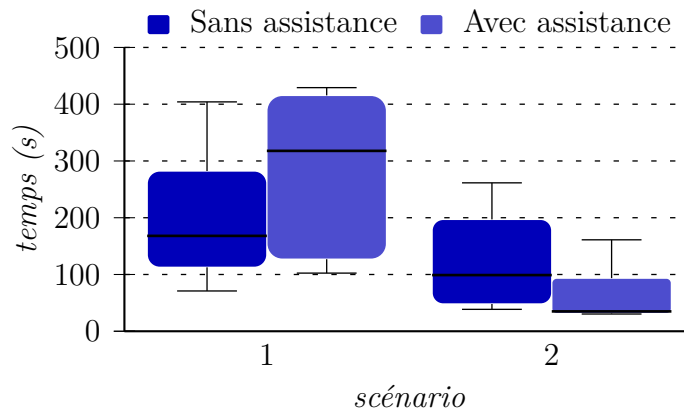


Figure 6.7 – Temps pour atteindre le score RMSD minimum avec et sans haptique pour chaque scénario

La figure 6.7 présente le temps du score RMSD minimum atteint \mathcal{V}_{d2} en fonction de la présence de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} et des scénarios \mathcal{V}_{i2} . L'analyse

montre qu'il n'y a pas d'effet significatif de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} sur le temps du score **RMSD** minimum atteint \mathcal{V}_{d2} pour la molécule Ubiquitin ($W = 13$, $p = 0.547$). L'analyse montre un effet significatif de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} sur le temps du score **RMSD** minimum atteint \mathcal{V}_{d2} pour le complexe de molécules NUSE:NUSG ($W = 36$, $p = 0.008$) ; le temps est inférieur de -48.3% avec l'assistance haptique.

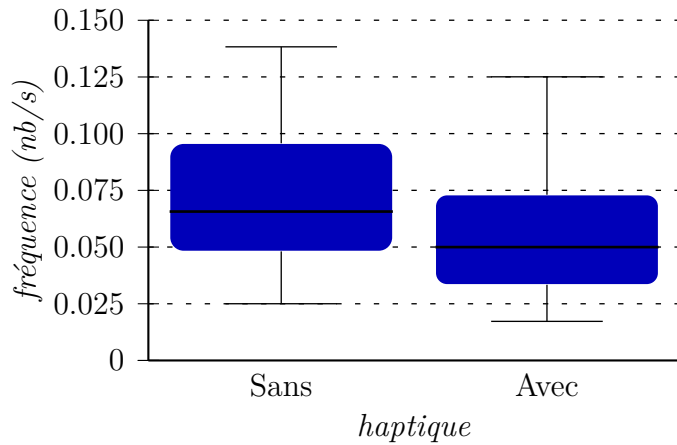


Figure 6.8 – Nombre de sélections par seconde effectuées par un opérateur pour la déformation avec et sans haptique

La figure 6.8 présente le nombre de sélections par seconde effectuées par les opérateurs pour une déformation \mathcal{V}_{d3} en fonction de la présence de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre un effet significatif de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} sur le nombre de sélections \mathcal{V}_{d3} ($W = 401$, $p = 0.009$) ; le nombre de sélections est inférieur de -12.8% avec l'assistance haptique.

La figure 6.9 page ci-contre présente le temps moyen d'une sélection effectuée par un opérateur pour une déformation \mathcal{V}_{d4} en fonction de la présence de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre un effet significatif de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} sur le temps moyen d'une sélection \mathcal{V}_{d4} ($W = 140$, $p = 0.019$) ; le temps de sélection est supérieur de 28.1% avec l'assistance haptique.

La figure 6.10 page suivante présente le temps moyen mis par un opérateur pour atteindre une cible acceptée lors du processus de désignation \mathcal{V}_{d6} en fonction de la présence de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre un effet significatif de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} sur ce temps moyen \mathcal{V}_{d6} ($W = 473$, $p \ll 0.05$) ; le temps moyen pour atteindre une cible est inférieur de -64.3% avec l'assistance haptique.

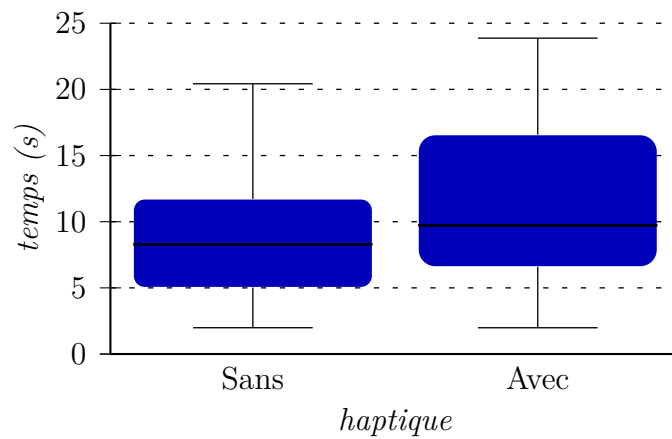


Figure 6.9 – Temps moyen d'une sélection effectuée par un opérateur pour la déformation avec et sans haptique

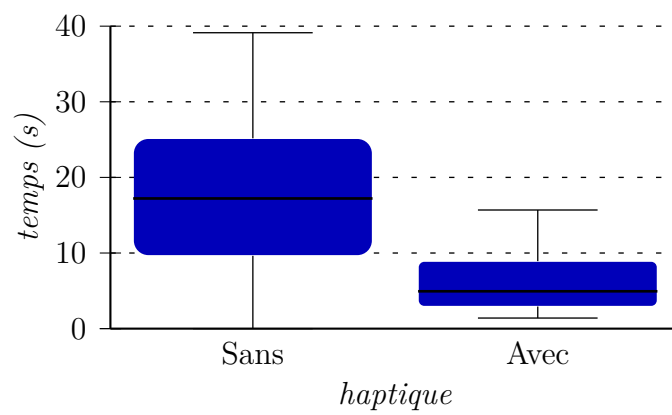


Figure 6.10 – Temps moyen pour atteindre une cible désignée lors d'une désignation avec et sans haptique

Analyse et discussion

En observant le meilleur score $RMSD$ obtenu par les participants avec et sans assistance haptique, on constate qu'il n'y a pas d'amélioration significative des performances (voir figure 6.5 page 144). L'assistance haptique proposée ne semble pas permettre d'améliorer les performances et ne confirme pas l'hypothèse \mathcal{H}_1 . D'ailleurs, la figure 6.6 page 145 montre que le temps mis pour atteindre ce score n'est également pas amélioré.

Cependant, une analyse en fonction des scénarios montre que les outils d'assistance haptique permettent une amélioration sur le complexe de molécules NUSE:NUSG (scénario 2) mais pas sur la molécule Ubiquitin (scénario 1). Le complexe de molécules NUSE:NUSG est la tâche la plus complexe à réaliser notamment à cause du nombre importants de résidus à déformer. D'ailleurs, les annotations vidéos ont permis de constater à plusieurs reprises que les groupes abandonnaient avant la fin des 8 mn face à la complexité de cette tâche : « On ne fera pas mieux », « On n'arrivera jamais à améliorer le score », « Cette molécule est trop difficile », *etc.* Confrontés à ces difficultés, les sujets ont été plus performants lorsqu'ils étaient assistés par les outils d'assistance haptique.

Le coordinateur est le seul sujet qui ne peut pas effectuer de déformation. Il se consacre à la planification des tâches à réaliser. Grâce aux outils d'assistance haptique mis à sa disposition, il peut communiquer plus facilement et plus rapidement ces directives comme expliqué dans la section 6.4.2 page ci-contre. Ces outils permettent d'augmenter l'attention des opérateurs qui vont effectuer moins d'actions autonomes. Une action autonome est une action que l'opérateur décide de réaliser sans concertation avec les autres membres du groupe et potentiellement, en désaccord avec la stratégie globale adoptée par ses partenaires. Elles sont en général relativement brèves dans le temps par rapport aux actions proposées et désignées par le coordinateur car elle peut être interrompue à tout moment par une requête du coordinateur. Ces actions peuvent ainsi être relativement improductives.

La figure 6.8 page 146 et la figure 6.9 page précédente montrent que ces actions autonomes diminuent avec la présence des outils d'assistance haptique. En effet, on constate sur la figure 6.8 page 146 que la fréquence des sélections effectuées par les opérateurs diminue avec la présence d'une assistance haptique. Cependant, cette diminution peut être due à deux raisons différentes. Soit les opérateurs ont une tendance à travailler moins ce qui diminue le nombre total de sélections (et donc la fréquence) ; soit ils effectuent des déformations plus longues (ce qui diminue la fréquence). La figure 6.9 page précédente montre que la présence des outils d'assistance haptique allonge la

durée des sélections ce qui nous permet de déduire que les opérateurs produisent des déformations plus longues dans le temps. Les outils haptiques proposés ont eu pour effet de diminuer le nombre d'actions autonomes.

Si les actions autonomes sont moins nombreuses, alors les opérateurs sont plus disponibles pour respecter la stratégie globale mise en place par le coordinateur. Les séquences de sélection et donc de déformation sont alors plus longues et moins nombreuses. D'ailleurs, la figure 6.10 page 147 montre que les opérateurs sont plus rapides à atteindre la cible désignée grâce à l'assistance haptique ce qui leur permet de passer plus de temps à déformer mais moins de temps à effectuer la sélection.

Nous avons vu que les outils d'assistance haptique pour la désignation aident le coordinateur à imposer une stratégie globale ce qui a pour effet d'améliorer les performances du groupe, surtout sur les tâches les plus complexes. L'hypothèse \mathcal{H}_1 est donc partiellement confirmée pour la tâche la plus complexe.

6.4.2 Amélioration de la communication

Dans cette section, nous nous intéressons plus précisément aux évolutions de la communication liées à la présence de l'assistance haptique. Les analyses statistiques et les graphiques sont suivis d'une discussion.

Données et tests statistiques

La figure 6.11 page suivante présente le temps moyen mis par un opérateur pour accepter une désignation \mathcal{V}_{d5} en fonction de la présence de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre un effet significatif de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} sur ce temps moyen \mathcal{V}_{d5} ($W = 404$, $p = 0.008$); le temps moyen pour accepter une désignation est inférieur de -51.5% avec l'assistance haptique.

La figure 6.12 page suivante présente le nombre de désignations acceptées au cours du processus de désignation \mathcal{V}_{d7} en fonction de la présence de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre un effet significatif de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} sur ce nombre de sélections \mathcal{V}_{d7} ($W = 93.5$, $p = 0.004$); le nombre de sélections est supérieur de 25.7% avec l'assistance haptique.

La figure 6.13 page 151 présente la vitesse moyenne du coordinateur \mathcal{V}_{d8} en fonction de la présence de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre un effet significatif de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} sur cette vitesse \mathcal{V}_{d8} ($W = 15$, $p = 0.004$); la vitesse moyenne est supérieur de 25.7% avec l'assistance haptique.

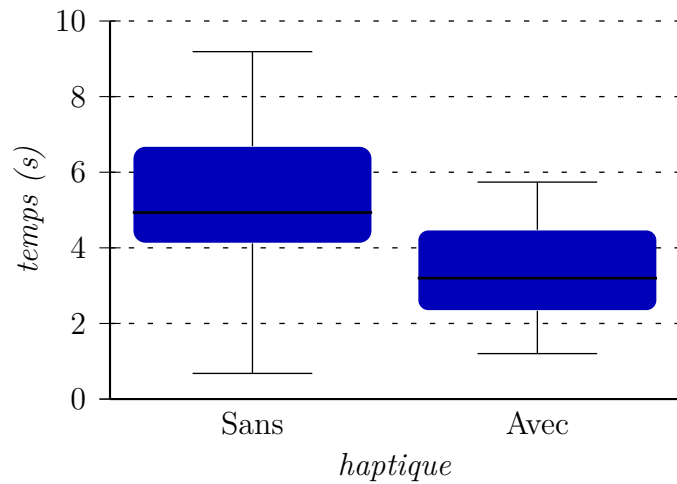


Figure 6.11 – Temps moyen d'acceptation d'une désignation avec et sans haptique

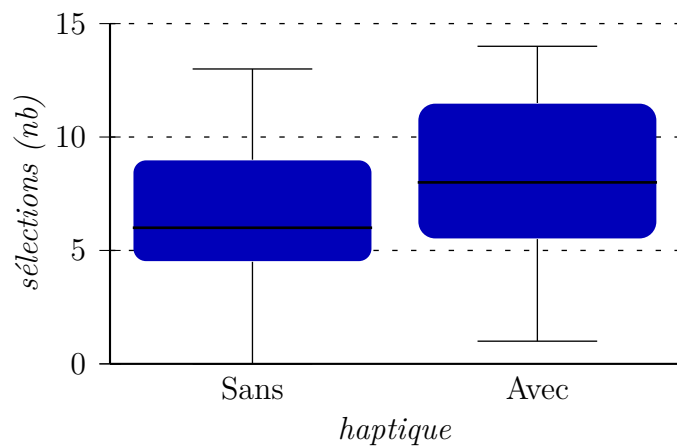


Figure 6.12 – Nombre de désignations acceptées au cours du processus de désignation avec et sans haptique

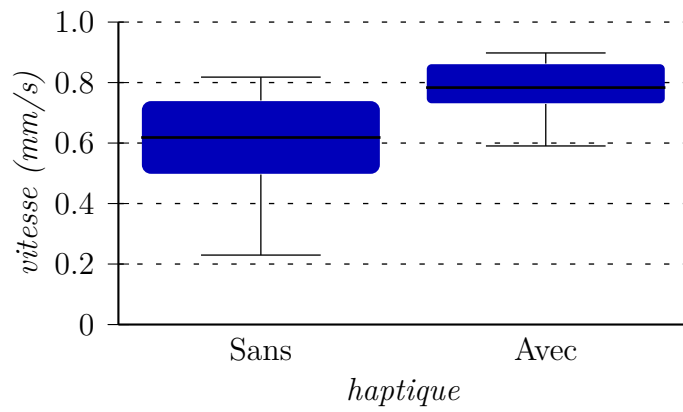


Figure 6.13 – Vitesse moyenne du coordinateur avec et sans haptique

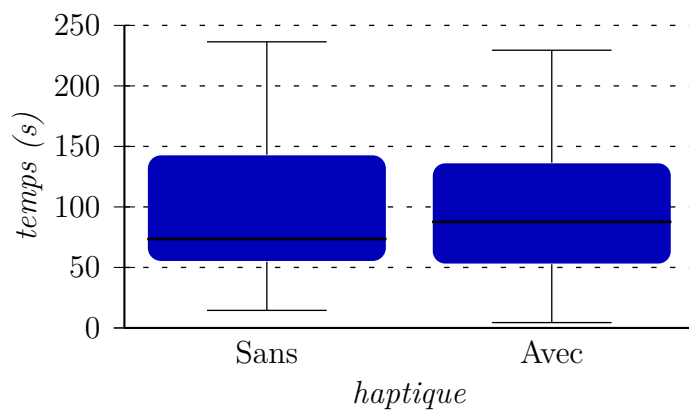


Figure 6.14 – Temps de parole des sujets avec et sans haptique

La figure 6.14 page précédente présente le temps de parole des sujets \mathcal{V}_{d10} en fonction de la présence de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} . L'analyse montre qu'il n'y a pas d'effet significatif de l'assistance haptique \mathcal{V}_{i1} sur le temps de parole \mathcal{V}_{d10} ($W = 871$, $p = 0.554$).

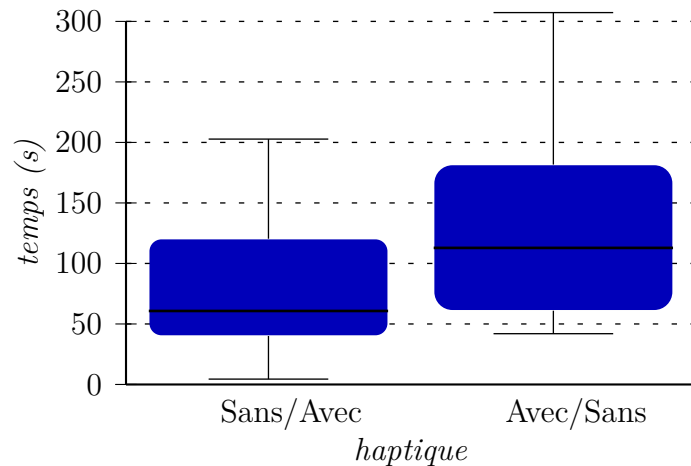


Figure 6.15 – Temps de parole des sujets en fonction de l'ordre de passage de l'assistance haptique

La figure 6.15 présente le temps de parole des sujets \mathcal{V}_{d4} en fonction de l'ordre de passage de l'assistance haptique. L'analyse montre un effet significatif de l'ordre de passage de l'assistance haptique sur le temps de parole \mathcal{V}_{d4} ($W = 849$, $p \ll 0.05$) avec une augmentation de 81.4% lorsque les sujets commencent avec l'assistance haptique.

Analyse et discussion

Dans le cas sans assistance haptique, les opérateurs réagissent à une désignation pour deux raisons : soit ils ont vu une nouvelle cible désignée, soit le coordinateur a indiqué oralement la présence d'une nouvelle cible. Dans le premier cas, le temps de réponse de l'opérateur pour accepter la désignation dépend de son degré d'attention et de la visibilité de la cible (cible masquée par des atomes ou cible trop éloignée du champ de vision). Dans le second cas, c'est le temps utilisé pour les échanges verbaux et la qualité des explications qui va déterminer le temps de réponse. Dans le second cas, le temps de réponse dépend de la quantité et de la qualité des échanges verbaux échangés. Ces deux configurations nécessitent que l'opérateur soit attentif concernant toute nouvelle désignation ce qui réduit son attention pour les autres événements (conscience périphérique).

La figure 6.11 page 150 nous montre que l'utilisation d'un retour haptique au sein de ce processus de désignation améliore considérablement le temps de réponse. L'outil d'assistance haptique signale aux opérateurs qu'une nouvelle cible a été désignée par le coordinateur.

Ce moyen de communication permet d'obtenir une réactivité qui ne dépend plus ni du degré d'attention de l'opérateur, ni des interventions verbales du coordinateur. Cela permet de réduire la charge de travail des opérateurs et du coordinateur qu'ils peuvent consacrer à la réalisation d'autres tâches.

L'utilisation du canal haptique permet d'informer seulement le ou les sujets concernés par la désignation. Notre expérimentation utilisant un écran partagé, le canal visuel ne permet pas d'adresser l'information de manière aussi ciblée.

De plus, on constate sur la figure 6.12 page 150 que le nombre de requêtes acceptées par les opérateurs est significativement supérieur avec l'assistance haptique. Les désignations sont mieux perçues avec l'assistance haptique ce qui permet aux opérateurs d'être plus réactifs. Ainsi, la stratégie proposée par le coordinateur est mieux adoptée par les opérateurs.

Les opérateurs étant plus rapides pour accepter une désignation avec l'assistance haptique, le temps d'attente du coordinateur entre chaque désignation est réduit. De cette manière, la fréquence à laquelle il effectue des désignations est augmentée et sa vitesse moyenne de travail est augmentée (voir figure 6.13 page 151). Les étapes du processus de désignation étant plus rapides, les opérateurs attendent moins que le coordinateur leur donne une nouvelle tâche à effectuer.

La figure 6.14 page 151 ne montre pas d'évolution du temps de parole lié à la présence ou à l'absence d'une assistance haptique. Les canaux visuels et haptiques ne semblent pas substituables mais plutôt complémentaires. Cependant, la figure 6.15 page précédente montre que l'ordre de passage a une influence forte sur la communication verbale. En effet, les sujets qui commencent par l'utilisation des outils haptiques produisent significativement plus d'échanges verbaux que les sujets qui commencent sans assistance haptique.

En ce qui concerne les sujets qui commencent sans assistance haptique, ils éprouvent dès le début le besoin de communiquer verbalement puisque qu'aucun autre moyen de communication ou d'assistance à la communication n'est mis à leur disposition. Lorsqu'on ajoute l'assistance haptique dans la seconde étape de l'expérimentation, les sujets ont déjà pu identifier les problématiques d'interaction et utilisent l'assistance haptique à bon escient qui se substitue aux communications verbales.

Par opposition, les sujets commençant par l'utilisation de l'assistance haptique apprennent à utiliser les outils et découvrent les tâches à réaliser dans le même temps. Lorsqu'on supprime l'assistance haptique dans la seconde étape de l'expérimentation, ils doivent redéfinir les méthodes de travail et compensent ce manque par une augmentation des communications verbales.

On constate dans cette section que les outils d'assistance à la communication remplissent leur rôle en améliorant l'efficacité et la qualité de la communication. Ceci nous permet de valider l'hypothèse \mathcal{H}_2 . En effet, en améliorant la qualité de l'information – signaler directement aux opérateurs qu'une désignation est en cours – le temps mis par un opérateur pour être opérationnel sur cette désignation est réduit et l'efficacité globale du processus de désignation est augmentée. De plus, l'utilisation de ces outils haptiques se substitue en partie aux échanges verbaux ce qui rend les canaux de communication verbaux et haptiques complémentaires.

6.4.3 Évaluation qualitative

Lors de cette expérimentation, un questionnaire a été proposé aux sujets abordant deux points essentiels : la conscience et l'utilisabilité. Les résultats de ces questionnaires sont discutés dans cette section.

Questionnaire sur la communication et la conscience périphérique

Les utilisateurs pensent que la plateforme collaborative leur permet d'être relativement conscients des actions de leurs partenaires puisqu'ils estiment comprendre les requêtes et consignes de leurs collègues rapidement ($\mu = 2.3$, $\sigma = 0.6$) et qu'ils considèrent, à chaque instant, être conscients de la position spatiale virtuelle des autres collaborateurs ($\mu = 2.2$, $\sigma = 0.8$)¹. D'ailleurs, les sujets n'estiment pas nécessaire de signaler leurs actions aux partenaires ($\mu = 0.8$, $\sigma = 0.7$). Avec cette communication à sens unique, c'est la plateforme et ses outils (système de visualisation, assistance haptique) qui permet aux sujets d'avoir une conscience de groupe.

Pourtant, les sujets participent inconsciemment au processus de communication pour supporter la conscience de groupe ($\mu = 2.3$, $\sigma = 0.8$). En effet, les annotations vidéos ont permis de relever, à plusieurs reprises, le besoin d'informer les partenaires sur l'état actuel de l'environnement virtuel (les désignations en cours, les déformations à effectuer, l'évolution du score RMSD ,

1. L'échelle de notation est comprise entre 1 et 5 mais les moyennes ont été normalisées entre 0 et 4.

etc.). Nous pouvons citer par exemple les cas où un coordinateur indique oralement une cible désignée à un opérateur qui ne l'aurait pas vu ou encore un opérateur qui indique au coordinateur un résidu nécessitant une déformation.

Les sujets participent et soutiennent, par leurs actions, la conscience de groupe. Cependant, ce soutien est souvent inconscient car les sujets ne font pas souvent l'effort de signaler explicitement leurs propres actions ou leur propre situation dans l'environnement virtuel. Seuls les cas d'incompréhension ou de litiges donnent lieu à des précisions verbales des sujets concernés. Il semble que l'assistance haptique ne soit pas utilisée dans ce cas. En effet, un test de WILCOXON [1945] montre qu'il n'y a aucun effet significatif de l'assistance haptique \mathcal{V}_{il} sur :

- la compréhension rapide des actions effectuées par les collègues ($W = 18.5$, $p = 0.669$) ;
- le besoin de signaler ses propres actions ($W = 59$, $p = 0.236$) ;
- le besoin d'informer les partenaires lors de l'acceptation d'une requête du coordinateur ($W = 27$, $p = 0.109$).

Cependant, les sujets estiment que les outils d'assistance haptique permettent souvent de se passer de communication verbale ($\mu = 1.6$, $\sigma = 0.7$). Un test de WILCOXON [1945] montre un effet significatif de l'assistance haptique sur le besoin des sujets à utiliser la communication verbale ($W = 39$, $p = 0.068$). Les outils d'assistance haptique ont été développés pour améliorer la communication pour le processus de désignation. À travers le questionnaire, les sujets pensent, de manière modérée, avoir une meilleure communication entre eux avec l'assistance haptique ($\mu = 1.8$, $\sigma = 0.7$) que sans assistance haptique ($\mu = 1.5$, $\sigma = 0.7$). On peut expliquer ce résultat mitigé par le fait que le processus de désignation n'occupe qu'une portion du temps total de réalisation de la tâche ; le reste du temps, les moyens habituels de communication sont utilisés par les sujets.

De plus, le rôle de l'assistance haptique s'est montré particulièrement utile dans la conscience de la position spatiale virtuelle des partenaires ($W = 23.5$, $p = 0.039$). Les sujets estiment mieux connaître la position spatiale virtuelle de leurs partenaires avec l'assistance haptique ($\mu = 2.5$, $\sigma = 0.7$) que sans l'assistance haptique ($\mu = 2$, $\sigma = 0.8$). Pourtant, les outils d'assistance haptique n'indique en rien la position mais plutôt le statut des partenaires (en cours d'acceptation, en cours de déformation, *etc.*). On peut supposer que les sujets souhaitent parfois connaître le statut (en cours de déformation, en recherche d'une tâche à effectuer, *etc.*) de leur partenaire et que cette information ne nécessite pas d'être accompagnée de la position spatiale virtuelle des partenaires concernés ; les sujets cherchent seulement les informations dont ils ont besoin pour obtenir une conscience de groupe adaptée à la situation.

Questionnaire d'utilisabilité

Cette dernière expérimentation a été l'occasion d'évaluer l'utilisabilité de la plateforme Shaddock à l'aide du score SUS (*System Usability Scale*) décrit dans la section C.3.1 page 239. Cette évaluation, menée sur des sujets dont un quart de biologistes, permet d'obtenir un score d'utilisabilité de l'application ($\mu = 51.1$, $\sigma = 16.8$)². BANGOR *et al.* [2009] a conduit une étude sur 3 500 enquêtes menées avec ce test pour obtenir une moyenne : le score moyen est de 68. Cependant, si on restreint notre étude de l'utilisabilité aux sujets biologistes, le score augmente ($\mu = 61.2$, $\sigma = 16.7$).

D'après les utilisateurs, notre plateforme est encore considérée comme incomplète. BANGOR *et al.* [2009] propose également de noter les applications évaluées avec le score SUS sur une échelle à sept niveaux : *Worst imaginable*, *Awful*, *Poor*, *Ok*, *Good*, *Excellent* et *Best imaginable*. Selon ce score, Shaddock se place dans la catégorie *Ok* ce qui en fait un application utilisable en l'état mais pour laquelle des améliorations sont nécessaires. L'hypothèse \mathcal{H}_3 n'est pas validée avec ces résultats mitigés.

Une limite importante de la plateforme concerne le système de visualisation. En effet, une proportion importante des utilisateurs se sont plaint d'une grande difficulté à percevoir la dimension de profondeur dans l'environnement virtuel. Plusieurs utilisateurs ont évoqué le besoin d'avoir un système de visualisation en 3D stéréoscopique.

La présence de biologistes dans le panel de sujets a également permis de mettre en évidence différents points critiques à prendre en compte pour les développements futurs. En particulier, ils auraient souhaité pouvoir stabiliser un résidu dans sa position finale ou encore pouvoir déformer des structures moléculaires de taille plus importante que les résidus tels que les structures secondaires (hélices- α et feuillets- β). Ce dernier point a été abordé dans la section 2.4.3 page 50.

6.5 Conclusion

6.5.1 Résumé des résultats

Cette expérimentation avait pour objectif d'évaluer de nouveaux outils de communication entre les membres d'un groupe sur une tâche collaborative

2. Pour rappel, les tests d'utilisabilité SUS fournissent des scores compris entre 0 et 100.

étroitement couplée. De plus, nous avons pu confronter la plateforme Shaddock à des bio-informaticiens, ayant une expertise dans le domaine du *docking* moléculaire.

Il ressort de cette expérimentation que les outils d'assistance à la communication permettent d'améliorer significativement la communication entre les membres du groupe avec pour conséquence une amélioration des performances, notamment dans les tâches les plus complexes. L'utilisation de l'haptique à bon escient permet de diminuer les temps de réponse lors des communications tout en adressant directement les informations à transmettre aux membres concernés. De plus, la répartition de la communication sur différentes canaux sensoriels permet de soulager de la charge cognitive de travail pour chaque utilisateur.

Les questionnaires d'utilisabilité ont également permis de montrer que la plateforme souffre d'un défaut important : la visualisation, notamment les problèmes liés à la perception de la profondeur. Cependant, un système de visualisation stéréoscopique devrait permettre de résoudre en grande partie ce problème.

Avec le questionnaire portant sur la conscience de groupe, on constate qu'une grande partie de cette conscience repose exclusivement sur les outils fournis par la plateforme, à savoir les retours visuels et les retours haptiques, lorsqu'ils sont disponibles. En ce sens, la communication haptique est pertinente puisqu'elle permet d'améliorer les performances en augmentant la conscience périphérique. Par exemple, elle permet d'indiquer rapidement l'action d'un partenaire ou elle guide rapidement les utilisateurs les uns vers les autres.

En ce qui concerne les autres aspects de la plateforme Shaddock, les biologistes se sont montrés enthousiastes. Ils ont tout de même suggéré différents outils qui, selon leur propre expérience, seraient nécessaires à une utilisation plus pertinente de cette plateforme. En particulier, ils ont émis le désir de pouvoir stabiliser la position des atomes après les avoir placés dans une position finale. Le second outil dont ils auraient aimé disposer est la déformation de blocs tels que les structures secondaires. Cependant, les contraintes de manipulation d'un tel ensemble d'atomes, exposée dans la section 2.4.3 page 50, entraînerait des modifications importantes sur les métaphores de manipulation. Globalement, la plateforme a séduit les utilisateurs mais a montré quelques faiblesses importantes qui la rendent encore trop instable dans l'état actuel.

6.5.2 Synthèse et perspectives

Cette dernière expérimentation nous a permis de mettre en avant la pertinence de la communication haptique dans le cadre d'une tâche de collaboration étroitement couplée. L'outil haptique proposé ne concerne que le processus de désignation mais d'autres aspects de la communication peuvent être explorés. On peut se reporter aux travaux de OAKLEY *et al.* [2001] qui propose plusieurs métaphores sur le sujet comme par exemple la possibilité de ressentir la position du curseur des partenaires, métaphores qui devrait permettre d'améliorer la conscience de groupe ou encore la possibilité d'*attraper* un curseur puis de le *tirer* vers une cible.

En ce qui concerne les améliorations de la plateforme Shaddock, de nombreuses propositions ont été suggérées par les bio-informaticiens. Quelques-unes seront intégrées dans un futur proche, d'autres nécessitent une réflexion plus approfondie sur la pertinence et sur la faisabilité. Quoiqu'il en soit, devant l'enthousiasme des sujets pour cette expérimentation relativement longue (≈ 75 mn), Shaddock semble fournir les bases suffisantes pour une plateforme pertinente de déformation interactive de molécules en temps-réel.

Conclusion et perspectives

Tout au long de ce travail de thèse, nous avons étudié le travail collaboratif dans le contexte particulier de la collaboration étroitement couplée pour la résolution de tâches complexes, en l'occurrence, le *docking* moléculaire. Cette conclusion va nous permettre de mettre en avant les similitudes entre les travaux existants sur la collaboration et nos résultats, mais également certaines distinctions importantes.

Tout d'abord, nous avons pu constater le gain en performances lié à la distribution cognitive des charges de travail, notamment dans la seconde étude (voir chapitre 4 page 81) dans laquelle nous comparons deux distributions différentes d'un même nombre de ressources ; ces conclusions vont dans le même sens que les études actuelles sur la collaboration. Cependant, une différence importante par rapport aux travaux existants a été relevée durant les différentes études. En effet, la collaboration étroitement couplée provoque d'avantage d'interactions entre les utilisateurs (accès à une zone, besoin de coordination, *etc.*) ce qui entraîne d'avantage de conflits de coordination. La troisième étude nous a permis de constater que ces conflits de coordination avaient pour effet de réduire considérablement voire d'annuler complètement les gains en performances.

Nous avons également pu constater les effets de la facilitation sociale semblent particulièrement présents dans ce type de configuration synchrone et colocalisée. Cet effet semble également présent dans le cas de tâches complexes, contrairement aux conclusions de ZAJONC [1965] obtenues pour des collaborations faiblement couplées. Les tâches complexes générant une collaboration étroitement couplée et les interactions fortes entre utilisateurs qui en découle semble les stimuler. Cependant, modérons ce propos car les tâches proposées sont toujours, dans l'esprit du sujet, des tâches réalisables. Il n'est pas certain que les sujets soient autant motivés s'ils étaient confrontés à des tâches dont on ne connaît pas la faisabilité *a priori*.

Au cours de la troisième étude (voir chapitre 5 page 111), nous avons également pu arriver à des conclusions similaires à celles obtenues par BALES [1950]

concernant l'apparition de membres dominants au sein d'un groupe. Ce point avait besoin d'être validé dans le contexte particulier de la collaboration étroitement couplée car les mécanismes de communication et les interactions entre les utilisateurs sont différents : cette forme de structuration automatique du groupe aurait pu ne pas se réaliser de la même manière.

L'ensemble de ces conclusions nous a mené à la réalisation d'un outil haptique pour assister la communication et plus particulièrement, la tâche élémentaire de désignation. L'utilité de cet outil a été confirmée lors de la dernière expérimentation (voir chapitre 6 page 133) dans laquelle une évolution significative en terme de communication a été observée. Cette expérimentation (voir chapitre 6 page 133) nous a permis d'apporter une réponse à la proposition de MOLL et SALLNÄS [2009] d'utiliser l'haptique comme moyen de désignation : la modalité haptique est pertinente pour la désignation. Plus généralement, cette expérimentation permet de montrer l'utilité de la modalité haptique dans le processus de communication pour les collaborations étroitement couplées en environnements complexes.

L'étude et l'amélioration des interactions en environnement collaboratifs a déjà donné lieu à quelques travaux. Par exemple, les travaux de thèse de ULLAH [2011] s'intéressent à l'utilisation d'une assistance multi-modale en environnement collaboratif. De mes travaux découle également le projet de thèse, actuellement mené par Adrien GIRARD, concernant la proposition d'outils haptiques pour assister la collaboration, particulièrement en ce qui concerne les aspects de conscience périphérique et de présence.

Pour aller plus loin, une première piste concerne la mise en collaboration de plusieurs experts provenant de spécialités différentes. En effet, nous avons pu voir que le *docking* moléculaire fait appel à des spécialités diverses. La collaboration multi-experts amènera de nouvelles contraintes de collaboration. Notre dernière expérimentation n'a fait qu'effleurer le sujet en proposant des niveaux de collaboration différents (coordinateur ou opérateur) mais l'intervention de différents experts pourrait nécessiter des modifications de l'environnement plus profondes (environnements de visualisation privés, outils adaptés à la spécialité, *etc.*).

Le besoin de travailler à distance est également très présent à travers les différentes applications collaboratives comme on a pu le voir tout au long de l'étude bibliographique (voir chapitre 1 page 3). La collaboration à distance entraîne de nouvelles contraintes, en ce qui concerne les contraintes techniques mais surtout en ce qui concerne la communication. Nous avons délibérément restreints nos travaux de thèse à un environnement colocalisé afin de bénéficier de moyens de communication optimaux : audio, visuel,

gestuels, tactiles, *etc.*

Un aspect plus théorique de notre travail doit également être abordé. Tout au long de notre travail, nous avons pu mettre en évidence différents *conflits de coordination*. Cependant, nous avons eu des difficultés pour mesurer, quantifier ou même qualifier ces *conflits de coordination*. Il est nécessaire de définir des mesures objectives permettant de répondre à cette problématique.

De nombreuses pistes restent à explorer. Cependant, ce travail de thèse permet de fournir les premières pistes pour la communication haptique en environnement complexe.

Bibliographie

[ABAGYAN et TOTROV 1994]

ABAGYAN, Ruben et Maxim TOTROV (jan. 1994). « Biased probability Monte Carlo conformational searches and electrostatic calculations for peptides and proteins ». Anglais. Dans *Journal of Molecular Biology* 235.3, pages 983–1002 (cf. page 9).

[ABAGYAN *et al.* 1994]

ABAGYAN, Ruben, Maxim TOTROV et Dmitry KUZNETSOV (mai 1994). « ICM - a new method for protein modeling and design : applications to docking and structure prediction from the distorted native conformation ». Anglais. Dans *Journal of Computational Chemistry* 15.5, pages 488–506. ISSN : 0192-8651 (cf. page 9).

[ALLPORT 1924]

ALLPORT, Floyd H. (1924). *Social psychology*. Anglais. Boston, MA, USA : Houghton Mifflin (cf. pages 20, 21).

[ALTHOFF *et al.* 2007a]

ALTHOFF, Klaus-Dieter, Meike REICHLE, Kerstin BACH, Alexandre HANFT et Regis NEWO (déc. 2007a). « Agent based maintenance for modularised case bases in collaborative multi-expert systems ». Anglais. Dans *Proceedings of Artificial Intelligence, 12th UK Workshop on Case-Based Reasoning*. AI, pages 7–18 (cf. page 32).

[ALTHOFF *et al.* 2007b]

ALTHOFF, Klaus-Dieter, Kerstin BACH, Jan-Oliver DEUTSCH, Alexandre HANFT, Jens MÄNZ, Thomas MÜLLER, Regis NEWO, Meike REICHLE, Martin SCHAAF et Karl-Heinz WEIS (sept. 2007b). « Collaborative Multi-Expert-Systems – Realizing knowledge-product-lines with case factories and distributed learning systems ». Anglais. Dans *Proceedings on the 3rd Workshop on Knowledge Engineering and Software Engineering (KESE 2007)*. Sous la direction de Joachim BAUMEISTER et Dietmar SEIPEL. KESE. Osnabrück (cf. page 32).

[JMOL 2011]

JMOL. JMOL : *an open-source Java viewer for chemical structures in 3D*. Anglais. Sourceforge.net. URL : <http://www.jmol.org/> (visité le 3 juin 2011) (cf. page 44).

[ARUNAN *et al.* 2011]

ARUNAN, Elangannan, Gautam R. DESIRAJU, Roger A. KLEIN, Joanna SADLEJ, Steve SCHEINER, Ibon ALKORTA, David C. CLARY, Robert H. CRABTREE, Joseph J. DANNENBERG, Pavel HOBZA, Henrik G. KJAERGAARD, Anthony C. LEGON, Benedetta MENNUCCI et David J. NESBITT (juil. 2011). « Definition of the hydrogen bond (IUPAC recommendations 2011) ». Anglais. Dans *Pure and applied chemistry* 83.8, pages 1637–1641 (cf. page 6).

[BACH *et al.* 2010]

BACH, Kerstin, Meike REICHLE et Klaus-Dieter ALTHOFF (2010). Anglais. Dans BICHINDARITZ, Isabelle, Lakhmi C. JAIN, Sachin VAIDYA et Ashlesha JAIN. *Computational intelligence in healthcare 4 : advanced methodologies*. Tome 4. Studies in Computational Intelligence. Springer. Chapitre 9. ISBN : 978-3642144639 (cf. page 32).

[BAKER *et al.* 1999]

BAKER, Michael, Tia HANSEN, Richard JOINER et David R. TRAUM (jan. 1999). « The role of grounding in collaborative learning tasks ». Anglais. Dans DILLENBOURG, Pierre. *Collaborative learning : cognitive and computational approaches*. 2^e édition. Advances in learning and instruction series. Elsevier Science / Pergamon. Chapitre 3, pages 129–147. ISBN : 978-0080430737 (cf. page 29).

[BALES 1950]

BALES, Robert F. (1950). *Interaction process analysis : a method for the study of small groups*. Anglais. Addison-Wesley (cf. pages 112, 114, 130, 159, 217).

[BANDURA 1986]

BANDURA, Albert (1986). *Social foundations of thought and action : a social cognitive theory*. Anglais. Prentice-Hall series in social learning theory. Prentice-Hall. ISBN : 0-13-815614-X (cf. page 17).

[BANGOR *et al.* 2009]

BANGOR, Aaron, Philipp KORTUM et James MILLER (mai 2009). « Determining what individual SUS scores mean : adding an adjective rating scale ». Anglais. Dans *Journal of Usability Studies* 4.3, pages 114–123 (cf. page 156).

[BARBIČ et D. L. JAMES 2007]

BARBIČ, Jernej et Doug L. JAMES (août 2007). « Time-critical distributed contact for 6-DoF haptic rendering of adaptively sampled reduced deformable models ». Anglais. Dans *Eurographics Symposium on Computer Animation*. SIGGRAPH. San Diego, CA, USA : Eurographics Association, pages 171–180. ISBN : 978-1-59593-624-4 (cf. page 32).

[BAŞDOĞAN *et al.* 2000]

BAŞDOĞAN, Çağatay, Chih-Hao HO, Mandayam A. SRINIVASAN et Mel SLATER (déc. 2000). « An experimental study on the role of touch in shared virtual environments ». Anglais. Dans *ACM Transaction on Computer-Human Interaction* 7.4, pages 443–460. ISSN : 1073-0516 (cf. page 134).

[BATTER et BROOKS JR. 1972]

BATTER, James J. et Frederick P. BROOKS JR. (1972). « GROPE-1 : a computer display to the sense of feel ». Anglais. Dans *International Federation for Information Processing Congress*. IFIP. North-Holland, pages 759–763 (cf. page 9).

[BAUGH *et al.* 2011]

BAUGH, Evan H., Sergey LYSKOV, Brian D. WEITZNER et Jeffrey J. GRAY (août 2011). « Real-time PyMOL visualization for Rosetta and PyRosetta ». Anglais. Dans *PLoS ONE* 6.8, e21931 (cf. page 44).

[BERENDSEN *et al.* 1995]

BERENDSEN, Herman J. C., David van der SPOEL et Rudy van DRUNEN (sept. 1995). « GROMACS : a message-passing parallel molecular dynamics implementation ». Anglais. Dans *Computer Physics Communications* 91.1–3, pages 43–56 (cf. pages 10, 46).

[BERGMAN *et al.* 1993]

BERGMAN, Lawrence D., Jane S. RICHARDSON, David C. RICHARDSON et Frederick P. BROOKS Jr. (1993). « VIEW - an exploratory molecular visualization system with user-definable interaction sequences ». Anglais. Dans *Proceedings of the 20th annual conference on Computer graphics and interactive techniques*. SIGGRAPH. Anaheim, CA : ACM, pages 117–126. ISBN : 0-89791-601-8 (cf. pages 9, 10).

[BETBEDER et TCHOUNIKINE 2004]

BETBEDER, Marie-Laure et Pierre TCHOUNIKINE (jan. 2004). « Modélisation et perception de l'activité dans l'environnement Symba ». Dans *Actes de RFIA'04*. Toulouse, France, pages 1217–1225 (cf. page 26).

[BLALOCK et SMITH 1984]

BLALOCK, J. Edwin et Eric M. SMITH (mai 1984). « Hydropathic anti-complementarity of amino acids based on the genetic code ». Anglais. Dans *Biochemical and Biophysical Research Communications* 121.1, pages 203–207. ISSN : 0006-291X (cf. page 6).

[BOLOPION *et al.* 2009]

BOLOPION, Aude, Barthélemy CAGNEAU, Stéphane REDON et Stéphane RÉGNIER (oct. 2009). « Haptic feedback for molecular simulation ». Anglais. Dans *Proceedings of IEEE/RSJ International Conference on Intelligent Robots and Systems*. Saint-Louis, MO, USA, pages 237–242 (cf. page 12).

[BOURNE *et al.* 1998]

BOURNE, Philip E., Mike GRIBSKOV, G. JOHNSON, John L. MORELAND et Helge WEISSIG (jan. 1998). « A prototype Molecular Interactive Collaborative Environment (MICE) ». Anglais. Dans *Proceedings of the Pacific symposium on biocomputing*. Sous la direction de Russ B. ALTMAN, A. Keith DUNKER, Lauwrence HUNTER et Teri E. KLEIN. Maui, HI, USA, pages 118–129 (cf. page 13).

[BOWMAN 1999]

BOWMAN, Douglas A. (juin 1999). « Interaction techniques for common tasks in immersive virtual environments : design, evaluation, and application ». Anglais. Thèse de doctorat. Atlanta, GA, USA : Georgia Institute of Technology (cf. pages 35, 61).

[BROOKE 1996]

BROOKE, John (1996). « SUS - A quick and dirty usability scale ». Anglais. Dans *Usability evaluation in industry*. Sous la direction de Patrick W. JORDAN, Bruce THOMAS, Bernard A. WEERDMEESTER et Ian Lyall MCCLELLAND. London : Taylor et Francis (cf. pages 200, 220, 233).

[B. R. BROOKS *et al.* 1983]

BROOKS, Bernard R., Robert E. BRUCCOLERI, Barry D. OLAFSON, David J. STATES, Sundaramoorthi SWAMINATHAN et Martin KARPLUS (avr. 1983). « CHARMM : a program for macromolecular energy, minimization, and dynamics calculations ». Anglais. Dans *Journal of computational chemistry* 4.2, pages 187–217 (cf. page 48).

[BROOKS JR. *et al.* 1990]

BROOKS JR., Frederick P., Ouh-Young MING, James J. BATTER et Jerome P. KILPATRICK (1990). « Project GROPEHaptic displays for scientific visualization ». Anglais. Dans *Proceedings of the 17th annual confe-*

- rence on Computer graphics and interactive techniques*. Dallas, TX, USA : ACM, pages 177–185. ISBN : 0-89791-344-2 (cf. page 10).
- [BROWN et FORSYTHE 1974]
BROWN, Morton B. et Alan B. and FORSYTHE (juin 1974). « Robust tests for equality of variances ». Anglais. Dans *Journal of the American statistical association* 69.346, pages 364–367 (cf. pages 63, 91).
- [BUISINE *et al.* 2011]
BUISINE, Stéphanie, Guillaume BESACIER, Améziane AOUSSAT et Frédéric VERNIER (2011). « How do interactive tabletop systems influence collaboration ? » Anglais. Dans *Computers in Human Behavior*. En cours d'impression. ISSN : 0747-5632. DOI : [10.1016/j.chb.2011.08.010](https://doi.org/10.1016/j.chb.2011.08.010) (cf. pages 24, 32, 117).
- [BURMANN *et al.* 2010]
BURMANN, Björn M., Kristian SCHWEIMER, Xiao LUO, Markus C. WAHL, Barbara L. STITT, Max E. GOTTESMAN et Paul RÖSCH (avr. 2010). « A NUSE complex links transcription and translation ». Anglais. Dans *Science* 328.5977, pages 501–504 (cf. page 205).
- [CAHOUR et PENTIMALLI 2005]
CAHOUR, Béatrice et Barbara PENTIMALLI (avr. 2005). « Conscience périphérique et travail coopératif dans un café-restaurant ». Dans *Activités* 2.1, pages 23–47 (cf. page 26).
- [CASE *et al.* 2005]
CASE, David A., Thomas E. CHEATHAM, Tom DARDEN, Holger GOHLKE, Ray LUO, Kenneth M. MERZ, Alexey ONUFRIEV, Carlos SIMMERLING, Bing WANG et Robert J. WOODS (déc. 2005). « The Amber biomolecular simulation programs ». Anglais. Dans *Journal of Computational Chemistry* 26.16, pages 1668–1688. ISSN : 1096-987X (cf. page 46).
- [CASHER et RZEPA 1995]
CASHER, Omer et Henry S. RZEPA (mai 1995). « A chemical laboratory using explorer EyeChem and the common client interface ». Anglais. Dans *SIGGRAPH Computer Graphics* 29.2, pages 52–54. ISSN : 0097-8930 (cf. page 13).
- [CASTRO 1994]
CASTRO, John M. de (sept. 1994). « Family and friends produce greater social facilitation of food intake than other companions ». Anglais. Dans *Physiology & Behavior* 56.3, pages 445–455. ISSN : 0031-9384 (cf. page 22).

[CHAN *et al.* 2008]

CHAN, Andrew, Karon MACLEAN et Joanna MCGRENERE (mai 2008). « Designing haptic icons to support collaborative turn-taking ». Anglais. Dans *International Journal Human-Computer Studies* 66, pages 333–355 (cf. page 135).

[CHANG *et al.* 2002]

CHANG, Angela, Sile O'MODHRAIN, Rob JACOB, Eric GUNTHER et Hiroshi ISHII (juin 2002). « ComTouch : design of a vibrotactile communication device ». Anglais. Dans *Proceedings of the 4th conference on Designing interactive systems : processes, practices, methods, and techniques*. DIS. London, England : ACM, pages 312–320. ISBN : 1-58113-515-7 (cf. page 135).

[CHASTINE 2007]

CHASTINE, Jeffrey W. (2007). « On inter-referential awareness in collaborative augmented reality ». Anglais. Adviser-Zhu, Ying. Thèse de doctorat. Atlanta, GA, USA : Georgia State University. ISBN : 978-0-549-19185-8 (cf. pages 27, 33).

[CHASTINE *et al.* 2006]

CHASTINE, Jeffrey W., Ying ZHU et Jon A. PRESTON (nov. 2006). « A framework for inter-referential awareness in collaborative environments ». Anglais. Dans *International Conference on Collaborative Computing : Networking, Applications and Worksharing*, page 30 (cf. page 27).

[CHASTINE *et al.* 2005]

CHASTINE, Jeffrey W., Jeremy C. BROOKS, Ying ZHU, G. Scott OWEN, Robert W. HARRISON et Irene T. WEBER (2005). « AMMP-Vis : a collaborative virtual environment for molecular modeling ». Anglais. Dans *Proceedings of the ACM symposium on Virtual reality software and technology*. Monterey, CA, USA : ACM, pages 8–15. ISBN : 1-59593-098-1 (cf. pages 15, 16, 27).

[CHASTINE *et al.* 2007]

CHASTINE, Jeffrey W., Kristine NAGEL, Ying ZHU et Luca YEARSOVICH (mai 2007). « Understanding the design space of referencing in collaborative augmented reality environments ». Anglais. Dans *Proceedings of Graphics Interface*. GI. Montréal, Canada : ACM, pages 207–214. ISBN : 978-1-56881-337-0 (cf. pages 27, 28).

[CHASTINE *et al.* 2008]

CHASTINE, Jeffrey W., Kristine NAGEL, Ying ZHU et Mary HUDACHEK-BUSWELL (mar. 2008). « Studies on the effectiveness of virtual pointers in collaborative augmented reality ». Anglais. Dans *Proceedings of the*

IEEE Symposium on 3D User Interfaces. 3DUI. Washington, DC, USA : IEEE Computer Society, pages 117–124. ISBN : 978-1-4244-2047-6 (cf. page 27).

[CHAVENT *et al.* 2011]

CHAVENT, Matthieu, Antoine VANEL, Alex TEK, Bruno LEVY, Sophie ROBERT, Bruno RAFFIN et Marc BAADEN (oct. 2011). « GPU-accelerated atom and dynamic bond visualization using hyperballs : a unified algorithm for balls, sticks, and hyperboloids ». Anglais. Dans *Journal of Computational Chemistry* 32.13, pages 2924–2935. ISSN : 1096-987X (cf. page 205).

[CHIDAMBARAM et TUNG 2005]

CHIDAMBARAM, Laku et Lai Lai TUNG (juin 2005). « Is out of sight, out of mind? An empirical study of social loafing in technology-supported groups ». Anglais. Dans *Information Systems Research* 16.2, pages 149–168 (cf. pages 24, 25).

[CHRISTEN *et al.* 2009]

CHRISTEN, Barbara, Simone HORNE-MANN, Fred F. DAMBERGER et Kurt WÜTHRICH (juin 2009). « Prion protein NMR structure from tammar wallaby (*macropus eugenii*) shows that the β 2- α 2 loop is modulated by long-range sequence effects ». Anglais. Dans *Journal of Molecular Biology* 389.5, pages 833–845 (cf. page 205).

[CHURCH *et al.* 1977]

CHURCH, George M., Joel L. SUSSMAN et Sung-Hou KIM (avr. 1977). « Secondary structural complementarity between DNA and proteins ». Anglais. Dans *Proceedings of the National Academy of Sciences* 74.4, pages 1458–1462 (cf. page 6).

[A. CLARK 1998]

CLARK, Andy (mar. 1998). *Being there : putting brain, body, and world together again*. Anglais. Bradford Books. Cambridge, Mass. : MIT Press. ISBN : 978-0262531566 (cf. page 18).

[A. CLARK 2001]

— (mar. 2001). « Reasons, robots and the extended mind ». Anglais. Dans *Mind and Language* 16.2, pages 121–145 (cf. page 18).

[Herbert H. CLARK et SCHAEFER 1989]

CLARK, Herbert H. et Edward F. SCHAEFER (avr. 1989). « Contributing to discourse ». Anglais. Dans *Cognitive Science* 13.2, pages 259–294. ISSN : 1551-6709 (cf. page 28).

[Herbet H. CLARK et BRENNAN 1991]

CLARK, Herbert H. et Susan E. BRENNAN (1991). « Grounding in communication ». Anglais. Dans *Perspectives on socially shared cognition*. Sous la direction de Lauren B. RESNICK, John M. LEVINE et Stephanie B. TEASLEY. American Psychological Association. Chapitre 7, pages 127–149 (cf. pages 28, 32).

[COCHRAN *et al.* 2001]

COCHRAN, Andrea G., Nicholas J. SKELTON et Melissa A. STAROVASNIK (mai 2001). « Tryptophan zippers : Stable, monomeric β -hairpins ». Anglais. Dans *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. Tome 10. 98, pages 5578–5583 (cf. page 205).

[COCKBURN et WEIR 1999]

COCKBURN, Andy et Philip WEIR (sept. 1999). « An investigation of groupware support for collaborative awareness through distortion-oriented views ». Anglais. Dans *International Journal of Human Computer Interaction* 11.3, pages 231–255 (cf. page 26).

[CONEIN 2004]

CONEIN, Bernard (juil. 2004). « Cognition distribuée, groupe social et technologie cognitive ». Dans *Réseaux* 2.124, pages 53–79 (cf. page 17).

[CUMMINGS *et al.* 1995]

CUMMINGS, Maxwell D., Trevor N. HART et Randy J. READ (mai 1995). « Monte Carlo docking with ubiquitin ». Anglais. Dans *Protein Science* 4.5, pages 885–899. ISSN : 1469-896X (cf. page 9).

[DAUNAY *et al.* 2007]

DAUNAY, Bruno, Alain MICAELLI et Stéphane RÉGNIER (avr. 2007). « 6 DoF haptic feedback for molecular docking using wave variables ». Anglais. Dans *IEEE International Conference on Robotics and Automation*. ICRA, pages 840–845. ISBN : 1-4244-0601-3 (cf. page 12).

[DAUNAY et RÉGNIER 2009]

DAUNAY, Bruno et Stéphane RÉGNIER (2009). « Stable six degrees of freedom haptic feedback for flexible ligand-protein docking ». Anglais. Dans *Computer Aided Design* 41.12, pages 886–895. ISSN : 0010-4485 (cf. pages 12–14).

[DAVIES *et al.* 2005]

DAVIES, R. Andrew, Nigel W. JOHN, John N. MACDONALD et Keith H. HUGHES (mar. 2005). « Visualization of molecular quantum dynamics : a molecular visualization tool with integrated Web3D and haptics ». Anglais. Dans *Proceedings of the 10th international conference on 3D Web*

- technology*. Web3D. Bangor, United Kingdom : ACM, pages 143–150. ISBN : 1-59593-012-4 (cf. pages 10, 11).
- [DELALANDE *et al.* 2009]
DELALANDE, Olivier, Nicolas FÉREY, Gilles GRASSEAU et Marc BAADEN (avr. 2009). « Complex molecular assemblies at hand via interactive simulations ». Anglais. Dans *Journal of computational chemistry* 30.15, pages 2375–2387 (cf. pages 12, 47, 82).
- [DELALANDE *et al.* 2010]
DELALANDE, Olivier, Nicolas FÉREY, Benoist LAURENT, Marc GUÉROULT, Brigitte HARTMANN et Marc BAADEN (jan. 2010). « Multi-resolution approach for interactively locating functionally linked ion binding sites by steering small molecules into electrostatic potential maps using a haptic device ». Anglais. Dans *Pacific Symposium on Biocomputing*, pages 205–215 (cf. pages 12, 13, 56, 82).
- [DELANO 2002]
DELANO, Warren L. (2002). *The PyMOL molecular graphics system*. Anglais. URL : <http://www.pymol.org> (visité le 25 sept. 2011) (cf. page 9).
- [DEWAN et H. SHEN 1998]
DEWAN, Prasun et HongHai SHEN (mar. 1998). « Controlling access in multiuser interfaces ». Anglais. Dans *ACM Transaction on Computer-Human Interaction* 5.1, pages 34–62. ISSN : 1073-0516 (cf. page 31).
- [DIEHL et STROEBE 1987]
DIEHL, Michael et Wolfgang STROEBE (1987). « Productivity loss in brainstorming groups : toward the solution of a riddle ». Anglais. Dans *Journal of Personality and Social Psychology* 53.3, pages 497–509. ISSN : 0022-3514 (cf. page 113).
- [DILLENBOURG *et al.* 1996]
DILLENBOURG, Pierre, David R. TRAUM et Daniel SCHNEIDER (sept. 1996). « Grounding in multi-modal task-oriented collaboration ». Anglais. Dans *Proceedings of the European Conference on Artificial Intelligence in Education*, pages 401–407 (cf. page 29).
- [DINDO *et al.* 2009]
DINDO, Marietta, Andrew WHITEN et Frans B. M. de WAAL (mai 2009). « Social facilitation of exploratory foraging behavior in capuchin monkeys (*Cebus apella*) ». Anglais. Dans *American Journal of Primatology* 71.5, pages 419–426. ISSN : 1098-2345 (cf. page 21).

[DIX 1997]

DIX, Alan (1997). « Challenges for cooperative work on the web : an analytical approach ». Anglais. Dans *Computer Supported Cooperative Work* 6.2-3, pages 135–156. ISSN : 0925-9724 (cf. page 29).

[DIX *et al.* 2003]

DIX, Alan, Janet E. FINLAY, Gregory D. ABOWD et Russel BEALE (déc. 2003). *Human-computer interaction*. Anglais. 3^e édition. Pearson/Prentice-Hall. ISBN : 978-0130461094 (cf. page 30).

[DOMINJON 2006]

DOMINJON, Lionel (avr. 2006). « Contribution à l'étude des techniques d'interaction 3D pour la manipulation d'objets avec retour haptique en environnement virtuel à échelle humaine ». Thèse de doctorat. Laval, France : École doctorale d'Angers (cf. page 91).

[DOURISH et BELLOTTI 1992]

DOURISH, Paul et Victoria BELLOTTI (oct. 1992). « Awareness and coordination in shared workspaces ». Anglais. Dans *Proceedings of the 1992 ACM conference on Computer-Supported Cooperative Work*. CSCW. Toronto, Ontario, Canada : ACM, pages 107–114. ISBN : 0-89791-542-9 (cf. page 25).

[DOVE *et al.* 2005]

DOVE, Martin D., Emilio ARTACHO, Toby O. H. WHITE, Richard P. BRUIN, Matt G. TUCKER, Peter MURRAY-RUST, Rob J. ALLAN, Kerstin KLEESE VAN DAM, William SMITH, Rik P. TYER, Ilian T. TODOROV, Wolfgang EMMERICH, Clovis CHAPMAN, Steve C. PARKER, Arnaud MARMIER, Vassil ALEXANDROV, Gareth J. LEWIS, Mehmood S. HASAN, Ashish THANDAVAN, Kate WRIGHT, C. Richard A. CATLOW, Marc BLANCHARD, Nora H. de LEEUW, ZhiMei DU, David G. PRICE, John BRODHOLT et Maria ALFREDSSON (sept. 2005). « The eMinerals project : developing the concept of the virtual organisation to support collaborative work on molecular-scale environmental simulations ». Anglais. Dans *Proceedings on All Hands 2005*. Sous la direction de Simon J. COX et David W. WALKER. Nottingham, United-Kingdom, pages 1058–1065. ISBN : 1-904425-53-4 (cf. pages 14, 15).

[DREES *et al.* 1996]

DREES, Robert C., Jürgen PLEISS et Rolf D. SCHMID (1996). « Highly Immersive Molecular Modeling (HIMM) : an architecture for the integration of molecular modeling and virtual reality ». Anglais. Dans *German Conference on Bioinformatics*, pages 190–192 (cf. page 10).

[DREES *et al.* 1998]

DREES, Robert C., Jürgen PLEISS, Rolf D. SCHMID et Dieter ROLLER (juin 1998). « Integrating molecular modeling tools and virtual reality engines : an architecture for a Highly Immersive Molecular Modeling (HIMM) environment ». Anglais. Dans *Proceedings of the Computer Graphics International 1998*. CGI. Washington, DC, USA : IEEE Computer Society, pages 391–392. ISBN : 0-8186-8445-3 (cf. page 10).

[ELLIS *et al.* 1991]

ELLIS, Clarence A., Simon J. GIBBS et Gail REIN (jan. 1991). « Groupware : some issues and experiences ». Dans *Communication on ACM* 34.1, pages 39–58 (cf. pages 38, 40).

[ENRIQUEZ *et al.* 2006]

ENRIQUEZ, Mario, Karon MACLEAN et Christian CHITA (nov. 2006). « Haptic phonemes : basic building blocks of haptic communication ». Anglais. Dans *Proceedings of the 8th international conference on Multimodal interfaces*. Banff, Alberta, Canada : ACM, pages 302–309. ISBN : 1-59593-541-X (cf. page 135).

[EWING *et al.* 2001]

EWING, Todd J. A., Shingo MAKINO, A. Geoffrey SKILLMAN et Irwin D. KUNTZ (mai 2001). « DOCK 4.0 : search strategies for automated molecular docking of flexible molecule databases ». Anglais. Dans *Journal of Computer-Aided Molecular Design* 15.5, pages 411–428 (cf. page 9).

[FÉREY *et al.* 2008]

FÉREY, Nicolas, Guillaume BOUYER, Christine MARTIN, Patrick BOURDOT, Julien NELSON et Jean-Marie BURKHARDT (mar. 2008). « User needs analysis to design a 3D multimodal protein-docking interface ». Anglais. Dans *Proceedings of the 2008 IEEE Symposium on 3D User Interfaces*. 3DUI. Washington, DC, USA : IEEE Computer Society, pages 125–132. ISBN : 978-1-4244-2047-6 (cf. pages 56, 82).

[FISCHER et BEENSCH 1894]

FISCHER, Emil et Leo BEENSCH (août 1894). « Ueber einige synthetische Glucoside ». Allemand. Dans *Berichte der deutschen chemischen Gesellschaft* 27.2, pages 2478–2486. ISSN : 1099-0682 (cf. page 4).

[FOUSHEE et HELMREICH 1987]

FOUSHEE, H. Clayton et Robert L. HELMREICH (1987). « Group interaction and flight crew performance ». Anglais. Dans *Human factors in modern aviation*. Sous la direction d'Earl L. WIENER et David C. NAGEL, pages 189–227 (cf. pages 17, 19).

[FRIEDMAN 1940]

FRIEDMAN, Milton (mar. 1940). « A comparison of alternative tests of significance for the problem of m rankings ». Anglais. Dans *The annals of mathematical statistics* 11.1, pages 86–92 (cf. pages 63, 91).

[FRIESNER *et al.* 2004]

FRIESNER, Richard A., Jay L. BANKS, Robert B. MURPHY, Thomas A. HALGREN, Jasna J. KLICIC, Daniel T. MAINZ, Matthew P. REPASKY, Eric H. KNOLL, Mee SHELLEY, Jason K. PERRY, David E. SHAW, Perry FRANCIS et Peter S. SHENKIN (mar. 2004). « Glide : a new approach for rapid, accurate docking and scoring. 1. Method and assessment of docking accuracy. » Anglais. Dans *Journal of Medicinal Chemistry* 47.7, pages 1739–1749. ISSN : 0022-2623 (cf. page 9).

[FUCHS *et al.* 2006]

FUCHS, Philippe, David AMARANTI, Malika AUVRAY, Mohamed BENALI-KOUDJA, Alain BERTHOZ, Éric BERTON, Jean BLOUIN, Simon BOUISSET, Christophe BOURDIN, Jean-Marie BURKHARDT, Luca LATINI CORAZZINI, Gabriel M. GAUTHIER, Édouard GENTAZ, Marie-Dominique GIRAUDO, Moustapha HAFEZ, Yvette HATWELL, Bernard HENNION, Daniel MESTRE, Franck MULTON, Jean-Paul PAPIN, Patrick PÉRUCH, Guillaume RAO, Nicolas TSINGOS, Jean-Louis VERCHER et Olivier WARUSFEL (mar. 2006). *Traité de la réalité virtuelle*. Sous la direction de Philippe FUCHS. 3^e édition. Tome 1. Laval, France : Presses de l'École des Mines de Paris (cf. pages 35, 200).

[GAUTIER *et al.* 2008]

GAUTIER, Mathieu, Claude ANDRIOT et Pierre EHANNO (juin 2008). « 6DoF haptic cooperative virtual prototyping over high latency networks ». Anglais. Dans *Haptics : Perception, Devices and Scenarios*. Sous la direction de Manuel FERRE. Tome 5024. Lecture Notes in Computer Science. Madrid, Espagne : Springer Berlin / Heidelberg, pages 876–885 (cf. page 32).

[GEORGE 1990]

GEORGE, Jennifer M. (avr. 1990). « Personality, Affect, and Behavior in Groups ». Anglais. Dans *Journal of Applied Psychology* 75.2, pages 107–116. ISSN : 0021-9010 (cf. page 17).

[GEORGE et L. R. JAMES 1993]

GEORGE, Jennifer M. et Lawrence R. JAMES (oct. 1993). « Personality, affect, and behavior in groups revisited : comment on aggregation, levels of analysis, and a recent application of within and between analysis ».

Anglais. Dans *Journal of Applied Psychology* 78.5, pages 798–804. ISSN : 0021-9010 (cf. page 17).

[GIBSON 1977]

GIBSON, James J. (avr. 1977). « Perceiving, acting, and knowing : towards an ecological psychology ». Anglais. Dans SHAW, R., J. BRANSFORD et University of MINNESOTA. CENTER FOR RESEARCH IN HUMAN LEARNING. *Perceiving, acting, and knowing : toward an ecological psychology*. Sous la direction de Robert E. SHAW et John D. BRANSFORD. Hoboken, NJ, USA : Lawrence Erlbaum Associates. Chapitre 8, pages 127–143. ISBN : 978-0470990148 (cf. page 19).

[GIBSON 1979]

— (1979). *The ecological approach to visual perception*. Anglais. Boston : Houghton Mifflin. ISBN : 978-0395270493 (cf. page 19).

[GORLATCH *et al.* 2009]

GORLATCH, Sergei, Jens MÜLLER-IDEN, Martin ALT, Jan DÜNNWEBER, Hamido FUJITA et Yutaka FUNYU (avr. 2009). « Clayworks : toward user-oriented software for collaborative modeling and simulation ». Anglais. Dans *Knowledge-Based Systems* 22.3, pages 209–215 (cf. page 83).

[GRASSET 2004]

GRASSET, Raphaël (avr. 2004). « Environnement de réalité augmentée 3D coopératif : approche colocalisée sur table ». Thèse de doctorat. Université Joseph Fourier (cf. page 30).

[GRASSET et GASCUEL 2002]

GRASSET, Raphaël et Jean-Dominique GASCUEL (juil. 2002). « MARE : Multiuser Augmented Reality Environment on real table setup ». Anglais. Dans *29th International Conference on Computer Graphics and Interactive Techniques*. SIGGRAPH. San Antonio, Texas, Etats-Unis : ACM, pages 213–213 (cf. page 32).

[GROSDIDIER 2007]

GROSDIDIER, Aurélien (2007). « EADock : design of a new molecular docking algorithm and some of its applications ». Anglais. Thèse de doctorat. Grenoble, France : UFR de Pharmacie, Université Joseph Fourier (cf. page 7).

[GRÜNWALD 2008]

GRÜNWALD, Martin (2008). *Human haptic perception : basics and applications*. Anglais. Springer. ISBN : 978-3764376116 (cf. page 9).

[GUTWIN et GREENBERG 2000]

GUTWIN, Carl et Saul GREENBERG (juin 2000). « The mechanics of collaboration : developing low cost usability evaluation methods for shared workspaces ». Anglais. Dans *Proceedings of the 9th IEEE International Workshops on Enabling Technologies : Infrastructure for Collaborative Enterprises*. Washington, DC, USA : IEEE Computer Society, pages 98–103. ISBN : 0-7695-0798-0 (cf. page 30).

[GUTWIN *et al.* 1996]

GUTWIN, Carl, Saul GREENBERG et Mark ROSEMAN (août 1996). « Workspace awareness in real-time distributed groupware : framework, widgets, and evaluation ». Anglais. Dans *Proceedings of HCI on People and Computers XI*. London, UK : Springer-Verlag, pages 281–298. ISBN : 3-540-76069-5 (cf. page 26).

[HAAN *et al.* 2002]

HAAN, Gerwin de, Michal KOUTEK et Frits H. POST (nov. 2002). « Towards intuitive exploration tools for data visualization in VR ». Anglais. Dans *Proceedings of the ACM symposium on Virtual reality software and technology*. VRST. Hong Kong, China : ACM, pages 105–112. ISBN : 1-58113-530-0 (cf. page 11).

[HALGREN *et al.* 2004]

HALGREN, Thomas A., Robert B. MURPHY, Richard A. FRIESNER, Hege S. BEARD, Leah L. FRYE, W. Thomas POLLARD et Jay L. BANKS (mar. 2004). « Glide : a new approach for rapid, accurate docking and scoring. 2. Enrichment factors in database screening ». Anglais. Dans *Journal of Medicinal Chemistry* 47.7, pages 1750–1759 (cf. page 9).

[S. G. HARKINS et SZYMANSKI 1988]

HARKINS, Stephen G. et Kate SZYMANSKI (juil. 1988). « Social loafing and self-evaluation with an objective standard ». Anglais. Dans *Journal of Experimental Social Psychology* 24.4, pages 354–365. ISSN : 0022-1031 (cf. page 24).

[HART et READ 1992]

HART, Trevor N. et Randy J. READ (juil. 1992). « A multiple-start Monte Carlo docking method ». Anglais. Dans *Proteins : Structure, Function, and Bioinformatics* 13.3, pages 206–222. ISSN : 1097-0134 (cf. page 9).

[HASENKNOPF 2005]

HASENKNOPF, Bernold (nov. 2005). « Polyoxométallates fonctionnalisés : de l'assemblage supramoléculaire vers les nanobiotechnologies ». Habilitation à Diriger des Recherches. Université Pierre et Marie Curie - Paris VI (cf. page 5).

[HERTZUM 2008]

HERTZUM, Morten (mar. 2008). « Collaborative information seeking : The combined activity of information seeking and collaborative grounding ». Anglais. Dans *Information Processing and Management* 44.2, pages 957–962. ISSN : 0306-4573 (cf. page 29).

[HERTZUM 2010]

— (nov. 2010). « Breakdowns in collaborative information seeking : A study of the medication process ». Anglais. Dans *Information Processing and Management* 46.6, pages 646–655. ISSN : 0306-4573 (cf. page 29).

[HESS *et al.* 2008]

HESS, Berk, Carsten KUTZNER, David van der SPOEL et Erik LINDAHL (nov. 2008). « GROMACS 4 : algorithms for highly efficient, load-balanced, and scalable molecular simulation ». Anglais. Dans *Journal of chemical theory and computation* 4.3, pages 435–447 (cf. pages 10, 46).

[HOLLAN *et al.* 2000]

HOLLAN, James, Edwin L. HUTCHINS et David KIRSH (juin 2000). « Distributed cognition : toward a new foundation for human-computer interaction research ». Anglais. Dans *ACM Transaction on Computer-Human Interaction* 7.2, pages 174–196. ISSN : 1073-0516 (cf. page 17).

[HOLM 1979]

HOLM, Sture (1979). « A simple sequentially rejective multiple test procedure ». Anglais. Dans *Scandinavian journal of statistics* 6.2, pages 65–70 (cf. pages 65, 67, 98, 103–106).

[HOU et SOURINA 2010]

HOU, XiYuan et Olga SOURINA (2010). « Haptic rendering algorithm for biomolecular docking with torque force ». Anglais. Dans *Proceedings of the 2010 International Conference on Cyberworlds*. CW. Washington, DC, USA : IEEE Computer Society, pages 25–31. ISBN : 978-0-7695-4215-7 (cf. pages 12, 13).

[P. HUANG *et al.* 2010]

HUANG, Pingguo, Yutaka ISHIBASHI, Norishige FUKUSHIMA et Shinji SUGAWARA (oct. 2010). « Interactivity improvement of group synchronization control in collaborative haptic play with building blocks ». Anglais. Dans *Proceedings of the 9th Annual Workshop on Network and Systems Support for Games*. NetGames 2. Piscataway, NJ, USA : IEEE Press, pages 1–6 (cf. page 42).

[S. HUGHES et LEWIS 2002]

HUGHES, Stephen et Michael LEWIS (sept. 2002). « Attentive interaction techniques for searching virtual environments ». Anglais. Dans *Proceedings of the Human Factors and Ergonomics Society Annual Meeting* 46.26, pages 2159–2163 (cf. page 54).

[HUITEMA et LIERE 2000]

HUITEMA, Henk et Robert van LIERE (oct. 2000). « Interactive visualization of protein dynamics ». Anglais. Dans *Proceedings of the 11th IEEE Visualization Conference*. VIS. Salt Lake City, UT, USA : IEEE Computer Society, pages 465–468. ISBN : 0-7803-6478-3 (cf. page 9).

[HUMPHREY *et al.* 1996]

HUMPHREY, William F., Andrew DALKE et Klaus SCHULTEN (fév. 1996). « VMD : Visual Molecular Dynamics ». Anglais. Dans *Journal of Molecular Graphics* 14.1, pages 33–38 (cf. pages 9, 44, 200).

[HUTCHINS 1995]

HUTCHINS, Edwin L. (juil. 1995). « How a cockpit remembers its speeds ». Anglais. Dans *Cognitive Science* 19.3, pages 265–288. ISSN : 1551-6709 (cf. page 18).

[HUTCHINS 1996]

— (sept. 1996). *Cognition in the wild*. Anglais. 2^e édition. Cambridge : MIT Press. ISBN : 0262581469 (cf. page 18).

[IGLESIAS *et al.* 2008]

IGLESIAS, Rosa, Sara CASADO, Teresa GUTIÉRREZ, Alejandro GARCÍA-ALONSO, Wai YU et Alan MARSHALL (jan. 2008). « Simultaneous remote haptic collaboration for assembling tasks ». Anglais. Dans *Multimedia Systems*. Tome 13. 4. Springer, Heidelberg, Germany, pages 263–274 (cf. page 42).

[INGHAM *et al.* 1974]

INGHAM, Alan G., George LEVINGER, James GRAVES et Vaughn PECKHAM (juil. 1974). « The Ringelmann effect : studies of group size and group performance ». Anglais. Dans *Journal of Experimental Social Psychology* 10.4, pages 371–384. ISSN : 0022-1031 (cf. page 23).

[JIANG *et al.* 2003]

JIANG, Sulin, Andrei TOVCHIGRECHKO et Ilya A. VAKSER (2003). « The role of geometric complementarity in secondary structure packing : a systematic docking study ». Anglais. Dans *Protein Science* 12.8, pages 1646–1651 (cf. page 6).

[JONES *et al.* 1997]

JONES, Gareth, Peter WILLETT, Robert C. GLEN, Andrew R. LEACH et Robin TAYLOR (avr. 1997). « Development and validation of a genetic algorithm for flexible docking ». Anglais. Dans *Journal of Molecular Biology* 267.3, pages 727–748. ISSN : 0022-2836 (cf. page 9).

[JUNUZOVIC et DEWAN 2009]

JUNUZOVIC, Sasa et Prasan DEWAN (nov. 2009). « Serial vs. concurrent scheduling of transmission and processing tasks in collaborative systems ». Anglais. Dans *Collaborative Computing : Networking, Applications and Worksharing*. Sous la direction d'Elisa BERTINO, James B. D. JOSHI, Ozgur AKAN, Paolo BELLAVISTA, Jiannong CAO, Falko DRESSLER, Domenico FERRARI, Mario GERLA, Hisashi KOBAYASHI, Sergio PALAZZO, Sartaj SAHNI, Xuemin (Sherman) SHEN, Mircea STAN, Jia XIAO-HUA, Albert ZOMAYA et Geoffrey COULSON. Tome 10. Lecture Notes of the Institute for Computer Sciences, Social Informatics and Telecommunications Engineering 3. Orlando, FL, USA : Springer Berlin Heidelberg, pages 746–759. ISBN : 978-3-642-03354-4 (cf. page 30).

[KARAU et K. D. WILLIAMS 1993]

KARAU, Steven J. et Kipling D. WILLIAMS (oct. 1993). « Social loafing : a meta-analytic review and theoretical integration ». Anglais. Dans *Journal of Personality and Social Psychology* 65.4, pages 681–706. ISSN : 0022-3514 (cf. pages 23, 24).

[KERR et BRUUN 1981]

KERR, Norbert L. et Steven E. BRUUN (juin 1981). « Ringelmann revisited : alternative explanations for the social loafing effect ». Anglais. Dans *Personality and Social Psychology Bulletin* 7.2, pages 224–231 (cf. page 23).

[KESSLER *et al.* 1999]

KESSLER, Naama, Daniele PERL-TREVES, Lia ADDADI et Miriam EISENSTEIN (oct. 1999). « Structural and chemical complementarity between antibodies and the crystal surfaces they recognize ». Anglais. Dans *Proteins : Structure, Function, and Bioinformatics* 34.3, pages 383–394. ISSN : 1097-0134 (cf. page 6).

[J.-I. KIM *et al.* 2004]

KIM, Jee-In, SungJun PARK, YoungJin CHOI et SeunHo JUNG (juil. 2004). « Development of a gesture-based molecular visualization tool based on virtual reality for molecular docking ». Anglais. Dans *Bulletin of the Korean Chemical Society* 25.10, pages 1571–1574. ISSN : 0253-2964 (cf. pages 10, 14).

[J. KIM *et al.* 2004]

KIM, Jung, Hyun KIM, Boon K. TAY, Manivannan MUNIYANDI, Mandayam A. SRINIVASAN, Joel JORDAN, Jesper MORTENSEN, Manuel OLIVEIRA et Mel SLATER (juin 2004). « Transatlantic touch : a study of haptic collaboration over long distance ». Anglais. Dans *Presence : Teleoperators and Virtual Environments* 13.3, pages 328–337 (cf. page 42).

[KIRSH 1999]

KIRSH, David (1999). « Distributed cognition, coordination and environment design ». Dans *Proceedings of the European Cognitive Science Society*, pages 1–11 (cf. page 19).

[KLOSOWSKI *et al.* 2002]

KLOSOWSKI, James T., Peter D. KIRCHNER, Julia VALUYEVA, Greg ABRAM, Christopher J. MORRIS, Robert H. WOLFE et Thomas JACKMAN (mai 2002). « Deep View : high-resolution reality ». Anglais. Dans *IEEE Computer Graphics and Applications* 22.3, pages 12–15. ISSN : 0272-1716 (cf. page 10).

[KNAUF 2010]

KNAUF, Audrey (mai 2010). *Les dispositifs d'intelligence économique : compétences et fonctions utiles à leur pilotage*. Intelligence économique. L'Harmattan. ISBN : 9782296119321 (cf. page 17).

[KOUTEK *et al.* 2002]

KOUTEK, Michal, Jeroen van HEES, Frits H. POST et A. F. BAKKER (mai 2002). « Virtual spring manipulators for particle steering in molecular dynamics on the responsive workbench ». Anglais. Dans *Proceedings of the workshop on Virtual environments 2002*. EGVE. Barcelona, Spain : Eurographics Association, pages 53–62. ISBN : 1-58113-535-1 (cf. page 11).

[KRAUT 2003]

KRAUT, Robert E. (2003). « Applying social psychological theory to the problems of group work ». Anglais. Dans. *HCI models theories and frameworks : toward a multidisciplinary science*. Sous la direction de John M. CARROLL. San Francisco, CA, USA : Morgan Kaufmann. Chapitre 12, pages 325–356 (cf. page 24).

[KRAVITZ et B. MARTIN 1986]

KRAVITZ, David A. et Barbara MARTIN (mai 1986). « Ringelmann rediscovered : the original article ». Anglais. Dans *Journal of Personality and Social Psychology* 50.5, pages 936–941. ISSN : 0022-3514 (cf. pages 22, 23).

[KŘENEK *et al.* 1999]

KŘENEK, Aleš, Martin ČERNOHORSKÝ et Zdeněk KABELÁČ (1999). « Haptic visualization of molecular model ». Anglais. Dans *International Conference on Computer Graphics, Visualization and Computer Vision*, pages 133–139 (cf. page 10).

[KRIZ *et al.* 2003]

KRIZ, Ronald D., Diana FARKAS, Andrew A. RAY, John KELSO et Raymond E. FLANERY JR. (mar. 2003). « Visual interpretation and analysis of HPC nanostructure models using shared virtual environments ». Anglais. Dans *Proceedings of High Performance Computing : Grand Challenges in Computer Simulations*. San Diego, CA, USA : The Society for Modeling et Simulation International, pages 127–135 (cf. page 15).

[KRUSKAL et WALLIS 1952]

KRUSKAL, William H. et W. Allen WALLIS (déc. 1952). « Use of ranks in one-criterion variance analysis ». Anglais. Dans *Journal of the American statistical association* 47.260, pages 583–621 (cf. page 93).

[LAI-YUEN et Y.-S. LEE 2005]

LAI-YUEN, Susana K. et Yuan-Shin LEE (déc. 2005). « Computer-aided molecular design (CAMD) with force-torque feedback ». Anglais. Dans *Proceedings of the 9th International Conference on Computer Aided Design and Computer Graphics*. CAD-CG. Washington, DC, USA : IEEE Computer Society, pages 199–204. ISBN : 0-7695-2473-7 (cf. page 12).

[LAI-YUEN et Y.-S. LEE 2006]

— (2006). « Interactive computer-aided design for molecular docking and assembly ». Anglais. Dans *Computer-Aided Design and Applications* 3.6, pages 701–710 (cf. pages 12, 13).

[LATANÉ *et al.* 1979]

LATANÉ, Bibb, Kipling WILLIAMS et Stephen HARKINS (juin 1979). « Many hands make light the work : the causes and consequences of social loafing ». Anglais. Dans *Journal of Personality and Social Psychology* 37.6, pages 822–832. URL : <http://content.apa.org/journals/psp/37/6/822> (cf. pages 23, 24, 127).

[LEACH *et al.* 2006]

LEACH, Andrew R., Brian K. SHOICHET et Catherine E. PEISHOFF (oct. 2006). « Prediction of protein-ligand interactions. Docking and scoring : successes and gaps ». Anglais. Dans *Journal of Medicinal Chemistry* 49.20, pages 5851–5855. ISSN : 1522-2667 (cf. page 7).

[Y.-G. LEE et LYONS 2004]

LEE, Yong-Gu et Kevin W. LYONS (jan. 2004). « Smoothing haptic interaction using molecular force calculations ». Anglais. Dans *Computer-Aided Design* 36.1, pages 75–90. ISSN : 0010-4485 (cf. page 11).

[LENNARD-JONES 1924a]

LENNARD-JONES, John E. (oct. 1924a). « On the determination of molecular fields. I. From the variation of the viscosity of a gas with temperature ». Anglais. Dans *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character* 106.738, pages 441–462. ISSN : 09501207 (cf. pages 11, 12).

[LENNARD-JONES 1924b]

— (oct. 1924b). « On the determination of molecular fields. II. From the equation of state of a gas ». Anglais. Dans *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character* 106.738, pages 463–477. ISSN : 09501207 (cf. page 11).

[LEVINE *et al.* 1997]

LEVINE, David, Michael FACELLO, Philip HALLSTROM, Gregory REEDER, Brian WALENZ et Fred STEVENS (avr. 1997). « STALK : an interactive system for virtual molecular docking ». Anglais. Dans *IEEE Computer in Sciences and Engineering* 4.2, pages 55–65. ISSN : 1070-9924 (cf. pages 11, 55, 82).

[LIKERT 1932]

LIKERT, Rensis (1932). « A technique for the measurement of attitudes ». Anglais. Dans *Archives of Psychology* 22.140 (cf. pages 226, 232, 233, 239).

[LOEFFLER et WINN 2009a]

LOEFFLER, Hannes H. et Martyn D. WINN (sept. 2009a). *Large biomolecular simulation on HPC platforms 1 : experiences with AMBER, Gromacs and NAMD*. Anglais. Rapport technique. Science et Technology Facilities Council (cf. page 46).

[LOEFFLER et WINN 2009b]

— (sept. 2009b). *Large biomolecular simulation on HPC platforms 2 : DL_POLY, Gromacs, LAMMPS and NAMD*. Anglais. Rapport technique. Science et Technology Facilities Council (cf. page 46).

[MANN et WHITNEY 1947]

MANN, Henry Berthold et Donald Ransom WHITNEY (mar. 1947). « On a test of whether one of two random variables is stochastically larger than the other ». Anglais. Dans *The annals of mathematical statistics* 18.1, pages 50–60 (cf. pages 65, 67, 98, 103–106).

[MARSH *et al.* 2006]

MARSH, James, Mashhuda GLENCROSS, Steve PETTIFER et Roger HUBBOLD (mai 2006). « A network architecture supporting consistent rich behavior in collaborative interactive applications ». Anglais. Dans *IEEE Transactions on visualization and computer graphics* 12.3, pages 405–416 (cf. page 42).

[MA 2007]

MA, WenJun (déc. 2007). « AMMP-EXTN : a user privacy and collaboration control framework for a multi-user collaboratory virtual reality system ». Anglais. Thèse de doctorat. Atlanta, GA, USA : Georgia State University (cf. page 15).

[MA *et al.* 2007]

MA, WenJun, Ying ZHU, Robert W. HARRISON et G. Scott OWEN (mar. 2007). « AMMP-EXTN : managing user privacy and cooperation demand in a collaborative molecule modeling virtual system ». Anglais. Dans *IEEE Virtual Reality Conference*. Los Alamitos, CA, USA : IEEE Computer Society, pages 301–302. ISBN : 1-4244-0905-5 (cf. page 15).

[MAYER 1903]

MAYER, August (1903). « Über Einzel- und Gesamtleistung des Schulkindes : Ein Beitrag zur experimentellen Pädagogik ». Allemand. Thèse de doctorat. Leipzig, German : Universität de Zürich (cf. page 20).

[McCOY *et al.* 1997]

McCOY, Airlie J., V. CHANDANA EPA et Peter M. COLMAN (mai 1997). « Electrostatic complementarity at protein/protein interfaces ». Anglais. Dans *Journal of Molecular Biology* 268.2, pages 570–584. ISSN : 0022-2836 (cf. page 6).

[MEAGHER et CARLSON 2004]

MEAGHER, Kristin L. et Heather A. CARLSON (oct. 2004). « Incorporating protein flexibility in structure-based drug discovery : using HIV-1 protease as a test case ». Anglais. Dans *Journal of the American Chemical Society* 126.41, pages 13276–13281 (cf. page 8).

[MEUMANN 1904]

MEUMANN, Ernst (1904). *Haus und Schularbeit : Experimente an Kindern Der Volksschule*. Allemand. Kessinger Publishing, LLC. ISBN : 9781161193947 (cf. page 20).

[MOEDE 1927]

MOEDE, Walther (1927). « Die Richtlinien der Leistungs-Psychologie ». Allemand. Dans *Industrielle Psychotechnik* 4, pages 193–209 (cf. page 22).

[MOLL et SALLNÄS 2009]

MOLL, Jonas et Eva-Lotta SALLNÄS (sept. 2009). « Communicative functions of haptic feedback ». Anglais. Dans *Proceedings of the 4th International Conference on Haptic and Audio Interaction Design*. HAID. Dresden, Germany : Springer-Verlag, pages 1–10. ISBN : 978-3-642-04075-7 (cf. pages 135, 136, 160).

[G. M. MORRIS *et al.* 1998]

MORRIS, Garrett M., David S. GOODSELL, Robert S. HALLIDAY, Ruth HUEY, William E. HART, Richard K. BELEW et Arthur J. OLSON (nov. 1998). « Automated docking using a Lamarckian genetic algorithm and an empirical binding free energy function ». Anglais. Dans *Journal of Computational Chemistry* 19.14, pages 1639–1662. ISSN : 1096-987X (cf. page 9).

[M. R. MORRIS 2007]

MORRIS, Meredith Ringel (avr. 2007). « Interfaces for collaborative exploratory web search : motivations and directions for multi-user designs ». Anglais. Dans *Workshop on Exploratory Search and HCI : Designing and Evaluating Interfaces to Support Exploratory Search Interaction*. Sous la direction de Ryan W. WHITE, Steven M. DRUCKER, Gary MARCHIONINI, Marti HEARST et Monica M. C. SCHRAEFEL. SIGCHI/ESI. ACM, pages 9–12 (cf. page 54).

[MUGNY *et al.* 1995]

MUGNY, Gabriel, Jean-Léon BEAUVOIS et Dominique OBERLÉ (1995). *Relations humaines, groupes et influence sociale*. La psychologie sociale. Presses universitaires de Grenoble (cf. page 112).

[J. MÜLLER *et al.* 2006]

MÜLLER, Jens, Martin ALT, Jan DÜNNWEBER et Sergei GORLATCH (déc. 2006). « Clayworks : a system for collaborative real-time modeling and high-performance simulation ». Anglais. Dans *Second IEEE International Conference on e-Science and Grid Computing*. e-Science, page 104 (cf. page 83).

[P. MÜLLER 1994]

MÜLLER, Paul (1994). « Glossary of terms used in physical organic chemistry ». Anglais. Dans *Pure and applied chemistry* 66.5, pages 1077–1184 (cf. page 7).

[NAUD *et al.* 2009]

NAUD, Michael, Sehat ULLAH, Paul RICHARD, Samir OTMANE et Malik MALLEM (déc. 2009). « Effect of tactile feedback and viewpoint on task performance in a collaborative virtual environment ». Anglais. Dans

- Proceedings of Joint Virtual Reality Conference*. Sous la direction de Michitaka HIROSE, Dieter SCHMALSTIEG, Chadwick A. WINGRAVE et Kunihiro NISHIMURA. EGVE. Lyon, France, pages 19–20 (cf. page 135).
- [NEIDIGH *et al.* 2002]
 NEIDIGH, Jonathan W., R. Matthew FESINMEYER et Niels H. ANDERSEN (juin 2002). « Designing a 20-residue protein ». Anglais. Dans *Nature Structural Biology* 9.6, pages 425–430 (cf. page 205).
- [D. A. NORMAN 1988]
 NORMAN, Donald A. (mai 1988). *The psychology of everyday things*. Anglais. New York : Basic Books. ISBN : 978-0385267748 (cf. page 19).
- [D. A. NORMAN 1991]
 — (juin 1991). *Designing interaction : psychology at the human-computer interface*. Anglais. Sous la direction de John M. CARROLL. New York, NY, USA : Cambridge University Press. ISBN : 0-521-40056-2 (cf. page 19).
- [D. A. NORMAN 1999]
 — (mai 1999). « Affordance, conventions, and design ». Anglais. Dans *Interactions* 6.3, pages 38–43. ISSN : 1072-5520 (cf. page 19).
- [J. NORMAN et HAMZA-LUP 2010]
 NORMAN, Jonathan et Felix G. HAMZA-LUP (avr. 2010). « Challenges in the deployment of visuo-haptic virtual environments on the internet ». Anglais. Dans *Proceedings of the 2010 Second International Conference on Computer and Network Technology*. Washington, DC, USA : IEEE Computer Society, pages 33–37 (cf. page 42).
- [NURISSO 2010]
 NURISSO, Alessandra (mai 2010). « Études in silico des interactions protéines-carbohydrates ». Thèse de doctorat. Université Joseph-Fourier - Grenoble I (cf. page 4).
- [OAKLEY *et al.* 2001]
 OAKLEY, Ian, Stephen A. BREWSTER et Philip D. GRAY (jan. 2001). « Can you feel the force ? An investigation of haptic collaboration in shared editors ». Anglais. Dans *Proceedings of EuroHaptics*. Sous la direction de Chris BABER, M. FAINT, Steven WALL et Alan M. WING, pages 54–59 (cf. pages 134, 135, 158).

[OBEYSEKARE *et al.* 1996]

OBEYSEKARE, Upul, Chas WILLIAMS, Jim DURBIN, Larry ROSENBLUM, Robert ROSENBERG, Fernando GRINSTEIN, Ravi RAMAMURTHI, Alexandra LANDSBERG et William SANDBERG (oct. 1996). « Virtual workbench - a non-immersive virtual environment for visualizing and interacting with 3D objects for scientific visualization ». Anglais. Dans *Proceedings of the 7th conference on Visualization '96*. VIS. San Francisco, California, USA : IEEE Computer Society Press, pages 345–359. ISBN : 0-89791-864-9 (cf. page 55).

[A. F. OSBORN 1963]

OSBORN, Alex Faickney (1963). *Applied imagination : principles and procedures of creative problem-solving*. Anglais. Scribner (cf. pages 112–114).

[ÖSTERBERG *et al.* 2002]

ÖSTERBERG, Fredrik, Garrett M. MORRIS, Michel F. SANNER, Arthur J. OLSON et David S. GOODSSELL (jan. 2002). « Automated docking to multiple target structures : incorporation of protein mobility and structural water heterogeneity in AutoDock ». Anglais. Dans *Proteins* 46.1, pages 34–40 (cf. pages 8, 9).

[OUH-YOUNG *et al.* 1988]

OUH-YOUNG, Ming, Michael E. PIQUE, John HUGHES, Neela SRINIVASAN et Frederick P. BROOKS JR. (avr. 1988). « Using a manipulator for force display in molecular docking ». Anglais. Dans *IEEE International Conference on Robotics and Automation*. Tome 3. Philadelphia, PA, USA, pages 1824–1829 (cf. page 10).

[PARK *et al.* 2006]

PARK, SungJun, Jun LEE et Jee-In KIM (nov. 2006). « A collaborative virtual reality environment for molecular modeling ». Anglais. Dans *Lecture notes in computer science* 4282. Sous la direction de ZhiGeng PAN, Adrian CHEOK, Michael HALLER, Rynson W. H. LAU, Hideo SAITO et RongHua LIANG, pages 324–333 (cf. page 14).

[PATEL *et al.* 1999]

PATEL, Vimla L., David R. KAUFMAN, Vanessa G. ALLEN, Edward H. SHORTLIFFE, James J. CIMINO et Robert A. GREENES (sept. 1999). « Toward a framework for computer-mediated collaborative design in medical informatics ». Anglais. Dans *Methods of Information in Medicine* 38.3, pages 158–176. ISSN : 0026-1270 (cf. page 19).

[PATEL *et al.* 2000]

PATEL, Vimla L., Kayla N. CYTRYN, Edward H. SHORTLIFFE et Charles SAFRAN (juin 2000). « The collaborative health care team : the role of individual and group expertise ». Anglais. Dans *Teaching and Learning in Medicine* 12.3, pages 117–132 (cf. page 19).

[PAVLOVIĆ *et al.* 1996]

PAVLOVIĆ, Vladimir I., Rajeev SHARMA et Thomas S. HUANG (oct. 1996). « Gestural interface to a visual computing environment for molecular biologists ». Anglais. Dans *IEEE International Conference on Automatic Face and Gesture Recognition*, page 30 (cf. page 55).

[PETERLÍK 2009]

PETERLÍK, Igor (jan. 2009). « Haptic interaction with non-linear deformable objects ». Anglais. Thèse de doctorat. Brno, Czech Republic : The Faculty of Informatics, Masaryk University (cf. page 82).

[PETTERSEN *et al.* 2004]

PETTERSEN, Eric F., Thomas D. GODDARD, Conrad C. HUANG, Gregory S. COUCH, Daniel M. GREENBLATT, Elaine C. MENG et Thomas E. FERRIN (oct. 2004). « UCSF Chimera - a visualization system for exploratory research and analysis ». Anglais. Dans *Journal of computational chemistry* 25.13, pages 1605–1612 (cf. pages 14, 44).

[PHILLIPS *et al.* 2005]

PHILLIPS, James C., Rosemary BRAUN, Wei WANG, James GUMBART, Emad TAJKHORSHID, Elizabeth VILLA, Christophe CHIPOT, Robert D. SKEEL, Laxmikant KALÉ et Klaus SCHULTEN (mai 2005). « Scalable molecular dynamics with NAMD ». Anglais. Dans *Journal of computational chemistry* 26.16, pages 1781–1802 (cf. pages 46, 200).

[PICKENS et GOLOVCHINSKY 2007]

PICKENS, Jeremy et Gene GOLOVCHINSKY (oct. 2007). « Collaborative exploratory search ». Anglais. Dans *Workshop on Human-Computer Interaction and Information Retrieval*. Sous la direction de Michael BERNSTEIN et Robin STEWART. Massachusetts Institute of Technology, Computer Science et Artificial Intelligence Laboratory, pages 21–22 (cf. page 54).

[POLYS *et al.* 2004]

POLYS, Nicholas F., Chris NORTH, Douglas A. BOWMAN, Andrew RAY, Maxim MOLDENHAUER et Chetan DANDEKAR (jan. 2004). « Snap2Diverse : coordinating information visualizations and virtual environments ». Anglais. Dans *Visualization and data analysis* 5295.1, pages 189–200. ISSN : 0277786X (cf. page 55).

[POOLE et HOLLINGSHEAD 2005]

POOLE, Marshall Scott et Andrea B. HOLLINGSHEAD (2005). *Theories of small groups : interdisciplinary perspectives*. Anglais. Sage. ISBN : 9780761930761 (cf. page 113).

[RAREY *et al.* 1997]

RAREY, Matthias, Bernd KRAMER et Thomas LENGAUER (juil. 1997). « Multiple automatic base selection : Protein–ligand docking based on incremental construction without manual intervention ». Anglais. Dans *Journal of Computer-Aided Molecular Design* 11.4, pages 369–384. ISSN : 0920-654X (cf. page 9).

[RAREY *et al.* 1999]

— (mar. 1999). « Docking of hydrophobic ligands with interaction-based matching algorithms. » Anglais. Dans *Bioinformatics* 15.3, pages 243–250 (cf. page 9).

[REDON *et al.* 2005]

REDON, Stéphane, Nico GALOPPO et Ming C. LIN (juil. 2005). « Adaptive dynamics of articulated bodies ». Anglais. Dans *ACM Transactions on Graphics*. SIGGRAPH 24.3, pages 936–945 (cf. page 12).

[RINGELMANN 1913]

RINGELMANN, Maximilien (1913). « Recherches sur les moteurs animés : Travail de l’homme ». Dans *Annales de l’Institut National Argonomique*. Sous la direction de Jean-Baptiste BAILLIÈRE. Tome 12. 2. Librairie Agricole De La Maison Rustique, pages 1–40 (cf. pages 22, 23, 112, 196).

[ROETHLISBERGER *et al.* 1939]

ROETHLISBERGER, Fritz J., William J. DICKSON et Harold A. WRIGHT (nov. 1939). *Management and the worker*. Anglais. Cambridge, Mass : Harvard University Press (cf. pages 21, 112, 122, 123, 130).

[ROSCHELLE et TEASLEY 1995]

ROSCHELLE, Jeremy et Stephanie D. TEASLEY (1995). « The construction of shared knowledge in collaborative problem solving ». Anglais. Dans *Computer-Supported Collaborative Learning*. Sous la direction de Claire O’MALLEY. Berlin : Springer, pages 69–97 (cf. page 16).

[ROSSI *et al.* 2007]

ROSSI, Romain, Mathieu ISORCE, Sandy MORIN, Julien FLOCARD, Karthik ARUMUGAM, Serge CROUZY, Michel VIVAUDOU et Stéphane REDON (juil. 2007). « Adaptive torsion-angle quasi-statics : a general simulation method with applications to protein structure analysis and design ». Anglais. Dans *Bioinformatics* 23.13, pages i408–i417 (cf. pages 12, 82).

[SALLNÄS *et al.* 2000]

SALLNÄS, Eva-Lotta, Kirsten RASMUS-GRÖHN et Calle SJÖSTRÖM (déc. 2000). « Supporting presence in collaborative environments by haptic force feedback ». Anglais. Dans *ACM Transaction on Computer-Human Interaction* 7.4, pages 461–476. ISSN : 1073-0516 (cf. pages 48, 134).

[SAYLE et MILNER-WHITE 1995]

SAYLE, Roger A. et E. James MILNER-WHITE (sept. 1995). « RASMOL : biomolecular graphics for all ». Anglais. Dans *Trends in biochemical sciences* 20.9, pages 374–376 (cf. page 44).

[SCHERMERHORN *et al.* 2009]

SCHERMERHORN, John, James G. HUNT, Richard N. OSBORN et Mary UHL-BIEN (jan. 2009). *Organizational behavior*. Anglais. 11^e édition. John Wiley & Sons, Inc. ISBN : 978-0470294413 (cf. page 22).

[SCHULZ-GASCH et STAHL 2004]

SCHULZ-GASCH, Tanja et Martin STAHL (déc. 2004). « Scoring functions for protein-ligand interactions : a critical perspective ». Anglais. Dans *Drug Discovery Today : Technologies* 1.3, pages 231–239. ISSN : 1740-6749 (cf. page 7).

[SEASHORE 1899]

SEASHORE, Carl E. (mai 1899). « The dynamogenic factors in pacemaking and competition ». Anglais. Dans *Psychological Review* 6.3, pages 336–338. ISSN : 0033-295X. DOI : [10.1037/h0069301](https://doi.org/10.1037/h0069301) (cf. page 20).

[SHAPIRO et WILK 1965]

SHAPIRO, Samuel S. et Martin B. WILK (déc. 1965). « An analysis of variance test for normality (complete samples) ». Anglais. Dans *Biometrika* 52.3/4, pages 591–611 (cf. pages 63, 91).

[W. SHEN *et al.* 2006]

SHEN, WeiMing, YongMin ZHONG, Bijan SHIRINZADEH, XiaoBu YUAN, Gursel ALICI et Julian SMITH (2006). « A cellular neural network for deformable object modelling ». Anglais. Dans *Information Technology for Balanced Manufacturing Systems*. Tome 220. IFIP International Federation for Information Processing. Springer Boston, pages 329–336 (cf. page 82).

[STADLER *et al.* 1997]

STADLER, Jörg, Ralf MIKULLA et Hans-Rainer TREBIN (juin 1997). « IMD : a software package for molecular dynamics studies on parallel computers ». Anglais. Dans *International Journal of Modern Physics* 8.5, pages 1131–1140 (cf. pages 47, 82, 199).

[STEINER 1972]

STEINER, Ivan Dale (sept. 1972). *Group process and productivity*. Anglais. Social psychology. New York : Academic Press, Inc. ISBN : 978-0012663509 (cf. page 23).

[STONE *et al.* 2010]

STONE, John, Axel KOHLMAYER, Kirby VANDIVORT et Klaus SCHULTEN (déc. 2010). « Immersive molecular visualization and interactive modeling with commodity hardware ». Anglais. Dans *Advances in Visual Computing*. Sous la direction de George BEBIS, Richard BOYLE, Bahram PARVIN, Darko KORACIN, Ronald CHUNG, Riad HAMMOUND, Muhammad HUSSAIN, Tan KAR-HAN, Roger CRAWFIS, Daniel THALMANN, David KAO et Lisa AVILA. Tome 6454. Lecture Notes in Computer Science. Springer Berlin / Heidelberg, pages 382–393. ISBN : 978-3-642-17273-1 (cf. page 13).

[STRAUSS 2002]

STRAUSS, Bernd (juil. 2002). « Social facilitation in motor tasks : a review of research and theory ». Anglais. Dans *Psychology of Sport and Exercise* 3.3, pages 237–256. ISSN : 1469-0292. DOI : [10.1016/S1469-0292\(01\)00019-X](https://doi.org/10.1016/S1469-0292(01)00019-X) (cf. page 20).

[SUBAŞI 2006]

SUBAŞI, Erk (juin 2006). « Rigid molecular docking in virtual environments with haptic feedback ». Anglais. Thèse de doctorat. Koç University (cf. page 11).

[SUBAŞI et BAŞDOĞAN 2006]

SUBAŞI, Erk et Çağatay BAŞDOĞAN (juin 2006). « A new approach to molecular docking in virtual environments with haptic feedback ». Anglais. Dans *Proceedings of Eurohaptics*, pages 141–145 (cf. page 11).

[SUBAŞI et BAŞDOĞAN 2008]

— (fév. 2008). « A new haptic interaction and visualization approach for rigid molecular docking in virtual environments ». Anglais. Dans *Presence : Teleoper. Virtual Environ.* 17.1, pages 73–90. ISSN : 1054-7460 (cf. page 11).

[SUBVERSION 2011]

SUBVERSION. *APACHE SUBVERSION : Enterprise-class centralized version control for the masses*. Anglais. Apache Software Foundation. URL : <http://subversion.apache.org/> (visité le 4 sept. 2011) (cf. page 32).

[SULEIMAN et WATSON 2008]

SULEIMAN, James et Richard WATSON (nov. 2008). « Social loafing in technology-supported teams ». Anglais. Dans *Computer Supported Cooperative Work*. CSCW 17.4. 10.1007/s10606-008-9075-6, pages 291–309. ISSN : 0925-9724 (cf. pages 23, 24).

[SÜMENGİN et al. 2007]

SÜMENGİN, Selçuk, Mustafa Tolga EREN, Serhat YESİLYURT et Selim BALCISOY (2007). « Real-time deformable objects for collaborative virtual environments ». Anglais. Dans *International Joint Conference on Computer Vision, Imaging and Computer Graphics Theory and Applications*. GRAPP (AS/IE), pages 121–128 (cf. page 83).

[SU et LOFTIN 2001]

SU, Simon et R. Bowen LOFTIN (déc. 2001). « A shared virtual environment for exploring and designing molecules ». Anglais. Dans *Communications of the ACM* 44.12, pages 57–58. ISSN : 0001-0782 (cf. page 15).

[SU et al. 2000]

SU, Simon, R. Bowen LOFTIN, David T. CHEN, Yung-Chin FANG et Ching-Yao LIN (oct. 2000). « Distributed collaborative virtual environment : PaulingWorld ». Anglais. Dans *Proceedings of the 10th International Conference on Artificial Reality and Telexistence*. ICAT. Taipei, Taiwan (cf. page 15).

[SZYMANSKI et S. G. HARKINS 1987]

SZYMANSKI, Kate et Stephen G. HARKINS (nov. 1987). « Social loafing and self-evaluation with a social standard ». Anglais. Dans *Journal of Personality and Social Psychology* 53.5, pages 891–897. ISSN : 0022-3514 (cf. page 24).

[TANG et al. 2010]

TANG, ZiYing, GuoDong RONG, XiaoHu GUO et Balakrishnan PRABHAKARAN (mar. 2010). « Streaming 3D shape deformations in collaborative virtual environment ». Anglais. Dans *IEEE Virtual Reality Conference*. Waltham, MA, USA, pages 183–186 (cf. page 83).

[TATE et al. 2001]

TATE, John G., John L. MORELAND et Philip E. BOURNE (août 2001). « Design and implementation of a collaborative molecular graphics environment ». Anglais. Dans *Journal of Molecular Graphics and Modelling* 19.3–4, pages 280–287. ISSN : 1093-3263 (cf. page 14).

[TAYLOR II *et al.* 2001]

TAYLOR II, Russell M., Thomas C. HUDSON, Adam SEEGER, Hans WEBER, Jeffrey JULIANO et Aron T. HELSER (nov. 2001). « VRPN : a device-independent, network-transparent VR peripheral system ». Anglais. Dans *Proceedings of the ACM symposium on Virtual reality software and technology*. Virtual Reality Software and Technology. New York, NY, USA : ACM, pages 55–61 (cf. pages 43, 200).

[PYMOL 2011]

PYMOL. *The PyMOL molecular graphics system*. Anglais. Schrödinger, LLC. URL : <http://www.pymol.org/> (visité le 3 juin 2011) (cf. page 44).

[TRIPLETT 1898]

TRIPLETT, Norman (juil. 1898). « The dynamogenic factors in pace-making and competition ». Anglais. Dans *The American Journal of Psychology* 9.4, pages 507–533. ISSN : 00029556 (cf. page 20).

[TRIPLETT 1900]

— (juil. 1900). « The psychology of conjuring deceptions ». Anglais. Dans *The American journal of psychology* 11.4, pages 439–510 (cf. page 195).

[TUCKMAN 1965]

TUCKMAN, Bruce (juin 1965). « Developmental sequence in small groups ». Anglais. Dans *Psychological bulletin* 63.6, pages 384–399 (cf. page 113).

[ULLAH 2011]

ULLAH, Sehat (jan. 2011). « Multi-modal assistance for collaborative 3D interaction : study and analysis of performance in collaborative work ». Anglais. Thèse de doctorat. Université d'Évry (cf. pages 135, 160).

[ULLAH *et al.* 2010]

ULLAH, Sehat, Paul RICHARD, Samir OTMANE, Michael NAUD et Malik MALLEM (avr. 2010). « Haptic guides in cooperative virtual environments : design and human performance evaluation ». Anglais. Dans *IEEE Haptics Symposium*, pages 457–462 (cf. page 135).

[VIJAY-KUMAR *et al.* 1987]

VIJAY-KUMAR, Senadhi, Charles E. BUGG et William J. COOK (1987). « Structure of ubiquitin refined at 1.8 Å resolution ». Anglais. Dans *Journal of Molecular Biology* 194.3, pages 531–544 (cf. page 205).

[WEGHORST 2003]

WEGHORST, Suzanne (déc. 2003). « Augmented tangible molecular models ». Anglais. Dans *Proceedings of International Conference on Artificial Reality and Telexistence*. ICAT (cf. page 10).

[WEGNER 1987]

WEGNER, Daniel M. (1987). « Transactive memory : a contemporary analysis of the group mind ». Dans *Theories of group behavior*. Sous la direction de Brian MULLEN et George R. GOETHALS, pages 185–208 (cf. page 17).

[WERNERT et HANSON 1999]

WERNERT, Eric A. et Andrew J. HANSON (oct. 1999). « A framework for assisted exploration with collaboration ». Anglais. Dans *Proceedings of the conference on Visualization*. VIS. San Francisco, California, United States : IEEE Computer Society Press, pages 241–248. ISBN : 0-7803-5897-X (cf. page 54).

[WICKENS 1984]

WICKENS, Christopher D. (1984). « Processing resources in attention ». Anglais. Dans *Varieties of Attention*. Academic Press, pages 63–101 (cf. pages 97, 107, 200).

[WILCOXON 1945]

WILCOXON, Frank (déc. 1945). « Individual comparisons by ranking methods ». Anglais. Dans *Biometrics Bulletin* 1.6, pages 80–83. ISSN : 00994987 (cf. pages 143, 155).

[WOOLLEY et al. 2010]

WOOLLEY, Anita Williams, Christopher F. CHABRIS, Alex PENTLAND, Nada HASHMI et Thomas W. MALONE (oct. 2010). « Evidence for a collective intelligence factor in the performance of human groups ». Anglais. Dans *Science* 330.6004, pages 686–688 (cf. pages 34, 78).

[YAMMARINO et MARKHAM 1992]

YAMMARINO, Francis J. et Steven E. MARKHAM (avr. 1992). « On the application of within and between analysis : are absence and affect really group-based phenomena ? » Anglais. Dans *Journal of Applied Psychology* 77.2, pages 168–176. ISSN : 0021-9010 (cf. page 17).

[YERKES et DODSON 1908]

YERKES, Robert M. et John D. DODSON (nov. 1908). « The relation of strength of stimulus to rapidity of habit-formation ». Anglais. Dans *Journal of Comparative Neurology and Psychology* 18.5, pages 459–482. ISSN : 1550-7149 (cf. pages 21, 22).

[ZAJONC 1965]

ZAJONC, Robert B. (juil. 1965). « Social facilitation ». Anglais. Dans *Science* 149, pages 269–274 (cf. pages 21, 159).

[ZAJONC 1969]

ZAJONC, Robert B. (avr. 1969). *Animal social psychology; a reader of experimental studies*. Anglais. Series in psychology. New York, NY, USA : Wiley. ISBN : 9780471981053 (cf. page 21).

[ZHANG 1997]

ZHANG, JiaJie (avr. 1997). « The nature of external representations in problem solving ». Anglais. Dans *Cognitive Science* 21.2, pages 179–217. ISSN : 1551-6709 (cf. page 18).

[ZHANG 1998]

— (1998). « A distributed representation approach to group problem solving ». Anglais. Dans *Journal of the American Society for Information Science* 49.9, pages 801–809. ISSN : 1097-4571 (cf. page 19).

[ZHANG et D. A. NORMAN 1994]

ZHANG, JiaJie et Donald A. NORMAN (jan. 1994). « Representations in distributed cognitive tasks ». Anglais. Dans *Cognitive Science* 18.1, pages 87–122. ISSN : 0364-0213 (cf. page 18).

[ZHANG et PATEL 2006]

ZHANG, JiaJie et Vimla L. PATEL (2006). « Distributed cognition, representation, and affordance ». Anglais. Dans *Pragmatics & Cognition* 14.2, pages 333–341 (cf. page 18).

Glossaire

bimanuel

Qui se fait avec les deux mains. 83, 91, 96, 97, 102, 107, 109, 110, 115, 117, 130, 136

binôme

Groupe constitué de 2 personnes. iv, v, vii, x, 53, 63, 65, 67, 69, 70, 72–75, 77, 78, 81–84, 91, 93, 95–99, 101–110, 112, 113, 115, 119–127, 130, 131, 134, 208–214, 216, 217, 224, 229, 230

conflit de coordination

Conflit entre deux sujets qui peut survenir lorsque les deux sujets tente d'accéder ou de déformer un objet au même instant. 23, 73–76, 78, 102, 109, 113, 122, 123, 126, 127, 131, 136, 159, 161

curseur

Élément virtuel associé à un élément physique que le sujet manipule ; il est lié à l'effecteur terminal. 195

docking moléculaire

Méthode permettant de déterminer l'orientation et la déformation optimale de 2 molécules afin qu'elle s'assemble pour former un complexe de molécules stable. iii, ix, xv, xvii, 1, 3–9, 11–14, 16, 32, 34, 55, 82, 84, 134, 137, 138, 156, 159, 160

effecteur terminal

Élément physique que le sujet manipule ; il est lié au curseur du monde virtuel. xi, xii, 93, 95–97, 99, 105, 126, 128, 209, 213, 216, 219, 220

facilitation sociale

En anglais *social facilitation* [TRIPLETT 1900], phénomène de groupe où les personnes fournissent plus d'efforts grâce à la présence de partenaires. 20–22, 24, 34, 84, 112, 122, 123, 131, 159

homoscedasticité

Équivalent à homogénéité des variances ; permet de comparer des variables aléatoires possédant des variances similaires. 63, 91

meneur

En anglais *leader*, personne qui dirige un groupe afin d'atteindre des objectifs communs à ce groupe ; c'est celui qui prend les décisions (voir aussi suiveur). v, 76, 108, 111–114, 117, 123, 127, 128, 130–132, 134–137, 196, 215, 230

monomanuel

Qui se fait avec une main. 83, 91, 97, 102, 109, 115, 117, 122, 130, 136

monôme

Groupe constitué d'une unique personne. vii, x, 63, 65, 67, 76, 77, 83, 84, 91, 93, 95–99, 101–107, 109, 208, 209, 211–214, 224, 229, 230

paresse sociale

En anglais *social loafing* [RINGELMANN 1913], phénomène de groupe où les personnes fournissent moins d'effort pour la réalisation d'une tâche que s'ils effectuaient la tâche seuls. 22–25, 31, 32, 34, 108, 112, 126, 127, 130

quadrinôme

Groupe constitué de 4 personnes. 115, 117, 119–126, 130, 131, 214–217

réalité virtuelle

C'est une simulation informatique interactive qui immerge un ou plusieurs utilisateurs dans un environnement multimodal. 9

résidu

Groupe d'atomes constituant un des blocs élémentaires d'une molécule. x, xiii, xv, 7, 35, 45, 46, 51, 52, 57, 60, 61, 63, 65, 67–69, 72–75, 78, 79, 85, 86, 89, 91, 101, 107, 114, 117, 136, 139, 142, 148, 154, 156, 203, 209–211, 213, 219

structure informelle

Groupe de personnes sans structures ni hiérarchie. 128, 131, 220

suiveur

En anglais *follower*, personne qui se laisse diriger dans un groupe afin d'atteindre des objectifs communs à ce groupe ; c'est une personne qui ne prend pas de décision (voir aussi meneur). 76, 127, 128, 130–132, 135, 136, 195

trinôme

Groupe constitué de 3 personnes. 137, 138

variable inter-sujets

Variables pour lesquelles les sujets sont confrontés à une et une seule des modalités de la variable. 91, 213, 216

variable intra-sujets

Variables pour lesquelles les sujets sont confrontés à toutes les modalités de la variable. 63, 91, 209, 213, 216, 218, 219

Acronymes

CUDA

Technologie permettant d'utiliser l'unité graphique d'un ordinateur pour effectuer des calculs à hautes performances. 38

DDL

Mouvements relatifs indépendants d'un solide par rapport à un autre. ix, 11, 12, 48, 49, 55, 91

EVC

Ensemble logiciel et matériel permettant de faire interagir plusieurs utilisateurs au sein d'un même environnement ; ils jouent un rôle important dans le développement de nouvelles méthodes de travail collaboratives. 41, 56, 79, 82, 84, 202

IBPC

Institut de recherche, géré par la fédération de recherche FRC 550, étudiant les bases structurales, génétiques et physico-chimiques à leur différents niveaux d'intégration. 47, 218

ICM

Méthode de recherche dans un espace de solutions similaire à une descente de gradient. 7, 8

IMD

Programme permettant de connecter le logiciel de visualisation moléculaire `VMD` avec le logiciel de simulation `NAMD` pour une simulation interactive en temps-réel [STADLER *et al.* 1997]. 38, 47, 82, 197

ITAP

Institut de Physique Théorique et Appliquée de STUTTGART à l'origine du développement du logiciel `IMD`. 47

CNRS–LIMSI

Unité Propre de Recherche du CNRS (UPR 3251) associé aux universités PARIS Sud et Pierre et Marie CURIE. 208, 212, 215

Acronymes

NAMD

Programme de simulation pour la dynamique moléculaire [PHILLIPS *et al.* 2005]. 38, 46, 47, 51, 82, 138, 197, 202

PCV

Dans une application de réalité virtuelle, les activités d'un sujet peuvent toujours être décomposées en quatre comportements de base, appelés Primitive Comportementale Virtuelle (PCV), qui sont : observer, se déplacer, agir et communiquer [FUCHS *et al.* 2006]. 35, 54, 82, 112, 198

RMSD

Appelé Écart Quadratique Moyen en français, il permet – dans le cadre de la biologie moléculaire – de mesurer la différence entre deux déformations d'une même molécule. xii, 84, 114, 138, 143, 145, 146, 154, 214, 217, 219–221

SUS

Échelle de notation entre 0 et 100 proposée par BROOKE [1996] permettant d'évaluer l'utilisabilité d'un système. vii, 155, 156, 218, 220, 231, 236, 237

TRM

Cette théorie, élaborée par WICKENS [1984] (MRT pour *Multiple Resource Theory*), propose un modèle pour la gestion des charges de travail pour un humain. 97

UML

C'est un langage graphique de modélisation utilisé principalement en génie logiciel. x, 38, 134

VMD

Programme de visualisation moléculaire [HUMPHREY *et al.* 1996]. x, 9, 13, 38, 43–49, 55, 63, 87, 140, 177, 197, 202, 203

VRPN

Logiciel permettant de connecter différents périphériques de réalité virtuelle à une même application sous forme d'une architecture client/serveur [TAYLOR II *et al.* 2001]. 38, 43, 49, 61, 115, 139, 202

Annexes

Dispositif expérimental

Sommaire

A.1	Matériel expérimental	204
A.2	Présentation des molécules	205
A.2.1	Liste des molécules	205
A.2.2	Représentation des molécules	205
A.3	Outils de manipulation	208

A.1 Matériel expérimental

Les expérimentations se basent sur l'EVC présenté dans le chapitre 2 page 37. Dans cette section, nous allons présenter le matériel utilisé et sa disposition.

Tout d'abord, voici le matériel de base utilisé pour les différentes expérimentations :

- 2 ordinateurs quatre cœurs Intel® Core™ 2 Q9450 (2.66 GHz) avec 4 Go de RAM ;
- 2 interfaces haptiques PHANTOM Omni® ;
- 1 vidéoprojecteur ACER (P5 series)¹ ;
- 1 grand écran de vidéoprojection.

Un premier ordinateur \mathcal{A} est celui d'où l'expérimentateur va commander l'ensemble de l'expérimentation. Cet ordinateur est destiné à l'application cliente VMD : c'est donc cette machine qui s'occupe du calcul pour les rendus visuels. La seconde machine \mathcal{B} est dédiée au moteur de simulation NAMD : elle communique avec la machine \mathcal{A} par une connexion TCP/IP.

L'affichage de l'environnement virtuel est assuré par un vidéoprojecteur connecté à l'ordinateur \mathcal{A} . Le vidéo projecteur est placé derrière les sujets et projette la scène virtuelle sur un grand écran de 2.2 m par 2 m. L'écran est placé face aux sujets et tous les sujets perçoivent la même scène virtuelle. Afin que la communication entre les sujets soit optimales, aucune contrainte de communication ne leur est donnée et ils sont libres d'utiliser tous les moyens de communication possibles (verbaux, gestuels, virtuels, *etc.*).

Les ordinateurs \mathcal{A} et \mathcal{B} sont également utilisés en tant que serveur VRPN. Un PHANTOM Omni® est connecté sur chacune des deux machines. Ces interfaces haptiques sont placées sur une table devant les sujets. Les sujets ont la possibilité de déplacer les interfaces haptiques (avec l'aide de l'expérimentateur) afin de s'installer confortablement et d'utiliser la main qu'ils désirent pour la manipulation du périphérique.

Ce qui vient d'être décrit est la plateforme de base qui est utilisée au cours des différentes expérimentations. Cependant, des spécificités liées aux tâches proposées durant les différentes expérimentations sont détaillées au-fur-et-à-mesure.

1. Pour la première expérimentation, c'est un vidéoprojecteur Casio XJ qui a été utilisé.

A.2 Présentation des molécules

Durant les différentes expérimentations, plusieurs molécules ou complexe de molécules ont été utilisées. À partir de ces molécules, différents scénarios ont été conçus et les difficultés sont décrites au-fur-et-à-mesure de la présentation des différentes expérimentation. Tout d'abord, nous présenterons la liste des molécules utilisées. Puis nous expliquerons le rendu visuel utilisé dans tous les expérimentations.

A.2.1 Liste des molécules

Chaque molécule utilisée est référencée sur la *Protein DataBase*² par un identifiant PDB. Voici la liste des molécules utilisées :

TRP-ZIPPER La molécule TRP-ZIPPER [COCHRAN *et al.* 2001] a pour identifiant PDB **1LE1**. Cette molécule contient 218 atomes dont 12 résidus.

TRP-CAGE La molécule nommée TRP-CAGE [NEIDIGH *et al.* 2002] a pour identifiant PDB **1L2Y**. Cette molécule contient 304 atomes dont 20 résidus.

Prion La molécule nommée Prion [CHRISTEN *et al.* 2009] avec l'identifiant PDB **2KFL**. Cette molécule contient 1 779 atomes dont 112 résidus.

Ubiquitin La molécule nommée Ubiquitin [VIJAY-KUMAR *et al.* 1987] avec l'identifiant PDB **1UBQ**. Cette molécule contient 1 231 atomes dont 76 résidus.

NUS E:NUS G Le complexe de molécules NUS E:NUS G [BURMANN *et al.* 2010] a pour identifiant PDB **2KVQ**. Il est constitué de deux molécules NUS E et NUS G possédant respectivement 1 294 atomes pour 80 résidus et 929 atomes pour 59 résidus.

On notera la présence de molécule de taille relativement petite comme TRP-ZIPPER et TRP-CAGE. On trouve également des molécules de taille assez importante comme Prion et Ubiquitin. Enfin, pour la dernière expérimentation, un complexe de molécules a été utilisé avec NUS E:NUS G.

A.2.2 Représentation des molécules

La représentation des molécules est un domaine de recherche à part entière toujours d'actualité [CHAVENT *et al.* 2011]. En effet, la complexité et l'abondance d'informations à visualiser nécessite des rendus graphiques avancés

2. <http://www.pdb.org/>

et complémentaires. De plus, la quantité importante d'informations à représenter peut nécessiter une machine puissante afin de générer un rendu en temps-réel. Heureusement, VMD possède un moteur de rendu graphique avancé (voir section 2.3.1 page 44), aussi bien en terme de choix de rendu qu'en terme d'accélération graphique.

Afin d'obtenir un rendu de molécule pertinent, nous avons bénéficié des conseils d'un biologiste. Ensuite, nous avons pu adapter les rendus de molécules en fonction de nos besoins pour les différents scénarios proposés. Cependant, une base commune a été utilisée.

Tout d'abord, les atomes étant l'élément constituant de la molécule, il est nécessaire de les représenter en intégralité. Cependant, ils sont très nombreux et produisent rapidement une surcharge de la scène donc le choix de leur taille est primordial. Une première solution est de s'affranchir, partiellement, des atomes d'hydrogène. En effet, ces derniers ne constituent pas une information importante et peuvent être déduits à partir du reste de la structure de la molécule. Les atomes d'hydrogènes peuvent donc être représentés avec une taille réduite par rapport aux autres atomes. Le rendu CPK est utilisé pour effectuer un rendu des atomes (voir figure A.1).

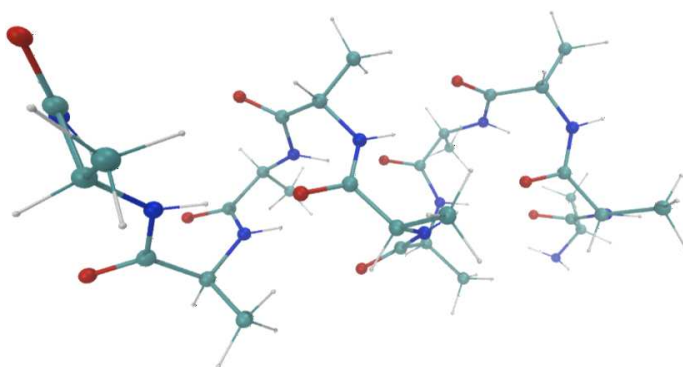


Figure A.1 – Représentation des atomes avec CPK

Cependant, la représentation de la molécule exclusivement avec les atomes et les liaisons entre les atomes ne permet pas d'appréhender la structure globale. En effet, on peut voir une molécule comme un long brin qui se replie sur lui-même avec des feuilles tout le long du brin. Il est donc pertinent de représenter cette structure principale. C'est la représentation *NewRibbon* qui tient ce rôle (voir figure A.2 page suivante).

Pour finir, pour des raisons physiques d'interaction, certains atomes sont fixés au niveau de la simulation afin d'éviter des dérives de la molécule. Ces atomes

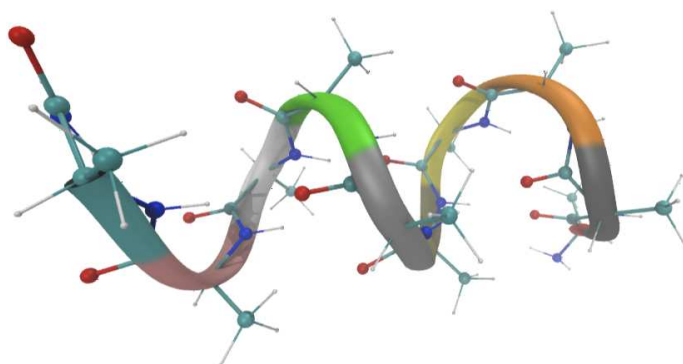


Figure A.2 – Représentation de la structure principale de la molécule avec *NewRibbon*

sont signalés visuellement par une représentation en gris (voir figure A.3 page ci-contre).

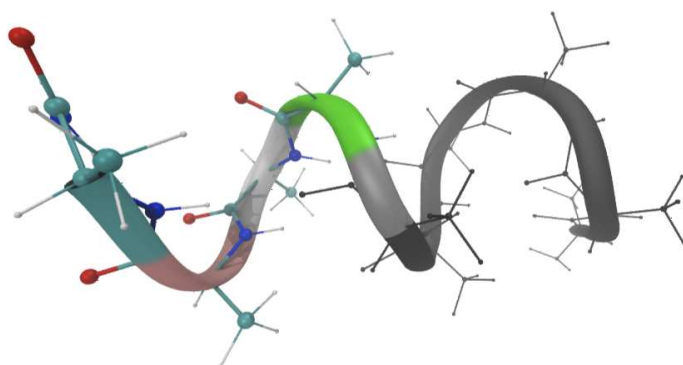


Figure A.3 – Représentation des atomes fixés en gris

A.3 Outils de manipulation

La plateforme de base propose deux interfaces haptiques. Ces deux interfaces haptiques sont utilisées comme interfaces de déformation de la molécule : des outils *tug*. Pour comprendre ce que sont des outils de déformation, on peut se reporter à la section 2.4.2 page 49. Au cours des trois premières expérimentations, seules quelques modifications du rendu visuel associés à ces outils sont effectués. Cependant, la quatrième expérimentation apporte des modifications plus lourdes de cet outil que ce soit au niveau visuel ou au niveau haptique. On pourra se reporter aux chapitres respectifs pour plus de détails.

De plus, un outil de manipulation et d'orientation de la molécule sera proposé sous différentes formes au cours des différentes expérimentations. Ce sera par l'intermédiaire d'un outil *grab* dans la première expérimentation (voir section 3.3.2 page 61), par une souris 3D dans la seconde (voir section 4.3.2 page 87) puis par une simple souris USB dans la dernière expérimentation (voir section 6.3.2 page 139).



Méthode expérimentale

Sommaire

B.1	Première expérimentation	210
B.1.1	Hypothèses	210
B.1.2	Sujets	210
B.1.3	Variables	211
B.1.4	Procédure	213
B.2	Seconde expérimentation	213
B.2.1	Hypothèses	213
B.2.2	Sujets	214
B.2.3	Variables	215
B.2.4	Procédure	216
B.3	Troisième expérimentation	216
B.3.1	Hypothèses	216
B.3.2	Sujets	217
B.3.3	Variables	218
B.3.4	Procédure	219
B.4	Quatrième expérimentation	219
B.4.1	Hypothèses	219
B.4.2	Sujets	220
B.4.3	Variables	220
B.4.4	Procédure	222

B.1 Première expérimentation

B.1.1 Hypothèses

Nous émettons plusieurs hypothèses concernant cette première expérimentation. Les hypothèses concernent les performances des binômes ainsi que leurs stratégies de travail. Nous souhaitons également recueillir les avis des sujets sur l'intérêt qu'ils portent à la collaboration ainsi que sur l'utilisabilité de la plateforme Shaddock.

\mathcal{H}_1 Amélioration des performances en binôme Nous émettons l'hypothèse que les performances des binômes seront meilleures que les performances des monômes grâce à la distribution des charges de travail. Les performances seront évaluées en terme de temps de réalisation de la tâche mais aussi en terme de ressources utilisées comme le nombre de sélections effectuées.

\mathcal{H}_2 Stratégies variables en fonction des binômes Nous émettons l'hypothèse que les binômes adopteront des stratégies de collaboration différentes en fonction des affinités entre les sujets et de leurs connaissances respectives. L'identification des différentes stratégies permettra d'identifier celles qui obtiennent les meilleures performances.

\mathcal{H}_3 Les sujets préfèrent le travail en binôme Nous émettons l'hypothèse que les sujets préfèrent le travail en collaboration grâce à l'aspect social que celui-ci implique.

\mathcal{H}_4 Bonne utilisabilité de la plateforme La dernière hypothèse que nous émettons est que notre plateforme est utilisable dans la forme sous laquelle elle est proposée (intuitivité, ergonomie, *etc.*). Cependant, nous souhaitons identifier les faiblesses à l'aide d'un questionnaire soumis aux sujets.

B.1.2 Sujets

24 sujets (4 femmes et 20 hommes) avec une distribution d'âge de $\mu = 27.8$, $\sigma = 7.3$ ont participé à cette expérimentation. Ils ont tous été recrutés au sein du Laboratoire pour l'Informatique, la Mécanique et les Sciences de l'Ingénieur (CNRS-LIMSI) et sont chercheurs, assistants de recherche, étudiants en thèse ou stagiaires dans les domaines suivants :

- linguistique et traitement automatique de la parole ;
- réalité virtuelle et système immersifs ;
- audio-acoustique.

Tous les sujets sont francophones. Aucun participant n'a de déficience visuelle (ou corrigée le cas échéant), de déficience audio ou de déficience moteur du haut du corps. Les sujets ne sont pas rémunérés pour l'expérimentation.

Chaque participant est complètement naïf concernant les détails de l'expérimentation. Une explication détaillée de la procédure expérimentale leur est donnée au commencement de l'expérimentation. Cependant, l'objectif de l'expérimentation n'est pas révélé.

B.1.3 Variables

Variables indépendantes

\mathcal{V}_{i1} **Nombre de sujets** C'est une variable intra-sujets. \mathcal{V}_{i1} possède deux modalités : « un sujet » (*c.f. monôme*) ou « deux sujets » (*c.f. binôme*). 24 monômes et 12 binômes ont été testés.

\mathcal{V}_{i2} **Résidu recherché** C'est une variable intra-sujets. \mathcal{V}_{i2} concerne les résidus recherchés qui sont au nombre de 10 répartis à part égale dans deux molécules (voir table 3.1 page 58). Différents niveaux de complexité caractérisent chaque résidu (voir table 3.2 page 60).

Variables dépendantes

\mathcal{V}_{d1} **Temps de réalisation** Ce temps est le temps total pour réaliser la tâche demandée, c'est-à-dire trouver le résidu et l'extraire de la molécule. Il n'y a pas de limite de temps pour réaliser la tâche. Ce temps est divisé en deux phases bien distinctes :

L'exploration C'est la phase pendant laquelle les sujets cherchent le résidu. Cette exploration peut se limiter à une exploration visuelle en orientant et en déplaçant la molécule. Elle peut aussi s'effectuer par la déformation de la molécule afin d'atteindre les résidu inaccessibles (derrière ou au centre de la molécule).

La sélection La phase de sélection débute dès l'instant où un des deux sujets a identifié visuellement le résidu. Elle est constituée d'une étape de sélection puis d'une étape d'extraction hors de la molécule.

\mathcal{V}_{d2} **La distance entre les espaces de travail** Cette mesure est la distance moyenne entre les deux effecteurs terminaux correspondant aux outils *tug*. Elle est mesurée dans le monde réel mais peut être convertie dans l'environnement virtuel (à l'échelle de la molécule). L'ordre de grandeur de cette mesure est le centimètre.

\mathcal{V}_{d3} **Communications verbales** L'enregistrement des communications verbales permet de mesurer la durée de parole de chaque sujet pour chaque étape de l'expérimentation. Ces mesures segmentent la phase d'exploration et la phase de sélection (voir \mathcal{V}_{d1}) comme indiqué plus précisément sur la figure B.1.

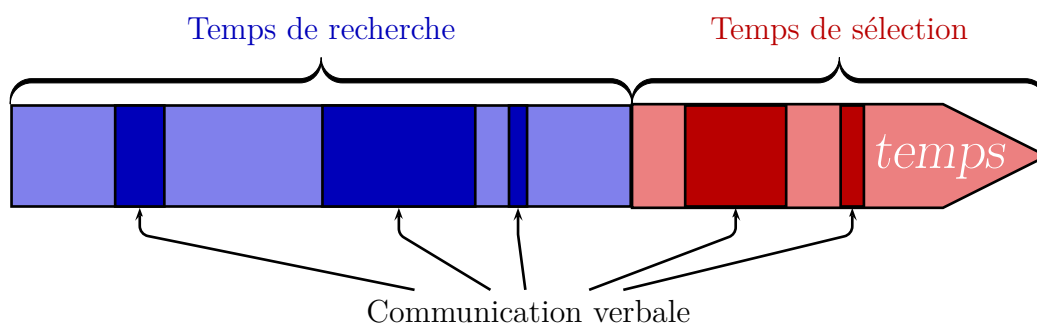


Figure B.1 – Étapes de la communication verbale pour la recherche d'un résidu

\mathcal{V}_{d4} **Affinité entre les sujets** Le degré d'affinité – concernant uniquement les binômes – est compris entre 1 et 5 selon les critères suivants :

1. Les sujets ne se connaissent pas ;
2. Les sujets travaillent dans la même entreprise, le même laboratoire ;
3. Les sujets travaillent dans la même équipe, sur les mêmes projets ;
4. Les sujets travaillent ensemble, sont dans le même bureau ;
5. Les sujets sont amis proches.

\mathcal{V}_{d5} **Force moyenne appliquée par les sujets** La force appliquée par chaque sujet sur les atomes pendant la simulation est mesurée en NEWTON. Une valeur moyenne de cette force est calculée pour être analysée.

\mathcal{V}_{d6} **Réponses au questionnaire** Un questionnaire est proposé à tous les sujets. Il est constitué de trois sections, avec une section supplémentaire pour les binômes (voir section C.1 page 226).

B.1.4 Procédure

L'expérimentation débute par une phase d'apprentissage avec la molécule TRP-ZIPPER. Un résidu est proposé et doit être identifier et extrait. L'apprentissage est destiné à familiariser les sujets avec la plateforme, les outils de manipulation et la tâche à réaliser. Cette phase dure maximum 5 mn. L'expérimentateur est disponible pour répondre aux questions des sujets.

Lorsque l'étape d'apprentissage est terminée, nous présentons aux sujets une série de 10 résidus selon la procédure suivante. Le premier résidu est affiché sur l'écran LCD et les sujets débutent la phase de recherche. Lorsque le résidu est identifié, sélectionné puis extrait hors de la molécule, l'application est arrêtée. Ensuite, un second résidu est affiché, l'application est de nouveau démarrée et ainsi de suite pour les 10 résidus à identifier. L'enregistrement audio est démarré à la fin de l'étape d'apprentissage.

L'ensemble des résidus est proposé dans un ordre aléatoire afin d'éviter un biais lié à l'apprentissage de la plateforme et de la tâche. Les sujets sont tenus de trouver et extraire dix résidus en monôme et dix résidus en binôme. Toujours pour éviter un biais lié à l'apprentissage, les sujets sont soumis aux tâches en monôme et en binôme de façon alternée selon les trois combinaisons suivantes :

1. Le monôme \mathcal{A} , puis le monôme \mathcal{B} , puis le binôme \mathcal{AB} ;
2. Le monôme \mathcal{A} , puis le binôme \mathcal{AB} , puis le monôme \mathcal{B} ;
3. Le binôme \mathcal{AB} , puis le monôme \mathcal{A} , puis le monôme \mathcal{B} .

Lorsque les sujets ont réalisé toutes les tâches dans les deux configurations possibles (monôme et binôme), un questionnaire leur est soumis. Chaque sujet répond au questionnaire de manière autonome, sans communication avec son partenaire.

B.2 Seconde expérimentation

B.2.1 Hypothèses

Les hypothèses de cette nouvelle étude sont en grande partie basée sur l'étude précédente. Nous souhaitons confirmer l'intérêt du travail collaboratif dans ce contexte de déformation moléculaire, notamment sur les tâches de forte complexité. De plus, cette expérimentation propose d'étudier l'apprentissage dans le travail collaboratif et d'en observer l'évolution.

\mathcal{H}_1 Amélioration des performances en binôme Nous émettons l’hypothèse que les performances des binômes seront meilleures que les performances des monômes sur cette tâche de déformation. Cette hypothèse est basée sur les conclusions obtenues dans la première étude.

\mathcal{H}_2 binômes plus performants sur les tâches complexes Nous émettons l’hypothèse que plus la tâche est complexe et plus la configuration collaborative produira un gain significatif de performances par rapport à la configuration individuelle.

\mathcal{H}_3 Apprentissage plus performant en binôme Nous émettons l’hypothèse que le travail en collaboration augmente la vitesse d’apprentissage de la tâche. En effet, nous supposons que l’interaction sociale entre les partenaires va stimuler l’apprentissage et permettre l’échange et le partage de connaissances.

\mathcal{H}_4 Les sujets préfèrent le travail en collaboration Nous souhaitons évaluer auprès des utilisateurs l’intérêt vis-à-vis du travail collaboratif dans ce contexte de collaboration étroite, notre hypothèse étant que les utilisateurs préfèrent le travail en collaboration. Rappelons que les sujets ne sont pas passés que dans une des conditions (monôme ou binôme) ; leur évaluation est effectuée à l’aveugle.

B.2.2 Sujets

36 sujets (8 femmes et 28 hommes) avec une moyenne d’âge de $\mu = 25.9$, $\sigma = 4.8$ ont participé à cette expérimentation. Ils ont tous été recrutés au sein du laboratoire CNRS-LIMSI et sont chercheurs ou assistants de recherche dans les domaines suivants :

- linguistique et traitement automatique de la parole ;
- réalité virtuelle et système immersifs ;
- audio-acoustique.

Ils ont tous le français comme langue principale. Aucun participant n’a de déficience visuelle (ou corrigée le cas échéant) ni de déficience audio. Les sujets ne sont pas rémunérés pour l’expérimentation.

Chaque participant est complètement naïf concernant les détails de l’expérimentation. Une explication détaillée de la procédure expérimentale leur est donnée au commencement de l’expérimentation. Cependant, l’objectif de l’expérimentation n’est pas révélé.

B.2.3 Variables

Variables indépendantes

\mathcal{V}_{i1} **Nombre de sujets** C'est une variable inter-sujets. \mathcal{V}_{i1} possède deux modalités : « un sujet (*c.f. monôme*) » ou « deux sujets (*c.f. binôme*) ». 12 monômes et 12 binômes sont testés.

\mathcal{V}_{i2} **Complexité de la tâche** C'est une variable intra-sujets. Quatre scénarios sont proposés, basés sur différents critères de complexité (voir section 4.3.1 page 84).

\mathcal{V}_{i3} **Le niveau d'apprentissage** C'est une variable intra-sujets. Tous les sujets sont confrontés trois fois à la même série de tâches (les scénarios 1A, 1B, 2A et 2B) sur trois jours successifs afin d'observer l'effet de l'apprentissage en monôme et en binôme.

Variables dépendantes

\mathcal{V}_{d1} **Temps de réalisation** C'est le temps total pour réaliser la tâche demandée, c'est-à-dire manipuler et déformer la molécule afin d'atteindre la conformation stable. Le temps est limité à 10 mn ; au-delà de cette limite, l'application est arrêtée

\mathcal{V}_{d2} **Nombre de sélections** C'est le nombre de sélections réalisées durant chaque tâche. Une sélection est comptabilisée lorsqu'un atome ou un résidu est sélectionné par un des deux effecteur terminal.

\mathcal{V}_{d3} **Distance passive entre les espaces de travail** Durant chaque tâche, la distance moyenne entre les deux effecteurs terminaux est mesurée. Elle est de l'ordre du centimètre.

\mathcal{V}_{d4} **Distance active entre les espaces de travail** Basée sur la même mesure que \mathcal{V}_{d3} , elle n'est mesurée que lorsque les deux effecteurs terminaux sont en phase de sélection. Lorsqu'au moins un des deux effecteurs terminaux ne possède pas de sélection active, la distance n'est pas mesurée.

\mathcal{V}_{d5} **Vitesse moyenne** Elle mesure la vitesse moyenne de chaque effecteur terminal. Elle est calculée par intégration numérique des positions successives en fonction du temps.

\mathcal{V}_{d6} **Réponses qualitatives** Un questionnaire est proposé à tous les sujets (différent pour les monômes et les binômes). Le questionnaire soumis aux sujets est présenté dans la section C.2 page 232.

B.2.4 Procédure

L'expérimentation débute par une étape d'entraînement pendant laquelle les sujets doivent déformer la molécule Prion vers son état stable (deux zones à déformer). Pendant cette phase, les outils sont introduits et expliqués un par un. Cette phase dure entre 5 mn et 10 mn. Chaque sujet a la possibilité de tester les outils et peut questionner l'expérimentateur.

Lorsque la phase d'entraînement est terminée, les sujets sont confrontées aux scénarios 1A et 1B. Les scénarios sont alternés entre les groupes de sujets afin d'éviter les biais d'apprentissage. L'application s'arrête automatiquement lorsque le seuil `RMSD` désiré est atteint.

Dès que les scénarios 1A et 1B ont été achevés, les sujets sont confrontés aux scénarios 2A et 2B également de manière alternée. De la même façon, l'application s'arrête automatiquement lorsque le seuil `RMSD` désiré est atteint ou lorsque les 10 mn sont atteintes.

Tous les sujets sont confrontés trois fois à l'ensemble des quatre scénarios avec un jour d'intervalle entre chaque confrontation. L'objectif de cette multiple confrontation est l'étude de l'apprentissage en configuration collaborative.

B.3 Troisième expérimentation

B.3.1 Hypothèses

Cette nouvelle étude a pour objectif d'identifier les dynamiques de groupe. Nous allons observer l'évolution des performances en fonction du nombre de participants.

\mathcal{H}_1 Amélioration des performances en quadrinôme Nous émettons l’hypothèse que les performances des quadrinômes seront meilleures que les performances des binômes. Cette hypothèse est basée sur les conclusions obtenues dans la seconde étude à propos de la distribution des ressources.

\mathcal{H}_2 Un meneur émerge dans les quadrinômes D’après BALES [1950], les groupes restreints voient émerger au moins un meneur, quelque soit la taille du groupe. Nous émettons l’hypothèse qu’un meneur émergera durant une collaboration étroitement couplée.

\mathcal{H}_3 Les quadrinômes se structurent par le *brainstorming* Dans cette expérimentation, nous étudions la mise en place d’une période de *brainstorming* avant le début de la tâche. Nous émettons l’hypothèse que cette période de réflexion sera surtout mise à profit par les quadrinômes.

B.3.2 Sujets

16 sujets (4 femmes et 12 hommes) avec une moyenne d’âge de $\mu = 26.1$, $\sigma = 5.5$ ont participé à cette expérimentation. Ils ont tous été recrutés au sein du laboratoire CNRS-LIMSI et sont étudiants, chercheurs ou assistants de recherche dans les domaines suivants :

- linguistique et traitement automatique de la parole ;
- réalité virtuelle et système immersifs ;
- audio-acoustique.

Ils ont tous le français comme langue principale. Aucun participant n’a de déficience visuelle (ou corrigée le cas échéant) ni de déficience audio. Les sujets ne sont pas rémunérés pour l’expérimentation.

Tous les participants de cette expérimentation ont été choisis car ils ont déjà une expérience sur la plateforme : les participants connaissent déjà les outils de déformation et l’environnement virtuel. L’objectif est de limiter les évolutions liées à l’apprentissage afin de pouvoir observer les évolutions de la dynamique de groupe.

Chaque participant est complètement naïf concernant les détails de l’expérimentation. Une explication détaillée de la procédure expérimentale leur est donnée au commencement de l’expérimentation mais en omettant l’objectif de l’étude.

B.3.3 Variables

Variables indépendantes

\mathcal{V}_{i1} **Nombre de sujets** C'est une variable intra-sujets. \mathcal{V}_{i1} possède deux modalités : « deux sujet (*c.f. binôme*) » ou « quatre sujets (*c.f. quadrinôme*) ». 8 binômes et 4 quadrinômes sont testés.

\mathcal{V}_{i2} **Complexité de la tâche** C'est une variable intra-sujets. Deux tâches de déformation sont proposées et décrites dans la section 5.3.1 page 114.

\mathcal{V}_{i3} **Temps alloué pour le *brainstorming*** C'est une variable inter-sujets. \mathcal{V}_{i3} possède deux modalités : « pas de *brainstorming* » ou « 1 mn de *brainstorming* ». Cette période de *brainstorming* est allouée avant le début de chaque tâche et permet une réflexion préalable au commencement de la tâche.

Variables dépendantes

\mathcal{V}_{d1} **Temps de réalisation** C'est le temps total que les sujets mettent pour réaliser la tâche demandée, c'est-à-dire manipuler et déformer la molécule afin d'atteindre l'objectif fixé. Le temps est limité à 10 mn.

\mathcal{V}_{d2} **Fréquence des sélections** C'est la fréquence des sélections réalisées durant chaque tâche. Une sélection est comptabilisée lorsqu'un atome est sélectionné par un des effecteur terminal, pour chacun des sujets. La fréquence des sélections est le rapport du nombre de sélections par le temps de réalisation.

\mathcal{V}_{d3} **Vitesse moyenne** Cette variable est une mesure de la vitesse moyenne de chaque effecteur terminal. Elle est calculée par intégration numérique des positions successives en fonction du temps.

\mathcal{V}_{d4} **Force moyenne** La force appliquée sur les atomes durant la simulation est mesurée. C'est la force moyenne appliquée par un sujet lorsqu'un atome est sélectionné. Elle est exprimée en NEWTON.

\mathcal{V}_{d5} **Communications verbales** L'enregistrement des communications verbales permet de mesurer le nombre d'interventions verbales de chacun des sujets. Deux catégories d'interventions sont distinguées :

Les observations indiquent aux autres sujets une intention d'action ou informent sur l'état actuel de l'environnement ;

Les ordres sont donnés aux autres sujets afin qu'ils réalisent une action déterminée.

B.3.4 Procédure

L'expérimentation débute par une étape d'entraînement avec pour objectif de déformer la molécule TRP-CAGE vers un état stable. Pendant cette phase, les outils sont introduits et expliqués un par un. Les sujets ayant déjà réalisé une expérience sur la plateforme, cette phase est effectuée pour remémorer l'environnement et les outils. Cette phase dure entre 5 mn et 10 mn. Chaque sujet a la possibilité de tester les outils et peut questionner l'expérimentateur.

Lorsque la phase d'entraînement est terminée, les sujets sont confrontées au scénario 1. Puis dans un second temps, le scénario 2 leur est proposé. Pour chaque scénario, l'application s'arrête automatiquement lorsque le seuil RMSD (voir section 4.3.1 page 84) désiré est atteint. L'ordre de ces deux scénarios n'est pas contre-balancé sur les différents groupes de sujets.

Tous les sujets sont confrontés aux deux scénarios deux fois. Une première fois en binôme et une seconde fois en quadrinôme. L'ordre de passage en binôme et en quadrinôme est alterné selon les groupes.

L'enregistrement vidéo est démarré au début de la phase d'apprentissage pour chaque groupe. Il est arrêté à la fin du second scénario.

B.4 Quatrième expérimentation

B.4.1 Hypothèses

\mathcal{H}_1 **Performances améliorées par l'assistance haptique** Nous émettons l'hypothèse que les performances de groupe seront meilleures lorsque les outils d'assistance haptique seront mis à disposition des utilisateurs. Les performances sont évaluées sur la qualité de la solution fournie.

\mathcal{H}_2 **L'assistance haptique améliore la communication** Nous émettons l'hypothèse que la communication et la coordination sera améliorée grâce aux nouveaux outils d'assistance haptique.

\mathcal{H}_3 **La plateforme est appréciée des experts** Lors de cette expérimentation, nous effectuons une analyse de l'utilisabilité du système. Nous émettons l'hypothèse que cette plateforme répondra à des critères minimum d'utilisabilité. Le test d'utilisabilité est basé sur l'échelle de notation SUS proposée par BROOKE [1996].

B.4.2 Sujets

24 sujets (1 femme et 23 hommes) avec une moyenne d'âge de $\mu = 27.4$, $\sigma = 3.8$ ont participé à cette expérimentation. Ils ont été recrutés au sein du CNRS-LIMSI et de l'IBPC ; ils sont étudiants, chercheurs ou assistants de recherche dans les domaines suivants :

- bio-informatique ;
- linguistique et traitement automatique de la parole ;
- réalité virtuelle et système immersifs ;
- audio-acoustique.

Ils ont tous le français comme langue principale à l'exception d'un sujet néerlandais qui parle un français courant. Aucun participant n'a de déficience visuelle (ou corrigée le cas échéant) ni de déficience audio. Les sujets ne sont pas rémunérés pour l'expérimentation.

Chaque participant est complètement naïf concernant les détails de l'expérimentation. Cependant, tous les sujets sont familiers avec la plateforme Shaddock ou ont déjà eu l'occasion de manipuler des plateformes de manipulation interactive de molécules. Une explication détaillée de la procédure expérimentale leur est donnée au commencement de l'expérimentation mais l'objectif de l'étude n'est pas révélé.

B.4.3 Variables

Variables indépendantes

\mathcal{V}_{i1} **Présence de l'assistance** C'est une variable intra-sujets. \mathcal{V}_{i1} possède deux modalités : « sans assistance haptique » ou « avec assistance haptique ». L'assistance haptique est ajoutée aux outils de manipulation, de désignation

et de déformation afin d'améliorer l'interaction et la communication entre les sujets pendant la tâche.

\mathcal{V}_{i2} **Molécules à déformer** C'est une variable intra-sujets. \mathcal{V}_{i2} concerne les cinq molécules ou complexes de molécules à assembler : « TRP-CAGE », « Prion », « Ubiquitin », « TRP-ZIPPER » et « NUSE:NUSG ». Parmi ces molécules, seules Ubiquitin et NUSE:NUSG sont utilisées pour les mesures expérimentales. Les autres molécules sont utilisées au cours de l'entraînement.

Variables dépendantes

\mathcal{V}_{d1} **Score RMSD minimum** Un score RMSD est calculé en temps-réel de la même façon que dans la seconde et la troisième expérimentation. Le score minimum atteint est étudié : il représente la meilleure solution trouvée au cours de la manipulation.

\mathcal{V}_{d2} **Temps du score RMSD minimum** Les sujets ont 8 mn pour réaliser le meilleur score RMSD possible. Cette variable représente le temps mis pour atteindre ce score minimum.

\mathcal{V}_{d3} **Nombre de sélections** \mathcal{V}_{d3} représente le nombre de sélections réalisées par les sujets. Une sélection est comptabilisée lorsque un atome est sélectionné par un des deux effecteur terminal.

\mathcal{V}_{d4} **Temps moyen d'une sélection** C'est le rapport entre le temps total et le nombre total de sélections réalisées durant la tâche. Il représente le temps moyen que dure une sélection effectuée par un opérateur.

\mathcal{V}_{d5} **Temps moyen pour accepter une cible** C'est le temps mesuré entre le moment où le coordinateur effectue une désignation et le moment où l'opérateur accepte la désignation.

\mathcal{V}_{d6} **Temps moyen pour atteindre une cible acceptée** Lorsqu'une cible est acceptée par un opérateur, cette mesure représente le temps que met l'opérateur pour atteindre et sélectionner le résidu désigné.

\mathcal{V}_{d7} **Nombre de désignations acceptées** Parmi toutes les désignations proposées par le coordinateur, cette mesure comptabilise seulement celles qui ont donné lieu à une acceptation et donc à une déformation.

\mathcal{V}_{d8} **Vitesse moyenne** Cette variable est une mesure de la vitesse moyenne de chaque effecteur terminal. Elle est calculée par intégration numérique des positions successives en fonction du temps.

\mathcal{V}_{d9} **Temps des communications verbales par sujet** L'enregistrement audio permet de mesurer la quantité de temps de parole pendant chaque tâche de l'expérimentation.

\mathcal{V}_{d10} **Questionnaire d'utilisabilité et sur la conscience** Un questionnaire SUS est proposé à tous les sujets (voir section C.3 page 233). Il nous permet d'obtenir un score d'utilisabilité compris entre 0 et 100. De plus, un questionnaire sur la conscience périphérique est proposé après chaque modalité de la variable \mathcal{V}_{d1} .

B.4.4 Procédure

La procédure expérimentale se déroule en neuf phases bien distinctes.

Phase 1 : répartition des rôles Pour commencer, avant de pénétrer dans la salle d'expérimentation, il est demandé aux sujets de choisir leurs rôles. Ce groupe qui est au début, une structure informelle, doit se structurer avec un coordinateur et deux opérateurs. Les rôles sont expliqués de manières claires mais concise à ce stade de l'expérimentation. Chaque rôle est important et l'expérimentateur insiste sur ce point pour qu'aucun des rôles ne soit choisi par dépit. Puis les sujets sont amenés à se répartir les rôles entre eux. Une fois cette phase terminée, les sujets sont invités à pénétrer dans la salle d'expérimentation et à s'installer : le coordinateur se trouve au milieu et les opérateurs se trouvent de part et d'autre du coordinateur.

Phase 2 : présentation des outils Avant de commencer cette phase, l'enregistrement vidéo est activé. La seconde phase est une phase d'entraînement sur la molécule TRP-CAGE. Elle a pour objectif de présenter les outils de désignation et de déformation. Cette tâche relativement simple permet aux

sujets de se familiariser avec les outils, la tâche à effectuer, les différentes informations visuelles ainsi que les outils d'évaluation (score RMSD).

Phase 3 : introduction de l'haptique Cette troisième phase est une phase d'entraînement sur la molécule Prion. L'entraînement porte sur l'introduction des assistances haptiques (présentées dans la section 6.3.2 page 140) pour les outils de désignation et de déformation. De plus, cette seconde molécule d'entraînement permet de familiariser les sujets avec une tâche de nature plus complexe que la précédente.

Phase 4 : outil de manipulation Cette nouvelle phase d'entraînement sur la molécule TRP-ZIPPER est destinée à introduire l'outil de manipulation qui sera utilisé par le coordinateur.

Phase 5 : première étape d'évaluation Cette première étape d'évaluation concerne les deux scénarios à réaliser (scénario 1 et scénario 2) sur la molécule Ubiquitin et le complexe de molécules NUSE:NUSG. En fonction des groupes et afin de contrebalancer la variable \mathcal{V}_{i1} , la première étape d'évaluation s'effectue avec ou sans assistance haptique.

On présente le scénario 1 puis le scénario 2 toujours dans cet ordre. Pour le scénario 1, seuls les outils d'orientation, de désignation et de déformation sont présents. Tous les outils sont proposés pour le scénario 2.

Au début de chaque scénario, une période de 1 mn de *brainstorming* est proposée aux sujets pendant laquelle ils peuvent visualiser et explorer la molécule non soumise à la simulation. Ensuite, la phase de déformation avec simulation est exécutée. L'objectif est d'atteindre le score RMSD le plus petit possible dans un temps limité à 8 mn. Les sujets peuvent décider de s'arrêter avant les 8 mn s'ils estiment ne pas pouvoir obtenir un meilleur score.

Phase 6 : première partie du questionnaire Lorsque la première étape d'évaluation est terminée, une première partie du questionnaire est proposée aux sujets (voir section C.3 page 233). La section à remplir dépend du premier passage : avec ou sans assistance haptique. Durant cette phase, il est demandé aux sujets de ne pas communiquer entre eux.

Phase 7 : deuxième étape d'évaluation La deuxième étape d'évaluation est identique à la première excepté pour la variable \mathcal{V}_{i1} . Si les sujets ont été

confrontés à une assistance haptique dans la première étape, alors la seconde étape s'effectuera sans assistance haptique et réciproquement.

Durant cette deuxième étape, il n'y a pas de phase exploratoire étant donné que les sujets connaissent déjà la molécule. Seules les phases de déformation de 8 mn sont proposées (Ubiquitin puis NUSE:NUSG).

Phase 8 : deuxième partie du questionnaire La seconde partie du questionnaire est similaire à la première partie (voir section C.3 page 233). Les mêmes questions sont abordées mais adaptées pour cette deuxième étape de l'évaluation. Durant cette phase, il est demandé aux sujets de ne pas communiquer entre eux.

Phase 9 : questionnaire d'utilisabilité Pour terminer l'expérimentation, les sujets sont invités à remplir un questionnaire d'utilisabilité (voir section C.3 page 233). Durant cette phase, il est demandé aux sujets de ne pas communiquer entre eux. Des informations permettant de caractériser le sujet (âge, sexe, main dominante, *etc.*) sont également demandées à la fin du questionnaire. L'enregistrement vidéo est arrêté à la fin de cette phase.



Questionnaires

Sommaire

C.1	Première expérimentation	226
C.2	Seconde expérimentation	232
C.2.1	Questionnaire pour les monômes	232
C.2.2	Questionnaire pour les binômes	232
C.3	Quatrième expérimentation	233
C.3.1	Le questionnaire SUS	239

C.1 Première expérimentation

Le questionnaire proposé durant cette expérimentation est constitué de deux parties. La deuxième partie est exclusivement réservée aux binômes et n'était pas proposée au monômes. Ce questionnaire contient 5 pages (3 pages pour les monômes). Les questions sont évaluées selon une échelle de LIKERT [1932] à cinq niveaux.



Ne pas remplir →

Merci d'avoir participé à cette expérimentation. Je vous invite maintenant à répondre à un questionnaire afin de connaître vos impressions.

Les questions se présentent sous la forme d'une note à 5 niveaux. Distinguez bien les questions qui vous concernent et les questions qui concernent votre collaborateur. Ne répondez pas aux questions en essayant de savoir ce que votre collaborateur aurait pu répondre ou ce qu'il aurait voulu que vous répondiez. Ne répondez que ce que vous pensez.

Si vous avez des interrogations par rapport au questionnaire, n'hésitez surtout pas et posez la question.

Et bien sûr, tous les commentaires sont les bienvenus.

1 Vous et votre manipulation

Date du jour – jj / mm / aaaa hh : mm

Nom –

Prénom –

Sexe – F M

Âge –

Main dominante – Gauche Droite

Langue maternelle –

1.1 Prise en main

Cette partie concerne la prise en main de l'ensemble de la plate-forme, que ce soit le logiciel, les interfaces, la tâche à réaliser. Cochez le niveau qui décrit le mieux ces 3 points.

Le visuel concerne tous ce qui est affiché à l'écran, les molécules, les curseurs, les atomes, les flèches indiquant l'effort appliqué...

		Visuel						
		1	2	3	4	5		
Incompréhensible							Intuitif	
Inconfortable							Confortable	
Fatigant							Relaxant	

Annexe C. Questionnaires

L'interaction concerne la maniabilité des interfaces haptiques¹, le confort des vibrations, le côté intuitif de la manipulation...

		Interaction						
		1	2	3	4	5		
Incompréhensible							Intuitif	
Inconfortable							Confortable	
Fatigant							Relaxant	

La tâche concerne la nature de la tâche qui vous a été demandée. Vous semblait-elle complexe a priori ? Était-elle difficile à réaliser ?

		Tâche						
		1	2	3	4	5		
Complexe							Simple	
Difficile							Facile	

Commentaires

1.2 Évaluation

Avez-vous été efficace pour exécuter les tâches demandées, pensez-vous avoir été rapide ?

		1	2	3	4	5		
Inefficace							Efficace	

Est-ce que les éléments extérieurs (murs, personnes...) vous ont perturbés ou vous êtes vous senti immergé dans cet environnement virtuel ?

		1	2	3	4	5		
Pas immergé							Immergé	

¹Les interfaces haptiques sont les bras articulés qui vous servent à manipuler votre curseur à l'écran.

C.1. Première expérimentation

Vous êtes-vous senti seul pour exécuter la tâche ou avez-vous senti la présence de votre collaborateur ?

	1	2	3	4	5	
Seul	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Groupe

Avez-vous perturbé votre collaborateur ou pensez-vous plutôt l'avoir aidé durant l'exécution de la tâche ?

	1	2	3	4	5	
Perturbation	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Aide

Avez-vous donné des informations pour votre collaborateur afin de l'aider à accomplir la tâche avec vous ?

	1	2	3	4	5	
Pas d'aide	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Informations

Vous êtes-vous senti dominé pendant la durée de la manipulation ou avez-vous plutôt eu l'impression d'être le meneur ?

	1	2	3	4	5	
Dominé	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Meneur

Quels ont été vos moyens pour communiquer avec votre collaborateur ?

Oral effectué avec la voix, des phrases, des mots, des interjections ;

Gestuel effectué avec vos mains, vos bras, votre corps dans son ensemble ;

Virtuel effectué avec votre curseur ou en manipulant les objets virtuels.

	Pas du tout	1	2	3	4	5	Beaucoup
Oral		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
Gestuel		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
Virtuel		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	

Commentaires

2 Votre collaborateur et sa manipulation

Cette partie du questionnaire va vous demander votre impression en ce qui concerne le travail, la manipulation de votre collaborateur.

Nom –

Prénom –

2.1 Affinité

Cochez la case qui correspond à ce qui vous lie, vous et votre collaborateur.

Même bureau	Oui <input type="checkbox"/>	Non <input type="checkbox"/>
Même équipe	Oui <input type="checkbox"/>	Non <input type="checkbox"/>
Même groupe	Oui <input type="checkbox"/>	Non <input type="checkbox"/>
Autre (précisez)		

2.2 Évaluation

Cette partie concerne ce que vous avez pensé de l'efficacité de votre collaborateur. Cochez le niveau qui qualifie le mieux l'action de votre collaborateur.

A-t-il été efficace pour exécuter les tâches, pensez-vous qu'il a été rapide ?

	1	2	3	4	5	
Inefficace	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Efficace

Votre collaborateur vous a-t-il perturbé ou vous a-t-il plutôt aidé ?

	1	2	3	4	5	
Perturbation	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Aide

Votre collaborateur vous a-t-il donné des informations afin d'accomplir la tâche avec vous ?

	1	2	3	4	5	
Pas d'aide	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Informations

A-t-il été dominé pendant la durée de la manipulation ou a-t-il plutôt été le meneur ?

	1	2	3	4	5	
Dominé	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Meneur

Pensez-vous qu'il n'a pas senti votre présence pendant l'expérimentation ou qu'il a vraiment eu l'impression d'un travail de groupe ?

	1	2	3	4	5	
Seul	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Groupe

Quels ont été les moyens que votre collaborateur a utilisés pour communiquer avec vous ?

Oral effectué avec sa voix, des phrases, des mots, des interjections ;

Gestuel effectué avec ses mains, ses bras, son corps dans son ensemble ;

Virtuel effectué avec son curseur ou en manipulant les objets virtuels.

	1	2	3	4	5	
Pas du tout						Beaucoup
Oral	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
Gestuel	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
Virtuel	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	

Commentaires

Commentaires généraux

C.2 Seconde expérimentation

Le questionnaire proposé durant la seconde expérimentation est décliné en deux versions : une version pour les monômes et une version pour les binômes. Le questionnaire est soumis aux sujets oralement par l'expérimentateur et les réponses sont directement reportées dans un tableau. Il est constitué de plusieurs questions notées sur échelle de LIKERT [1932] à cinq niveaux.

C.2.1 Questionnaire pour les monômes

Pour les monômes, le questionnaire est le suivant :

1. Vous êtes-vous senti efficace ?
2. Pensez-vous que vous auriez été plus à l'aise seul avec un seul outil de déformation ?
3. Pensez-vous que vous auriez été plus à l'aise avec un partenaire ?
4. Quelle solution choisiriez-vous entre les trois configurations ?

C.2.2 Questionnaire pour les binômes

Chaque sujet dans un binôme est interrogé séparément pour éviter que les réponses de l'un influencent les réponses de l'autre. Pour les binômes, le questionnaire est le suivant :

1. Vous êtes-vous senti efficace ?
2. Comment évalueriez-vous votre taux de communication...
 - verbale ?
 - gestuelle ?
 - virtuelle ?
3. Vous sentez-vous utile dans le groupe (par opposition à pénalisant) ?
4. Pensez-vous avoir une position de meneur dans le groupe ?
5. Pensez-vous que vous auriez été plus à l'aise seul avec votre outil de déformation ?
6. Pensez-vous que vous auriez été plus à l'aise seul avec deux outils de déformation ?
7. Quelle solution choisiriez-vous entre les trois configurations ?

Concernant les taux de communication, les communications verbales concernent tous les échanges, dialogues exposés par la voix. La communication gestuelle représente les gestes que les sujets peuvent effectuer dans le monde réel pour expliquer, désigner ou pour tout autre explication à son partenaire. Enfin, la communication virtuelle concerne les informations données au partenaire par l'intermédiaire de l'environnement virtuel (par exemple, une désignation avec le curseur).

C.3 Quatrième expérimentation

Le questionnaire proposé durant la quatrième et dernière expérimentation contient une traduction en français du questionnaire SUS proposé par BROOKE [1996]. Une explication détaillée de ce questionnaire se trouve dans la section C.3.1 page 239. Le questionnaire est soumis sous un format papier et chaque utilisateur est invité à y répondre seul, sans l'aide de ces partenaires. Il est constitué de plusieurs questions notées sur échelle de LIKERT [1932] à cinq niveaux.

Questionnaire

No

Ne pas remplir ↑

Merci d'avoir participé à cette expérimentation. Nous vous invitons maintenant à répondre à ce questionnaire afin de connaître vos impressions.

Ce questionnaire contient des affirmations. Lisez chacune d'elles attentivement. Pour chaque affirmation, cochez la case qui correspond le mieux à votre opinion sur la feuille de réponse.

Fortement en Désaccord (FD) si l'affirmation est tout à fait fausse ou si vous êtes fortement en désaccord.	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Désaccord (D) si l'affirmation est plutôt fausse ou si vous n'êtes pas d'accord.	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Neutre (N) si l'affirmation est à peu près également vraie et fausse ou si vous n'arrivez pas à choisir ou si vous n'avez pas d'opinion par rapport à cette affirmation.	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Accord (A) si l'affirmation est plutôt vraie ou si vous êtes d'accord.	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Fortement en Accord (FA) si l'affirmation est tout à fait vraie ou si vous êtes fortement d'accord.	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>

Répondez bien comme vous le pensez sans vous soucier des autres. Il n'y a pas de bonne ou de mauvaise réponse et vous n'avez pas besoin de compétence particulière pour remplir ce questionnaire. Le but de ce questionnaire sera atteint si vous exprimez vos opinions aussi exactement que possible.

1 Le système

Dans cette section, vous allez évaluer le système, la plate-forme et les outils que vous avez utilisés. Pour chaque affirmation, cochez la case qui correspond le mieux à votre opinion.

Je pense que j'aimerais utiliser ce système fréquemment.	<input type="checkbox"/> FD	<input type="checkbox"/> D	<input type="checkbox"/> N	<input type="checkbox"/> A	<input type="checkbox"/> FA
J'ai trouvé le système inutilement complexe.	<input type="checkbox"/> FD	<input type="checkbox"/> D	<input type="checkbox"/> N	<input type="checkbox"/> A	<input type="checkbox"/> FA
J'ai pensé que le système était facile à utiliser.	<input type="checkbox"/> FD	<input type="checkbox"/> D	<input type="checkbox"/> N	<input type="checkbox"/> A	<input type="checkbox"/> FA
Je pense que j'aurais besoin de support technique pour être capable d'utiliser ce système.	<input type="checkbox"/> FD	<input type="checkbox"/> D	<input type="checkbox"/> N	<input type="checkbox"/> A	<input type="checkbox"/> FA
J'ai trouvé que les différentes fonctionnalités ont été bien intégrées au système.	<input type="checkbox"/> FD	<input type="checkbox"/> D	<input type="checkbox"/> N	<input type="checkbox"/> A	<input type="checkbox"/> FA
J'ai pensé qu'il y avait trop d'incohérence dans ce système.	<input type="checkbox"/> FD	<input type="checkbox"/> D	<input type="checkbox"/> N	<input type="checkbox"/> A	<input type="checkbox"/> FA
J'imagine que la plupart des biologistes serait capable d'apprendre à utiliser ce système très rapidement.	<input type="checkbox"/> FD	<input type="checkbox"/> D	<input type="checkbox"/> N	<input type="checkbox"/> A	<input type="checkbox"/> FA
J'ai trouvé le système très lourd à utiliser.	<input type="checkbox"/> FD	<input type="checkbox"/> D	<input type="checkbox"/> N	<input type="checkbox"/> A	<input type="checkbox"/> FA
Je me suis senti(e) très confiant(e) en utilisant le système.	<input type="checkbox"/> FD	<input type="checkbox"/> D	<input type="checkbox"/> N	<input type="checkbox"/> A	<input type="checkbox"/> FA
J'avais besoin d'apprendre beaucoup de choses avant de pouvoir utiliser ce système.	<input type="checkbox"/> FD	<input type="checkbox"/> D	<input type="checkbox"/> N	<input type="checkbox"/> A	<input type="checkbox"/> FA

2 Sans haptique

Dans cette section, vous allez évaluer vos impressions pour les cas où aucun complément haptique n'était présent. Pour chaque affirmation, cochez la case qui correspond le mieux à votre opinion.

Mes partenaires comprennent rapidement lorsque j'accepte une consigne.	<input type="radio"/> FD	<input type="radio"/> D	<input type="radio"/> N	<input type="radio"/> A	<input type="radio"/> FA
Les informations visuelles sont utiles pour connaître les actions de mes partenaires.	<input type="radio"/> FD	<input type="radio"/> D	<input type="radio"/> N	<input type="radio"/> A	<input type="radio"/> FA
Lorsque je dois communiquer avec mes partenaires, j'utilise seulement les outils visuels .	<input type="radio"/> FD	<input type="radio"/> D	<input type="radio"/> N	<input type="radio"/> A	<input type="radio"/> FA
Je comprends rapidement les actions que mes partenaires souhaitent que je réalise.	<input type="radio"/> FD	<input type="radio"/> D	<input type="radio"/> N	<input type="radio"/> A	<input type="radio"/> FA
Mes partenaires sont attentifs à mes actions sans effort particulier de ma part.	<input type="radio"/> FD	<input type="radio"/> D	<input type="radio"/> N	<input type="radio"/> A	<input type="radio"/> FA
Je dois me signaler explicitement lorsque j'accepte une consigne.	<input type="radio"/> FD	<input type="radio"/> D	<input type="radio"/> N	<input type="radio"/> A	<input type="radio"/> FA
J'interroge souvent mes partenaires pour connaître leurs actions.	<input type="radio"/> FD	<input type="radio"/> D	<input type="radio"/> N	<input type="radio"/> A	<input type="radio"/> FA
J'utilise principalement ma voix pour communiquer avec mes partenaires.	<input type="radio"/> FD	<input type="radio"/> D	<input type="radio"/> N	<input type="radio"/> A	<input type="radio"/> FA
Je mets du temps à comprendre les consignes de mes partenaires.	<input type="radio"/> FD	<input type="radio"/> D	<input type="radio"/> N	<input type="radio"/> A	<input type="radio"/> FA
Je dois explicitement indiquer mes actions pour que mes partenaires en soient avertis.	<input type="radio"/> FD	<input type="radio"/> D	<input type="radio"/> N	<input type="radio"/> A	<input type="radio"/> FA

3 Avec haptique

Dans cette section, vous allez évaluer vos impressions pour les cas où les compléments haptiques étaient présents. Pour chaque affirmation, cochez la case qui correspond le mieux à votre opinion.

Mes partenaires comprennent rapidement lorsque j'accepte une consigne.	FD	D	N	A	FA
Les informations visuelles et haptiques sont utiles pour connaître les actions de mes partenaires.	FD	D	N	A	FA
Lorsque je dois communiquer avec mes partenaires, j'utilise seulement les outils visuels et haptiques.	FD	D	N	A	FA
Je comprends rapidement les actions que mes partenaires souhaitent que je réalise.	FD	D	N	A	FA
Mes partenaires sont attentifs à mes actions sans effort particulier de ma part.	FD	D	N	A	FA
Je dois me signaler explicitement lorsque j'accepte une consigne.	FD	D	N	A	FA
J'interroge souvent mes partenaires pour connaître leurs actions.	FD	D	N	A	FA
J'utilise principalement ma voix pour communiquer avec mes partenaires.	FD	D	N	A	FA
Je mets du temps à comprendre les consignes de mes partenaires.	FD	D	N	A	FA
Je dois explicitement indiquer mes actions pour que mes partenaires en soient avertis.	FD	D	N	A	FA

4 Vous

Pour terminer, nous aurions besoin de disposer de quelques informations vous concernant. Nous vous rappelons que les données seront traitées de manière confidentielle.

Date du jour jj / mm / aaaa hh : mm

Nom

Prénom

Sexe ☐ **F** ☐ **M**

Âge

Main dominante ☐ **Gauche** ☐ **Droite**

Langue maternelle

Rôle ☐ **Coordinateur** ☐ **Opérateur**

Avez-vous déjà utilisé une interface haptique de type « bras articulé » ?

Aucune	Une à trois fois	Plus de trois fois
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>

Si vous avez des commentaires, n'hésitez pas à en faire part :

C.3.1 Le questionnaire SUS

Les questions

Le questionnaire SUS est constitué de 10 questions. Chaque question donne lieu à une réponse sur une échelle de LIKERT [1932] à cinq niveaux allant de « Fortement en désaccord (score de 1) » à « Fortement en accord (score de 5) ». Les questions sont les suivantes :

- Q1. Je pense que j'utiliserai ce système fréquemment
- Q2. J'ai trouvé ce système inutilement complexe
- Q3. J'ai pensé que ce système était facile à utiliser
- Q4. Je pense qu'il me faudrait l'aide d'un technicien pour être capable d'utiliser ce système
- Q5. J'ai trouvé que les différentes fonctions de la plateforme étaient bien intégrées
- Q6. J'ai trouvé qu'il y avait trop d'incohérences dans cette plateforme
- Q7. Je pense que la plupart des gens apprendraient rapidement à utiliser cette plateforme
- Q8. J'ai trouvé le système très lourd à utiliser
- Q9. Je me sentais très confiant en utilisant cette plateforme
- Q10. J'aurai besoin d'apprendre beaucoup de choses avant de pouvoir utiliser cette plateforme

Évaluation du score SUS

Afin d'évaluer le score SUS à partir du questionnaire, chaque question doit avoir une note comprise entre 0 et 4. Concernant les questions 1, 3, 5, 7 et 9, on prend le score compris en 1 et 5 auquel on enlève 1. Concernant les questions 2, 4, 6, 8 et 10, on soustrait de 5 le score compris en 1 et 5. Pour terminer, on multiplie par 2.5 la somme de l'ensemble des scores. Le score final obtenu est une note comprise entre 0 et 100.

Exemple de score SUS

Imaginons un questionnaire rempli de la façon suivante :

- Q1. réponse 5 \Rightarrow score $5 - 1 = 4$
- Q2. réponse 4 \Rightarrow score $5 - 4 = 1$

Annexe C. Questionnaires

Q3. réponse 2 \Rightarrow score $2 - 1 = 1$

Q4. réponse 1 \Rightarrow score $5 - 1 = 4$

Q5. réponse 2 \Rightarrow score $2 - 1 = 1$

Q6. réponse 3 \Rightarrow score $5 - 3 = 2$

Q7. réponse 2 \Rightarrow score $2 - 1 = 1$

Q8. réponse 4 \Rightarrow score $5 - 4 = 1$

Q9. réponse 5 \Rightarrow score $5 - 1 = 4$

Q10. réponse 2 \Rightarrow score $5 - 2 = 3$

Le score total peut maintenant être calculé.

$$(4 + 1 + 1 + 4 + 1 + 2 + 1 + 1 + 4 + 3) \times 2.5 = 22 \times 2.5 = 55$$