

Thèse en Informatique

Jean SIMARD

⁵ Interactions haptiques collaboratives pour la
manipulation moléculaire

École Doctorale d'Informatique de Paris Sud

Thèse soutenue le 1^{er} décembre 2011 en présence de

Martin DUPONT (rapporteur) Directeur de recherche au CNRS–LIMSI
Martin DUPOND (examineur) Directeur de recherche au CNRS–LIMSI

Table des matières

	Table des matières	iii
	Table des figures	ix
	Liste des tableaux	xiii
5	1 Le sujet	1
	1.1 État de l'art	2
	1.2 Contexte	2
	1.2.1 L'amarrage moléculaire	2
	Bibliographie	4
10	2 SHADDOCK – Manipulation collaborative de molécules	5
	2.1 Introduction	6
	2.2 Architecture matérielle et logicielle	6
	2.2.1 L'interface haptique	6
	2.2.2 Configuration de travail collaboratif	9
15	2.2.3 Une architecture client/serveur	10
	2.3 Plate-forme de simulation et de visualisation	12
	2.3.1 Logiciel de visualisation moléculaire	13
	2.3.2 Logiciel de simulation moléculaire	15
	2.4 Les outils d'interaction	16
20	2.4.1 Les outils existants	16
	2.4.2 Les nouveaux outils d'interaction	17
	Bibliographie	21

Table des matières

	3 Recherche collaborative de résidu sur une molécule	25
	3.1 Introduction	26
	3.2 Recherche et sélection collaborative	26
	3.2.1 Travaux existants	26
5	3.2.2 Objectifs	28
	3.3 Présentation de l'expérimentation	29
	3.3.1 Description de la tâche	29
	3.3.2 Spécificités du protocole expérimental	33
	3.4 Résultats	37
10	3.4.1 Amélioration des performances en binôme	37
	3.4.2 Stratégies de travail	41
	3.4.3 Résultats qualitatifs	48
	3.5 Synthèse	49
	3.5.1 Résumé des résultats	49
15	3.5.2 Conclusion	50
	Bibliographie	52
	4 Déformation collaborative de molécule	55
	4.1 Introduction	56
	4.2 Déformation collaborative en environnement virtuel	56
20	4.2.1 Travaux existants	56
	4.2.2 Objectifs	57
	4.3 Présentation de l'expérimentation	58
	4.3.1 Description de la tâche	58
	4.3.2 Spécificités du protocole expérimental	61
25	4.4 Résultats	66
	4.4.1 Amélioration des performances en binôme	66
	4.4.2 Évolution des performances en fonction de la complexité de la tâche	72
	4.4.3 Amélioration de l'apprentissage pour les binômes	77
30	4.4.4 Résultats qualitatifs	81

	4.5 Synthèse	83
	4.5.1 Résumé des résultats	83
	4.5.2 Conclusion	83
	Bibliographie	85
5	5 Les dynamiques de groupe	89
	5.1 Introduction	90
	5.2 Collaboration de groupe	91
	5.2.1 Travaux existants	91
	5.2.2 Objectifs	92
10	5.3 Présentation de l'expérimentation	92
	5.3.1 Description de la tâche	92
	5.3.2 Spécificités du protocole expérimental	93
	5.4 Résultats	96
	5.4.1 Évolution des performances	96
15	5.4.2 Avantage du <i>brainstorming</i> pour les quadrinômes . . .	101
	5.4.3 Définition d'un meneur	105
	5.5 Synthèse	109
	5.5.1 Résumé des résultats	109
	5.5.2 Conclusion	110
20	Bibliographie	111
	6 Travail collaboratif assisté par haptique	113
	6.1 Introduction	114
	6.2 Assistance haptique pour la communication	114
	6.3 Présentation de l'expérimentation	114
25	6.3.1 Description de la tâche	114
	6.3.2 Spécificités du protocole expérimental	117
	6.4 Résultats	122
	6.5 Synthèse	122
	6.5.1 Résumé des résultats	122

Table des matières

	6.5.2 Conclusion	122
	Bibliographie	123
	Conclusion et perspectives	123
	Glossaire	127
5	Acronymes	131
	Annexes	135
	A Dispositif expérimental	135
	A.1 Matériel expérimental	136
	A.2 Présentation des molécules	137
10	A.2.1 Liste des molécules	137
	A.2.2 Représentation des molécules	137
	A.3 Outils de manipulation	140
	Bibliographie	141
	B Méthode expérimentale	143
15	B.1 Première expérimentation	144
	B.1.1 Hypothèses	144
	B.1.2 Sujets	144
	B.1.3 Variables	145
	B.1.4 Procédure	147
20	B.2 Seconde expérimentation	148
	B.2.1 Hypothèses	148
	B.2.2 Sujets	148
	B.2.3 Variables	149
	B.2.4 Procédure	150
25	B.3 Troisième expérimentation	151
	B.3.1 Hypothèses	151
	B.3.2 Sujets	151

	B.3.3 Variables	152
	B.3.4 Procédure	153
	B.4 Quatrième expérimentation	154
	B.4.1 Hypothèses	154
5	B.4.2 Sujets	154
	B.4.3 Variables	155
	B.4.4 Procédure	156
	Bibliographie	159
	C Questionnaires	161
10	C.1 Première expérimentation	162
	C.2 Seconde expérimentation	168
	C.2.1 Questionnaire pour les monômes	168
	C.2.2 Questionnaire pour les binômes	168
	C.3 Quatrième expérimentation	169
15	C.3.1 Le questionnaire SUS	169
	C.3.2 Évaluation du score SUS	170
	Bibliographie	171

Table des matières

Table des figures

	1.1	Processus de déformation moléculaire en quatre étapes	3
	2.1	Diagramme de déploiement UML de la plate-forme SHADDOCK	7
	2.2	Diagramme de composant UML du nœud VMD	8
5	2.3	Interface PHANTOM Omni® 6 DDL/3 DDL	9
	2.4	Classification des tâches collaboratives selon ELLIS <i>et al.</i> [1991]	10
	2.5	Illustration des représentations de molécules sur VMD (<i>Visual Molecular Dynamics</i>)	14
	2.6	Différence visuelle entre les éléments pointés et sélectionnés	18
10	2.7	Les quatre étapes de la désignation	20
	3.1	Répartition des résidus sur les molécules	32
	3.2	Schéma du dispositif expérimental	34
	3.3	Photographie du dispositif expérimental	35
	3.4	Représentation de la molécule Prion pour l'expérimentation	35
15	3.5	Temps de réalisation par résidu	37
	3.6	Temps de réalisation comparés (monôme ou binôme) par résidu	38
	3.7	Temps de recherche et de sélection comparés par résidu	38
	3.8	Distance moyenne entre les sujets pour chaque binôme sur les résidus \mathcal{R}_6 , \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10}	41
20	3.9	Affinité entre les sujets pour chaque binôme	41
	3.10	Temps de réalisation entre les sujets pour chaque binôme	42
	3.11	Temps de communication verbale entre les sujets pour chaque binôme	42

Table des figures

	3.12 Pourcentage de temps de communication verbale pendant la recherche et la sélection entre les sujets pour chaque binôme .	43
	3.13 Force moyenne et différence de force entre les sujets pour chaque binôme	43
5	3.14 Couplage physique et structure entre les résidus	46
	4.1 Affichage de la molécule à déformer et de la molécule cible . .	59
	4.2 Schéma du dispositif expérimental	63
	4.3 Photographie du dispositif expérimental	63
	4.4 Représentation de la molécule TRP-ZIPPER pour le scénario 1A	64
10	4.5 Représentation de la molécule TRP-CAGE pour le scénario 1B	65
	4.6 Représentation de la molécule TRP-ZIPPER pour le scénario 2A	65
	4.7 Représentation de la molécule TRP-CAGE pour le scénario 2B	66
	4.8 Illustration des rendus pour l’affichage de la molécule	67
	4.9 Temps de réalisation en fonction du nombre de sujets	67
15	4.10 Distance passive et active entre les effecteurs terminaux en fonction du nombre de sujets	69
	4.11 Nombre de sélections par main dominante/dominée en fonction du nombre de sujets	70
	4.12 Vitesse moyenne de la main dominante et dominée en fonction du nombre de sujets	70
20	4.13 Temps de réalisation des scénarios	72
	4.14 Temps de réalisation des scénarios en fonction du nombre de sujets	73
	4.15 Nombre de sélections de chaque scénario en fonction du nombre de sujets	74
25	4.16 Distance passive et active entre les effecteurs terminaux sur chaque scénario en fonction du nombre de sujets	74
	4.17 Vitesse moyenne sur chaque scénario en fonction du nombre de sujets	75
30	4.18 Temps de réalisation de chaque essai	77
	4.19 Temps de réalisation de chaque essai en fonction du nombre de sujets	77

	4.20	Nombre de sélections de chaque essai en fonction du nombre de sujets	78
	4.21	Distance active entre les effecteurs terminaux pour chaque essai en fonction du nombre de sujets	79
5	4.22	Vitesse moyenne pour chaque essai en fonction du nombre de sujets	79
	5.1	Schéma du dispositif expérimental	94
	5.2	Photographie du dispositif expérimental	95
	5.3	Représentation de la molécule Prion pour le scénario 1	95
10	5.4	Représentation de la molécule Ubiquitin pour le scénario 2	96
	5.5	Temps de réalisation des scénarios	97
	5.6	Temps de réalisation des scénarios en fonction du nombre de participants	98
15	5.7	Fréquence des sélections sur les scénarios en fonction du nombre de participants	98
	5.8	Vitesse moyenne sur les scénarios en fonction du nombre de participants	99
	5.9	Nombre d'échanges verbaux sur les scénarios en fonction du nombre de participants	99
20	5.10	Temps de réalisation avec ou sans <i>brainstorming</i>	101
	5.11	Temps de réalisation des scénarios en fonction des groupes avec ou sans <i>brainstorming</i>	102
	5.12	Fréquence des sélections sur les scénarios en fonction des groupes avec ou sans <i>brainstorming</i>	102
25	5.13	Vitesse moyenne sur les scénarios en fonction des groupes avec ou sans <i>brainstorming</i>	103
	5.14	Nombre d'ordres verbaux sur les scénarios en fonction des groupes avec ou sans <i>brainstorming</i>	103
	5.15	Nombre d'ordres donnés par chacun des sujets de \mathcal{G}_1	106
30	5.16	Vitesse moyenne des effecteurs terminaux pour chacun des sujets de \mathcal{G}_1	106
	5.17	Profil de force du groupe \mathcal{G}_1 sur la molécule Prion	107
	6.1	Schéma du dispositif expérimental	119

Table des figures

	6.2 Photographie du dispositif expérimental	119
	6.3 Représentation de la molécule Ubiquitin pour le scénario 1 . .	120
	6.4 Représentation de la molécule NUSE :NUSG pour le scénario 2	120
	A.1 Représentation des atomes avec CPK	138
5	A.2 Représentation de la structure principale de la molécule avec <i>NewRibbon</i>	139
	A.3 Représentation des atomes fixés en gris	139
	B.1 Étapes de la communication verbale pour la recherche d'un résidu	146

Liste des tableaux

	3.1	Liste des résidus recherchés	30
	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>	31
5	3.3	Synthèse de la méthode expérimentale	36
	4.1	Paramètres de complexité des tâches	61
	4.2	Synthèse de la procédure expérimentale	68
	5.1	Synthèse de la procédure expérimentale	97
	6.1	Synthèse de la procédure expérimentale	122

Liste des tableaux

Liste des *À faire*

(Section 6.3.2.0) Images à compléter	118
(Section B.4.2.0) Nombre de sujets	154

Liste des *À faire*

Chapitre 1

Le sujet

Sommaire

5	1.1 État de l'art	2
	1.2 Contexte	2
	1.2.1 L'amarrage moléculaire	2
10	Bibliographie	4

1.1 État de l’art

1.2 Contexte

1.2.1 L’amarrage moléculaire

Le contexte de l’expérimentation est l’amarrage moléculaire plus communément nommé *docking* moléculaire. Ce processus implique une analyse et une manipulation complexe reposant sur plusieurs expertises. Il est basé sur une décomposition en trois niveaux de modélisation, traités du niveau le plus grossier au niveau le plus fin :

Niveau inter-moléculaire Cette déformation au niveau macro-moléculaire applique des transformations de grande amplitude sur chaque molécule. L’objectif est de trouver la meilleure concordance entre les molécule en terme de position et d’orientation.

Niveau intra-moléculaire Cette déformation au niveau moléculaire fait suite à la déformation inter-moléculaire. L’amarrage de ces deux molécules (ou plus) introduit de nombreuses interfaces qui doivent être optimisées en fonction de critères variés (la complémentarité des surfaces, les forces électrostatiques, les forces de VAN DERWAALS [MÜLLER 1994], *etc.*).

Niveau atomique Cette déformation très fine va chercher à optimiser la position des atomes au niveau de l’interface. L’intérêt de cette étape sera portée sur plusieurs types d’interaction (les ponts hydrogènes, les zones hydrophobiques et hydrophylles, les ponts salins, *etc.*).

Pour chacun de ces différents niveaux, le processus de manipulation est similaire et peut être séparé en tâches élémentaires (voir figure 1.1 page ci-contre) :

Recherche Cette tâche concerne l’identification et la recherche d’une cible (atome, résidu, hélices- α , feuillets- β , *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 La tâche consiste à déformer la structure en manipulant la cible précédemment sélectionnée, que ce soit au niveau inter-moléculaire, intra-moléculaire ou atomique. L’objectif inhérent à cette tâche et d’atteindre l’objectif fixé (par exemple, minimiser l’énergie totale du système).

Évaluation Cette dernière partie va évaluer le 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.*).

5

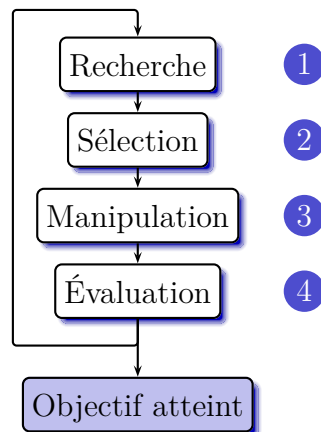


Figure 1.1 – Processus de déformation moléculaire en quatre étapes

Bibliographie

[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 2).
- 5

Chapitre 2

SHADDOCK – Manipulation collaborative de molécules

Sommaire

5	2.1 Introduction	6
	2.2 Architecture matérielle et logicielle	6
	2.2.1 L'interface haptique	6
	2.2.2 Configuration de travail collaboratif	9
10	2.2.3 Une architecture client/serveur	10
	2.3 Plate-forme de simulation et de visualisation . .	12
	2.3.1 Logiciel de visualisation moléculaire	13
	2.3.2 Logiciel de simulation moléculaire	15
	2.4 Les outils d'interaction	16
15	2.4.1 Les outils existants	16
	2.4.2 Les nouveaux outils d'interaction	17
20	Bibliographie	21

2.1 Introduction

Le chapitre 1 page 1 nous a permis d'identifier des problématiques de recherche. C'est autour de ces problématiques que la plate-forme SHADDOCK a été élaborée.

- 5 Nous commencerons par présenter les choix de matériels et d'architecture logicielle (voir section 2.2). Certaines propriétés particulières sont nécessaires pour le choix de l'interface haptique permettant la manipulation interactive ; elles seront détaillées dans la section 2.2.1. L'ensemble des éléments de la plate-forme sont organisés selon un architecture client/serveur ; les raisons
10 de ce choix sont expliquées dans la section 2.2.3 page 10.

Ensuite, la plate-forme de simulation moléculaire en temps-réel est présentée (voir section 2.3 page 12). Tout d'abord, un logiciel de visualisation complet est nécessaire pour obtenir des affichages détaillés et complexes de molécules ; le logiciel est présenté dans la section 2.3.1 page 13. Puis un logiciel de si-
15 mulation est utilisé afin d'obtenir un comportement physique réaliste de la molécule ; les différentes solutions existantes ainsi que le logiciel retenu sont présentés dans la section 2.3.2 page 15. Enfin, un module spécifique permettant d'obtenir des simulations moléculaires en temps-réel est présenté dans la section 2.3.2 page 16.

- 20 Le logiciel de visualisation moléculaire utilisé propose des premiers outils d'interaction avec les molécules. Ces outils sont présentés dans la section 2.4.1 page 16. Cependant, les outils existants n'ont pas été suffisants dans certains cas. De plus, notre étude du travail collaboratif a mené à la proposition de nouveaux outils haptiques présentés dans la section 2.4.2 page 17.

- 25 Les différents éléments de cette plate-forme sont résumés dans deux diagrammes UML (*Unified Modeling Language*). Un diagramme de déploiement UML de la plate-forme SHADDOCK est présenté sur la figure 2.1 page suivante. L'application VMD est détaillée dans un diagramme de composant UML sur la figure 2.2 page 8.

30 2.2 Architecture matérielle et logicielle

2.2.1 L'interface haptique

Une plate-forme de manipulation interactive en temps-réel nécessite des outils d'interaction. De plus, le but final de cette thèse est d'apporter des solutions d'assistance haptique pour le travail collaboratif. Les types d'interfaces



Figure 2.1 – Diagramme de déploiement UML de la plate-forme SHADDOCK

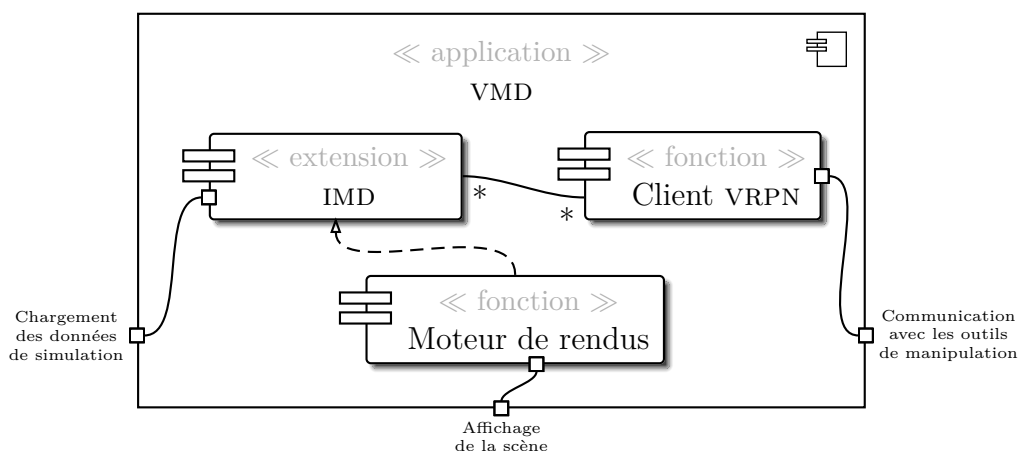


Figure 2.2 – Diagramme de composant UML du nœud VMD

haptiques disponibles sur le marché sont relativement nombreuses et variées. Cependant, plusieurs contraintes nous ont permis de choisir le PHANTOM Omni® et le PHANTOM Desktop®.

Tout d’abord, nous cherchons à pouvoir effectuer de la manipulation dans un environnement en 3D ; il faut choisir une interface permettant au minimum six degrés de liberté (DDLs) en entrée et au minimum trois DDLs en retour haptique. En effet, un outil permettant de manipuler une molécule en translation et en rotation nécessite six DDLs en entrée. Cependant, il est également nécessaire que le périphérique possède au minimum trois DDLs en retour haptique (en translation) afin de créer des solutions d’assistance haptique. Évidemment, trois DDLs supplémentaires en retour haptique (pour la rotation) pourraient permettre des solutions d’assistance plus spécifiques mais les interfaces haptiques proposant six DDLs sont rares et relativement chères.

De nombreuses interfaces répondent aux critères donnés comme le PHANTOM Premium® de chez SENSABLE ou le VIRTUOSE™ 6D35–45 de chez HAPTION. Cependant, deux critères supplémentaires nous ont permis de choisir. Tout d’abord, nous souhaitons fournir des outils accessibles à des biologistes : il est préférable d’avoir un outil de taille modérée qui puisse se poser sur un bureau et se substituer à une souris. Deuxièmement, le PHANTOM Omni® fournit actuellement le meilleur rapport qualité/prix du marché en fonction de nos contraintes. En effet, dans le cadre du travail collaboratif, plusieurs interfaces haptiques sont nécessaires. De plus, le prix modéré peut amener les biologistes à adopter les outils sans avoir à investir de gros budgets ; ceci peut également faciliter l’intégration de ces solutions dans les laboratoires de

biologistes. C'est donc l'interface PHANTOM Omni® [MASSIE et SALISBURY 1994] de l'entreprise SENSABLE qui répond le mieux à nos attentes pour la plate-forme SHADDOCK (voir figure 2.3).



Figure 2.3 – Interface PHANTOM Omni® 6 DDL/3 DDL

À l'origine, les interfaces haptiques de SENSABLE étaient programmables à l'aide
5 de l'interface de programmation (API) GHOST [SENSABLE 2002]. Le travail
de ITKOWITZ *et al.* [2005] a permis de fournir une nouvelle API plus facile
à utiliser : OPENHAPTICS™. C'est à partir de cette API que les interfaces
haptiques sont utilisées sur SHADDOCK. Cependant, nous verrons dans la sec-
tion 2.2.3 page suivante que c'est un logiciel spécifique qui s'occupera de cette
10 communication avec l'interface.

2.2.2 Configuration de travail collaboratif

Le chapitre 1 page 1 a permis de lister les principaux critères qui caractérisent
une plate-forme pour le travail collaboratif. Le travail peut être synchrone ou
asynchrone et il peut être distant ou colocalisé (voir figure 2.4 page suivante).

15 Nous avons vu l'importance d'une bonne conscience périphérique des autres
utilisateurs dans les travaux de CASERA *et al.* [2006] ou TANG *et al.* [2006]
et plus particulièrement dans l'étude proposée par SALLNÄS [2010] : elle
montre l'amélioration des performances lorsque la conscience périphérique
est augmentée. Les solutions de collaboration distantes doivent recréer cette
20 conscience en transmettant les informations audio ou même visuelle. Pour
conserver une bonne conscience périphérique, il est préférable de ne pas nu-
méreriser les communications mais de conserver leur aspect réel : il faut une

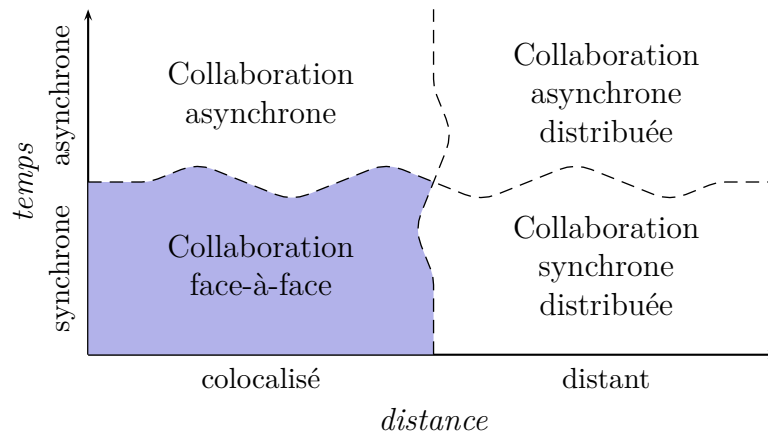


Figure 2.4 – Classification des tâches collaboratives selon ELLIS *et al.* [1991]

collaboration synchrone colocalisée ou collaboration face-à-face selon ELLIS *et al.* [1991] (voir figure 2.4).

De plus, la conscience périphérique ne se limite pas seulement à la conscience physique des autres utilisateurs. En effet, les collaborateurs agissent sur l'environnement ce qui permet de leur donner une existence virtuelle par l'intermédiaire des modifications de la scène. Ceci participe également à la conscience périphérique. Afin d'obtenir la meilleure conscience périphérique concernant l'environnement virtuel, les utilisateurs doivent partager le même environnement virtuel. C'est pour cette raison que la plate-forme SHADDOCK propose une visualisation vidéoprojetée sur un grand écran. De cette façon, la vue est partagée par l'ensemble des utilisateurs.

2.2.3 Une architecture client/serveur

Deux types d'architectures ont été explorés pour les Environnements Virtuels Collaboratifs (EVC) : client/serveur ou pair-à-pair¹. Parmi les études notables, IGLESIAS *et al.* [2008] propose une tâche d'assemblage collaboratif assisté par l'haptique. Une des problématiques soulevée est la difficulté de maintenir un environnement virtuel cohérent et fidèle pour tous les utilisateurs. Afin de parer à ce problème, les développeurs ont retenu une architecture de type client/serveur : la simulation est effectuée par un processus qui distribue les informations aux différents clients. D'ailleurs, ce papier fournit un bon état de l'art des différents type d'architectures en soulignant les avantages et inconvénients de chacune.

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

En effet, il est expliqué que les architectures de types pair-à-pair permettent d'avoir des synchronisations sur le réseau plus rapides : elles nécessitent moins de paquet réseau pour la communication. Cependant, ce type d'architecture génère des retours haptiques instables. D'ailleurs, J. KIM *et al.* [2004] qui étu-
5 die le déplacement collaboratif d'une boîte virtuelle assisté par l'haptique signalent qu'ils ont dû ajouter une viscosité importante dans le retour haptique pour éviter les instabilités. Bien que les architectures pair-à-pair permettent de bons résultats sur une connexion réseau relativement lente voire même sur un réseau susceptible d'avoir des coupures, elles ne sont pas adaptées pour
10 des application collaboratives utilisant l'haptique.

D'autres travaux proposent des architectures client/serveur utilisant les interactions haptiques. P. HUANG *et al.* [2010] propose la manipulation d'un jeu de construction par blocs. La simulation est centralisée sur un serveur et les interaction haptiques sont produites par l'intermédiaire de clients.
15 Il ne souligne aucune instabilité dans les interactions haptiques. NORMAN et HAMZA-LUP [2010] s'intéresse particulièrement aux influences du réseau sur les interactions visuo-haptiques. 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
20 haptique le plus fidèle possible.

MARSH *et al.* [2006] propose une comparaison de ces deux types d'architectures et en vient à la conclusion que l'architecture pair-à-pair est la plus performante en terme de latence. Cependant, l'avantage d'une architecture client/serveur est la cohérence de la simulation entre les différents nœuds du
25 système (et donc entre les utilisateurs). Cependant, ce type d'architecture nécessite deux fois plus de paquets sur le réseau qu'une architecture pair-à-pair. Par opposition, l'architecture de type pair-à-pair ne permet pas d'obtenir un rendu haptique stable alors que l'architecture de type client/serveur le permet.

Dans notre cas, tous les utilisateurs se trouvent confrontés à la même simulation de façon colocalisée. L'affichage étant partagé, c'est l'architecture
30 client/serveur qui est utilisée sur la plate-forme SHADDOCK. Cependant, nous venons de voir que l'architecture client/serveur n'est pas optimale en terme de performances sur le réseau. Heureusement, la proximité des utilisateurs durant l'expérimentation nous permet d'utiliser le réseau interne du laboratoire avec une bande passante suffisante pour compenser l'inefficacité de
35 l'architecture client/serveur en terme de débit. La plate-forme SHADDOCK se distingue donc sous la forme d'une architecture de type client/serveur.

Serveur de périphériques

Afin de gérer ces 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
5 par un autre module qui sera détaillé plus tard dans la section 2.3.2 page 16.

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
10 périphériques.

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

15 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. Ces modifications ont été soumises au développeur de VRPN qui les a intégrées dans les dernières versions.

L'avantage de cette architecture est la possibilité d'ajouter autant de serveurs et donc autant d'interfaces haptiques que nécessaire. Cependant, cela suppose également d'avoir autant d'ordinateurs que de serveurs ce qui complexifie la logistique. On pourra noter que la chaleur dégagée par l'ensemble de ces machines additionnée à celle du vidéoprojecteur crée des températures durant l'expérimentation qui peuvent être désagréables. C'est pourquoi aucune des
20 expérimentations proposée ne dure plus de 30 mn ou, le cas échéant, une pause est effectuée au bout de 30 mn afin d'aérer la salle d'expérimentation.

2.3 Plate-forme de simulation et de visualisation

30 SHADDOCK permet d'effectuer la visualisation de molécules. La visualisation est un processus complexe qui nécessite des rendus variés et complets. En effet, devant le nombre important d'informations que possède une molécule, il est primordial d'avoir accès à des rendus graphiques performants et complets sans surcharge. Cette tâche est effectuée par un logiciel de visualisation
35 présenté dans la section 2.3.1 page suivante.

Ensuite, SHADDOCK simule une dynamique moléculaire. Un logiciel de simulation est nécessaire pour réaliser cette tâche. Il faut que ce logiciel puisse interagir avec le logiciel de visualisation. De plus, il est nécessaire de pouvoir paramétrer finement la simulation. Le logiciel de simulation choisi est
5 présenté dans la section 2.3.2 page 15. Cependant, les logiciels de simulation ne sont pas conçus pour effectuer des simulations en temps-réel. Pourtant, afin de proposer une dynamique moléculaire interactive aux utilisateurs, il est nécessaire d’avoir accès à une simulation en temps-réel. Un module présenté dans la section 2.3.2 page 16 permet de faire communiquer le logiciel
10 de visualisation avec le logiciel de simulation afin d’obtenir une simulation en temps-réel.

2.3.1 Logiciel de visualisation moléculaire

Les outils de visualisation moléculaire disponibles sont relativement nombreux. Parmi les plus populaires, on peut citer PyMOL [PYMOL 2011], VMD
15 [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.

20 PyMOL est probablement le logiciel de visualisation le plus utilisé par les experts du domaine car c’est le plus complet pour fournir des rendus graphiques de molécules très complets. Cependant, PyMOL ne permet pas l’affichage de simulations temps-réel ni la manipulation interactive de molécules.

VMD possède également une large gamme de rendus graphiques. Contrairement à PyMOL, VMD est adapté pour le rendu graphique en temps-réel de
25 données de simulation. Il permet également la manipulation interactive de molécules. Les fonctionnalités de VMD sont nombreuses et seulement certaines ont été utilisées dans le cadre des expérimentations qui vont suivre. Elles sont exposées dans les paragraphes suivants.

30 Les rendus graphiques

La possibilité d’avoir accès à des rendus graphiques divers et complets est primordiale pour la visualisation moléculaire. La complexité des molécules, le nombre important d’atomes, les nombreuses meta-informations, les structures particulières nécessitent d’avoir à sa disposition des moyens évolués et

variés pour afficher une molécule. Quatre représentations différentes (voir figure 2.5) ont été utilisées sur la plate-forme SHADDOCK :

5 **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 2.5a) ;

Licorice représente tous les liens entre les atomes par des cylindres, sans représenter les atomes ; la taille des cylindres peut être modifiée (voir figure 2.5b) ;

10 **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 2.5c) ;

15 **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 2.5d).

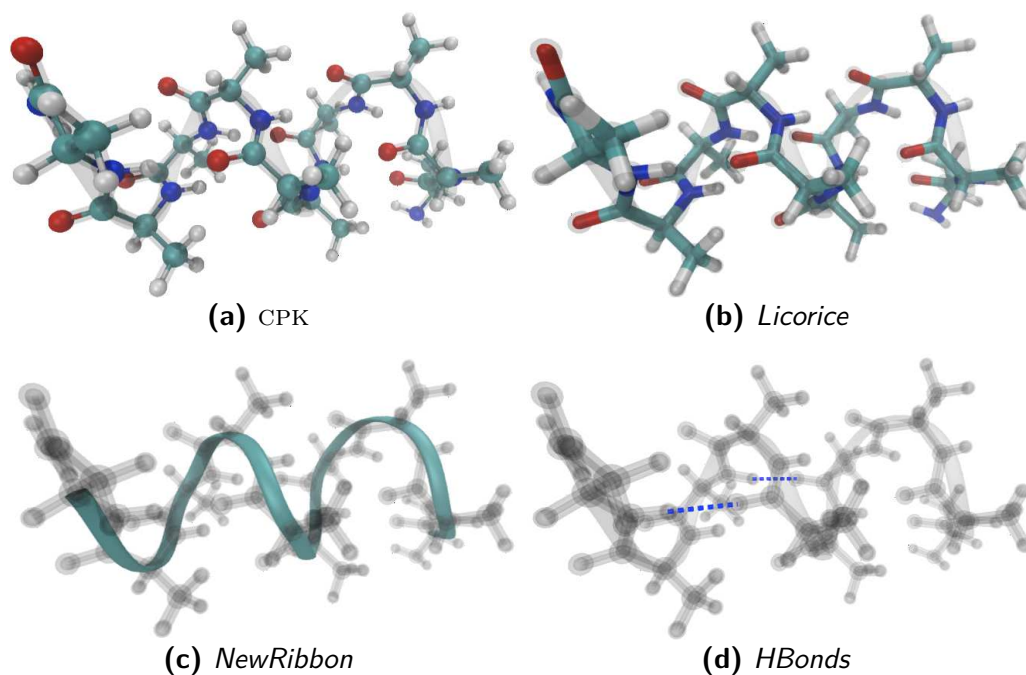


Figure 2.5 – Illustration des représentations de molécules sur VMD

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 :

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

- 5 **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 ;

- 10 **Transparence** rend transparent les objets tout en conservant la teinte ;

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

La génération automatique de fichier de simulation

La simulation nécessite de nombreuses informations. Une partie de ces informations découle directement de la molécule à l'état d'équilibre ; ces informa-

- 15 tions sont les suivantes :

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

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

2.3.2 Logiciel de simulation moléculaire

Les deux principaux logiciels de simulation existants sont NAMD (*Scalable Molecular Dynamics*) [PHILLIPS *et al.* 2005] et GROMACS [BERENDSEN *et al.* 1995]. GROMACS est plus performant que NAMD, surtout dans les dernières

30 versions [HESS *et al.* 2008] qui offre des performances jusqu'à quatre fois plus rapide que NAMD. NAMD est développé par la même université que VMD et la connexion entre les deux logiciels est facilitée. Enfin, NAMD peut être aisément connecté à VMD dans le cadre d'une simulation interactive contrairement à GROMACS. C'est pourquoi le logiciel NAMD a été retenu pour notre plate-

35 forme.

Une des fonctionnalités de `NAMD` utilisée est la possibilité de « fixer » des atomes. En effet, la fixation d'atomes permet d'exclure partiellement certains atomes durant la simulation. 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 est nécessaire pour simuler un point d'ancrage de la molécule dans l'environnement virtuel. Sans ce point d'ancrage, la molécule pourrait dériver et sortir de l'espace de travail des utilisateurs sans possibilité de récupération.

Plate-forme de simulation moléculaire en temps-réel

Les logiciels de simulation 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, entre le début du développement de notre plate-forme en 2008 et aujourd'hui, une nouvelle solution plus générique a été développée au sein de l'Institut de Biologie Physico-Chimie (IBPC). En effet, `MDDRIVER` [DE-LALANDE *et al.* 2009] est une interface permettant d'utiliser le protocole `IMD` avec d'autre logiciel de simulation comme `GROMACS`. C'est une interface capable de gérer différents logiciels de visualisation et de simulation. Cependant, cette nouvelle solution n'a pas encore été implémentée dans notre plate-forme.

2.4 Les outils d'interaction

2.4.1 Les outils existants

La manipulation des molécules est nécessaire sur la plate-forme SHADDOCK. `VMD` dispose déjà de différents outils permettant d'effectuer différentes manipulation sur les molécules.

Par défaut et sans configuration, la souris permet d'orienter la scène sur trois `DDLs` afin d'observer la molécule sous différents angles. Elle peut également être configurées pour traduire la molécule ou obtenir diverses informations sur la molécules.

Il est également possible d'utiliser une souris 3D, automatiquement détectée lorsqu'elle est branchée sur l'ordinateur. Une souris 3D permet de translater et d'orienter la scène. La souris 3D SpaceNavigator® est utilisée dans le cadre de certaines de notre seconde expérimentation (voir chapitre 4 page 55).

5 Enfin, des outils apportant une dimension haptique sont disponibles par l'intermédiaire d'une connexion avec VRPN (voir section 2.2.3 page 12). Ces outils sont liés à des périphériques externes (des interfaces PHANTOM Omni® dans notre cas). Les outils proposés par défaut dans VMD ont été utilisés dans la première expérimentation (voir chapitre 3 page 25). Ils sont les suivants :

10 **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 à la simulation) pour déformer la molécule.

15 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 2.4.2.

2.4.2 Les nouveaux outils d'interaction

Durant les différentes études présentées dans la ?? page ??, les analyses et les remarques d'utilisateurs ont permis d'améliorer les outils d'interaction et d'en proposer de nouveaux. Le développement de ces nouveaux outils a nécessité une modification du programme VMD par extension des outils déjà existants. Des fonctionnalités ont été ajoutées et sont présentées dans les sections suivantes.

Amélioration de la sélection

25 Durant le processus de recherche et de sélection, les utilisateurs ont souvent évoqué le besoin de connaître en continu leur position et de savoir à priori l'élément qui va être sélectionné. Pour que les utilisateurs connaissent à chaque instant l'élément qui peut être sélectionné, une information visuelle met en surbrillance l'élément pointé à chaque instant. La mise en surbrillance est un agrandissement en transparence de l'élément pointé. La couleur de cette mise en surbrillance est de la même couleur que le curseur de l'utilisateur.

Dans le cas d'une sélection par résidu, c'est l'ensemble du résidu qui est mis en surbrillance. Cependant, dans le cas d'une sélection par atome, la mise en

surbrillance d'un seul atome pourrait être difficile à apercevoir au sein d'une molécule complexe. En effet, le nombre important d'atomes d'une molécule peut surcharger le rendu graphique. C'est pourquoi dans ce cas, l'ensemble du résidu auquel appartient l'atome pointé est mis en surbrillance. Cependant,
5 l'atome pointé est agrandi afin de le distinguer du reste du résidu.

Une fois l'élément pointé, l'utilisateur peut sélectionner l'élément. Lorsque les utilisateurs sélectionnent l'élément, la surbrillance passera de la transparence à l'opacité. Une illustration des effets visuels relatifs au pointage et à la sélection est affichée sur la figure 2.6.

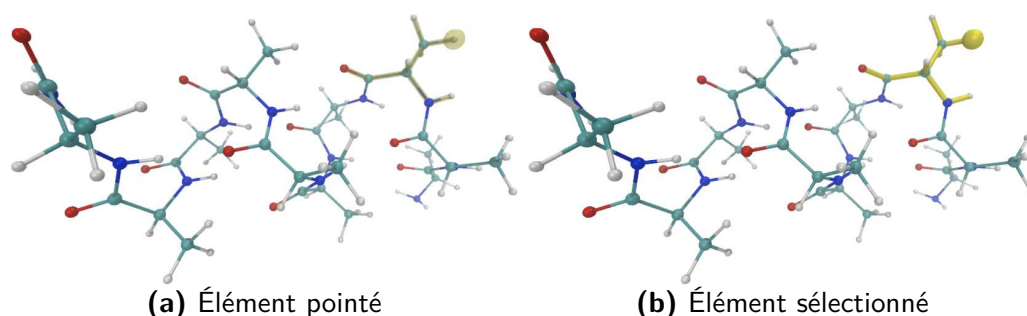


Figure 2.6 – Différence visuelle entre les éléments pointés et sélectionnés

10 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.

Tout d'abord, la déformation d'une molécule atome par atome est un processus très fastidieux. Il serait plus efficace de déplacer un groupe d'atomes en une seule fois.
15

De plus, l'application d'un effort sur un atome provoque l'étirement de la molécule. Au repos, la molécule est dans état relativement stable. Déplacer un atome perturbe cet état de stabilité. De plus, certains atomes sont fortement
20 liés et les éloigner peut perturber grandement l'état de stabilité. Il est donc préférable de déplacer tous ces atomes liés en une seule manipulation.

C'est pourquoi un outil appliquant une force à un groupe d'atomes permet de le déplacer tout en conservant la stabilité intrinsèque. Les groupes d'atomes dignes d'intérêt sont les résidus (une vingtaine d'atomes), les hélices- α ou
25 feuillets- β (une vingtaine de résidus) et les molécules. Cependant, VMD n'est

pas capable de fournir l'information sémantique regroupant les atomes en hélices- α ou en feuillets- β . La fonctionnalité de l'outil *tug* a donc été étendue aux résidus et aux molécules.

Cependant, appliquer le même effort à l'ensemble des atomes de la molécule produit un effort total très important. Si l'effort total est trop important, les perturbations envoyées à la simulation sont trop puissantes et peuvent produire des incohérences dans la simulation voire même un arrêt de la simulation. En effet, *NAMD* peut décider d'arrêter la simulation s'il considère que la simulation diverge trop d'un état stable. Il est donc nécessaire de diviser l'intensité des forces appliquées proportionnellement au nombre d'atomes sélectionnés.

Outil de désignation

Un besoin récurrent constaté durant les expérimentations est la nécessité pour les utilisateurs de désigner un élément de la molécule. Parfois les utilisateurs éprouvent le besoin de désigner un élément de l'environnement virtuel pour un autre utilisateur. Les enregistrements audio ont également permis d'identifier ce besoin.

L'outil de désignation a été conçu pour répondre à un processus en quatre étapes :

- a. Recherche d'une cible ;
- b. Désignation d'une cible ;
- c. Acceptation d'une cible ;
- d. Sélection d'une cible.

L'étape a consiste pour un utilisateur \mathcal{A} à rechercher une cible à désigner. Cette cible est choisie en fonction des objectifs de la tâche à réaliser et sera indiquée à un utilisateur \mathcal{B} (voir figure 2.7a page suivante).

Une fois la cible trouvée, l'utilisateur \mathcal{A} désigne la cible identifiée lors de l'étape b. La cible est alors mise en surbrillance de façon à être vue des autres utilisateurs (voir figure 2.7b page suivante).

L'étape c fait intervenir l'utilisateur \mathcal{B} . L'utilisateur \mathcal{B} peut 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 2.7c page suivante). Tant qu'elle n'est pas acceptée, la résidu reste en surbrillance jusqu'à ce que la requête soit acceptée ou modifiée.

L'étape d est la dernière étape. L'utilisateur \mathcal{B} ayant accepté doit maintenant sélectionner la cible pour achever le processus de désignation. Tant que

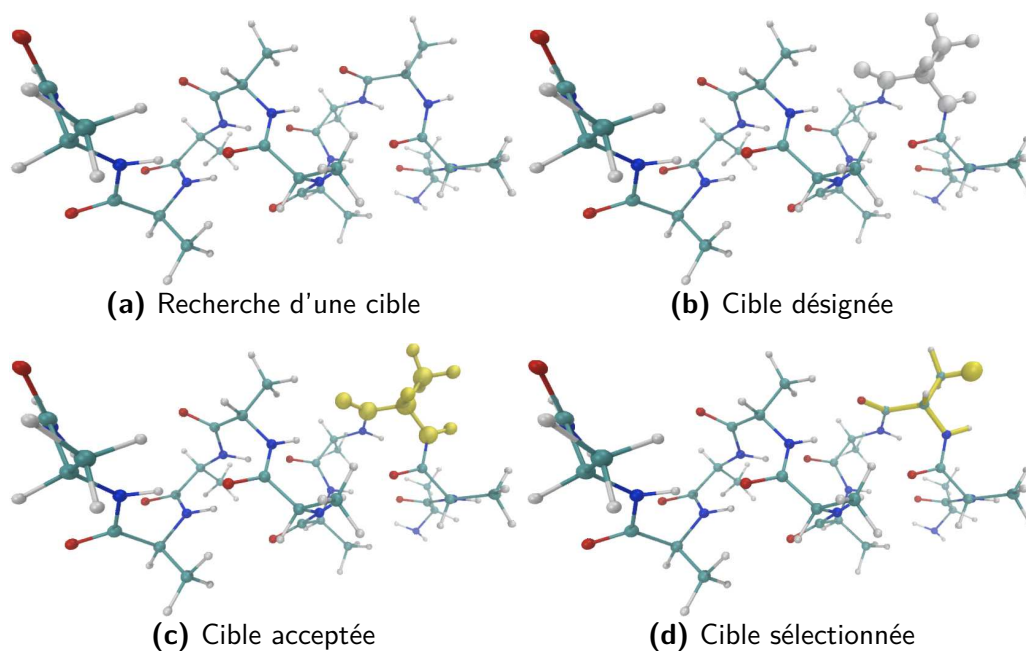


Figure 2.7 – Les quatre étapes de la désignation

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 2.7d).

Bibliographie

[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
5 2011) (cf. page 13).

[BERENDSEN *et al.* 1995]

BERENDSEN, Herman J. C., David van der SPOEL et Rudy van DRU-
NEN (sept. 1995). « GROMACS : a message-passing parallel molecular
dynamics implementation ». Anglais. Dans *Computer Physics Commu-*
10 *nications* 91.1–3, pages 43–56 (cf. page 15).

[BROOKS *et al.* 1983]

BROOKS, Bernard R., Robert E. BRUCCOLERI, Barry D. OLAFSON, Da-
vid J. STATES, Sundaramoorthi SWAMINATHAN et Martin KARPLUS (avr.
1983). « CHARMM : a program for macromolecular energy, minimization,
and dynamics calculations ». Anglais. Dans *Journal of computational*
15 *chemistry* 4.2, pages 187–217 (cf. page 15).

[CASERA *et al.* 2006]

CASERA, Steve, Hans-Heinrich NÄGELI et Peter KROPF (août 2006).
« Improving usability of collaborative scientific visualization systems ».
20 Anglais. Dans *Proceedings of Visualization, Imaging, and Image Proces-*
sing. Tome 541, pages 180–186 (cf. page 9).

[DELALANDE *et al.* 2009]

DELALANDE, Olivier, Nicolas FÉREY, Gilles GRASSEAU et Marc BAA-
DEN (avr. 2009). « Complex molecular assemblies at hand via interactive
simulations ». Anglais. Dans *Journal of computational chemistry* 30.15,
25 pages 2375–2387 (cf. page 16).

[ELLIS *et al.* 1991]

ELLIS, Clarence A., Simon J. GIBBS et Gail REIN (jan. 1991). « Group-
ware : some issues and experiences ». Dans *Communication on ACM*
30 34.1, pages 39–58 (cf. page 10).

[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*
35 *theory and computation* 4.3, pages 435–447 (cf. page 15).

- [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.
5 Dans *Proceedings of the 9th Annual Workshop on Network and Systems Support for Games*. NetGames '10 2. Piscataway, NJ, USA : IEEE Press, pages 1–6 (cf. page 11).
- [HUMPHREY *et al.* 1996]
HUMPHREY, William F., Andrew DALKE et Klaus SCHULTEN (fév. 1996).
10 « VMD : Visual Molecular Dynamics ». Anglais. Dans *Journal of Molecular Graphics* 14.1, pages 33–38 (cf. page 13).
- [IGLESIAS *et al.* 2008]
IGLESIAS, Rosa, Sara CASADO, Teresa GUTIÉRREZ, Alejandro GARCÍA-ALONSO, Wai YU et Alan MARSHALL (jan. 2008). « Simultaneous remote
15 haptic collaboration for assembling tasks ». Anglais. Dans *Multimedia Systems*. Tome 13. 4. Springer, Heidelberg, Germany, pages 263–274 (cf. page 10).
- [ITKOWITZ *et al.* 2005]
ITKOWITZ, Brandon, Josh HANDLEY et Weihang ZHU (mar. 2005). « The
20 OpenHapticsTM toolkit : a library for adding 3DTM navigation and haptics to graphics applications ». Anglais. Dans *Proceedings of the first joint eurohaptics conference and symposium on haptic interfaces for virtual environment and teleoperator systems*. WHC '05. Washington, DC, USA : IEEE Computer Society, pages 590–591 (cf. page 9).
- [J. KIM *et al.* 2004]
25 KIM, Jung, Hyun KIM, Boon K. TAY, Manivannan MUNIYANDI, Man-dayam 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 11).
30
- [MARSH *et al.* 2006]
MARSH, James, Mashhuda GLENCROSS, Steve PETTIFER et Roger HUBBOLD (mai 2006). « A network architecture supporting consistent rich
35 behavior in collaborative interactive applications ». Anglais. Dans *IEEE Transactions on visualization and computer graphics* 12.3, pages 405–416 (cf. page 11).

[MASSIE et SALISBURY 1994]

MASSIE, Thomas H. et Kenneth J. SALISBURY (nov. 1994). « PHANTOM haptic interface : a device for probing virtual objects ». Anglais. Dans *Symposium on Haptic Interfaces for Virtual Environment and Teleoperator Systems*. Tome 55. 1. Massachusetts Institute of Technology, Cambridge, United States, pages 295–300 (cf. page 9).

[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 11).

[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. page 13).

[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. page 15).

[SALLNÄS 2010]

SALLNÄS, Eva-Lotta (juil. 2010). « Haptic feedback increases perceived social presence ». Anglais. Dans *Proceedings of the 2010 international conference on Haptics - generating and perceiving tangible sensations : Part II*. Berlin, Heidelberg : Springer-Verlag, pages 178–185 (cf. page 9).

[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 13).

[SENSABLE 2002]

SENSABLE, Technologies Incorporated® (avr. 2002). *GHOST® software developer's toolkit programmer's guide*. Anglais. 4.0. SensAble Technologies Incorporated® (cf. page 9).

[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. page 16).
5

[TANG *et al.* 2006]

TANG, Anthony, Melanie TORY, Barry PO, Petra NEUMANN et Sheelagh CARPENDALE (avr. 2006). « Collaborative coupling over tabletop displays ». Anglais. Dans *Proceedings of the SIGCHI conference on Human Factors in computing systems*. New York, NY, USA : ACM, pages 1181–1190 (cf. page 9).
10

[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 2001. New York, NY, USA : ACM, pages 55–61 (cf. page 12).
15

[PYMOL 2011]

PYMOL. *The PyMOL molecular graphics system*. Anglais. Schrödinger, LLC. URL : <http://www.pymol.org/> (visité le 3 juin 2011) (cf. page 13).
20

Chapitre 3

Recherche collaborative de résidu sur une molécule

Sommaire

5	3.1 Introduction	26
	3.2 Recherche et sélection collaborative	26
	3.2.1 Travaux existants	26
	3.2.2 Objectifs	28
10	3.3 Présentation de l'expérimentation	29
	3.3.1 Description de la tâche	29
	3.3.2 Spécificités du protocole expérimental	33
	3.4 Résultats	37
	3.4.1 Amélioration des performances en binôme	37
15	3.4.2 Stratégies de travail	41
	3.4.3 Résultats qualitatifs	48
	3.5 Synthèse	49
	3.5.1 Résumé des résultats	49
	3.5.2 Conclusion	50
20	Bibliographie	52

3.1 Introduction

Le premier chapitre nous a permis d'identifier les principales tâches élémentaires concernant l'interaction en environnement virtuel, décrites par BOWMAN [1999] : les Primitives Comportementales Virtuelles (PCVs) [FUCHS *et al.* 2006]. Chaque primitive nécessite que la précédente ait été réalisée avec succès ; on ne peut pas manipuler tant qu'une sélection n'a pas été effectuée ; on ne peut pas sélectionner sans avoir naviguer, explorer et identifier les cibles à sélectionner. Le processus d'exploration et de sélection sont les étapes primordiales à toute manipulation ultérieure. Cependant, la sélection au sein d'une simulation moléculaire est une problématique complexe à part entière [DELALANDE *et al.* 2010], notamment à cause de la complexité des molécules liée au nombre important d'atomes et à la structure repliée. L'appréhension d'un tel environnement virtuel peut être effectuée par des améliorations visuelles [CHAVENT *et al.* 2011] ou des interfaces d'interactions adaptées [DELALANDE *et al.* 2010] par exemple. Cependant, nous choisissons d'explorer une troisième solution : la distribution des charges cognitives de travail par l'intermédiaire d'une collaboration synchrone colocalisée.

Dans ce chapitre, nous nous intéressons aux deux premières étapes du processus de déformation : la *recherche* et la *sélection* (voir figure 1.1 page 3). Nous étudions tout particulièrement l'influence du travail collaboratif sur ces étapes. Le prétexte à cette étude sera une expérimentation sur la recherche de résidus présentée dans la section 3.3 page 29. L'étude proposée montre l'intérêt du travail collaboratif sur des tâches de nature complexe. Cependant, nous verrons que les différents binômes adoptent des stratégies relativement différentes, menant à des performances hétérogènes. Nous identifierons ainsi les avantages de la collaboration mais également les limites d'une telle configuration de travail.

3.2 Recherche et sélection collaborative

3.2.1 Travaux existants

Les quatre PCVs décrites par FUCHS *et al.* [2006] sont une succession d'étapes nécessaires de l'interaction avec un environnement virtuel. Dans ce chapitre, nous proposons d'étudier les deux premières de ces quatre tâches élémentaires (voir section 1.2.1 page 2) : la *recherche* et la *sélection*. Ces étapes sont cruciales car elles ont un impact important sur les étapes suivantes que sont la *manipulation* et l'*évaluation*. En effet, une mauvaise sélection aura pour

effet un contrôle moins précis sur le processus de déformation et une difficulté supplémentaire dans la réalisation de la tâche demandée.

La sélection en environnement virtuel est une tâche élémentaire relativement peu explorée pour la biologie moléculaire en environnement virtuel. Pourtant, elle est déjà relativement développée pour les microscopes à force atomique (AFM pour *Atomic Force Microscope*) mais les contraintes techniques de cette technique sont très éloignées de nos contraintes techniques en environnement virtuel donc nous ne nous étendrons pas sur ce sujet. La taille et la complexité des molécules nécessite des solutions de sélections adaptées. Les logiciels les plus utilisés comme PyMOL et 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

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

ou dans VMD

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

Cette méthode de sélection est seulement efficace dans le cas où la cible à sélectionner est connue à l'avance. Dans le cadre de l'exploration virtuelle d'une molécule, VMD propose par exemple une sélection par *picking*¹ à l'aide de la souris. Cependant, ce type de méthode atteint rapidement ces limites en terme de précision dès que la molécule est de taille trop importante : la complexité de la molécule sur la dimension de la profondeur rend relativement inutilisable la méthode du *picking*.

Depuis déjà plusieurs années, la communauté de la réalité virtuelle s'est intéressé à cette problématique en proposant des périphériques d'interaction pour les environnements virtuels en 3D. PAVLOVIĆ *et al.* [1996] ont développé une plate-forme permettant d'interagir avec les molécules en utilisant la voix et les gestes. Cependant, les techniques de segmentations pour une reconnaissance de gestes efficace sont encore difficiles à mettre en place, même si l'arrivée récente de la KINECT de MICROSOFT® a aidé à cette démocratisation. On trouve également les travaux de POLYS *et al.* [2004] qui propose 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.

1. Méthode qui consiste à trouver 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.

Tous ces dispositifs sont relativement lourds à déployer et ne sont pas adaptés pour une installation sur un ordinateur de bureau.

Tous les dispositifs présentés dans ce dernier paragraphe sont testés sur des molécules ne contenant que quelques atomes avec peu d'intérêt pour les biologistes. Cependant, la sélection dans des tâches plus pertinentes pour les biologistes est un sujet encore peu exploré. LEVINE *et al.* [1997] proposent une plate-forme d'interaction avec un environnement moléculaire virtuel afin d'explorer un complexe ligand-protéine pour réaliser un amarrage de molécules. Cependant, l'amarrage de molécule s'effectue ici sur des corps rigides ce qui simplifie grandement la complexité de l'exploration. On trouve également les travaux de FERREY *et al.* [2008] mais là encore, il s'agit de corps rigides. Cependant, les travaux ont évolué vers des corps flexibles avec DELALANDE *et al.* [2010] qui utilise les périphériques haptiques pour aider à la localisation de ponts ioniques au sein de 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. D'ailleurs, c'est le dispositif d'interaction que nous avons retenu pour notre plate-forme.

3.2.2 Objectifs

Dans ce chapitre, nous aborderons les tâches de recherche 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 mobilité des atomes. Nous proposons d'étudier l'apport d'une configuration de travail collaboratif pour la réalisation de cette tâche.

Les objectifs de cette première partie 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 en collaboration. Nous supposons que les stratégies vont varier d'un groupe à l'autre en fonction des affinités et des connaissances intrinsèques du groupe. Le travail collaboratif permet de mettre en avant des stratégies de travail distinctes en fonction de la communication, des espaces de travail, de la répartition des tâches, *etc.*

Ensuite, nous nous intéresserons plus précisément aux avis des utilisateurs. En effet, il est nécessaire de prendre en compte l'expérience de l'utilisateur

afin de proposer des solutions intuitives et confortables. Ainsi, nous supposons que le travail collaboratif est plus apprécié des utilisateurs l'émulsion collective qui naît des interactions et de la communication.

Enfin, il est nécessaire de valider la plate-forme de manipulation proposée.

- 5 Pour cela, l'évaluation sera confiée aux sujets. L'objectif est de vérifier l'utilisabilité de la plate-forme afin d'identifier les points faibles.

3.3 Présentation de l'expérimentation

Afin de répondre à nos hypothèses de travail, résumées dans la section B.1.1 page 144, nous mettons en place une expérimentation de recherche de résidu
10 au sein d'une molécule pendant une simulation moléculaire en temps-réel. Cette section est destinée à décrire la tâche proposée puis les spécificités du protocole expérimental.

3.3.1 Description de la tâche

La tâche proposée consiste à trouver des résidus au sein d'une molécule puis
15 à les extraire hors de la molécule. Les résidus sont des groupes d'atomes s'associant les uns aux autres 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 de la plate-forme. Les
20 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 plus précises des molécules, se reporter à la section A.2 page 137.

La figure 3.1 page 32 montre la répartition des résidus sur les deux molécules. Chaque résidu possède ses propres spécificités (position, couleur etc.). Les
25 critères de complexité, résumés pour chaque résidu dans la table 3.2 page 31, sont les suivants :

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

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

- 30 **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 le trouver et l'atteindre contrairement à un résidu en position interne qui sera plus complexe d'accès.

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}	

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

Chaîne Une chaîne d'atomes (la plupart du temps carbonés) avec des atomes d'hydrogène de chaque côté.

5 **Cycle** Une chaîne fermée d'atomes de carbone ou d'azote.

Étoile Séries de chaînes d'atomes toutes reliées sur un atome central (un atome de carbone pour la plupart du temps).

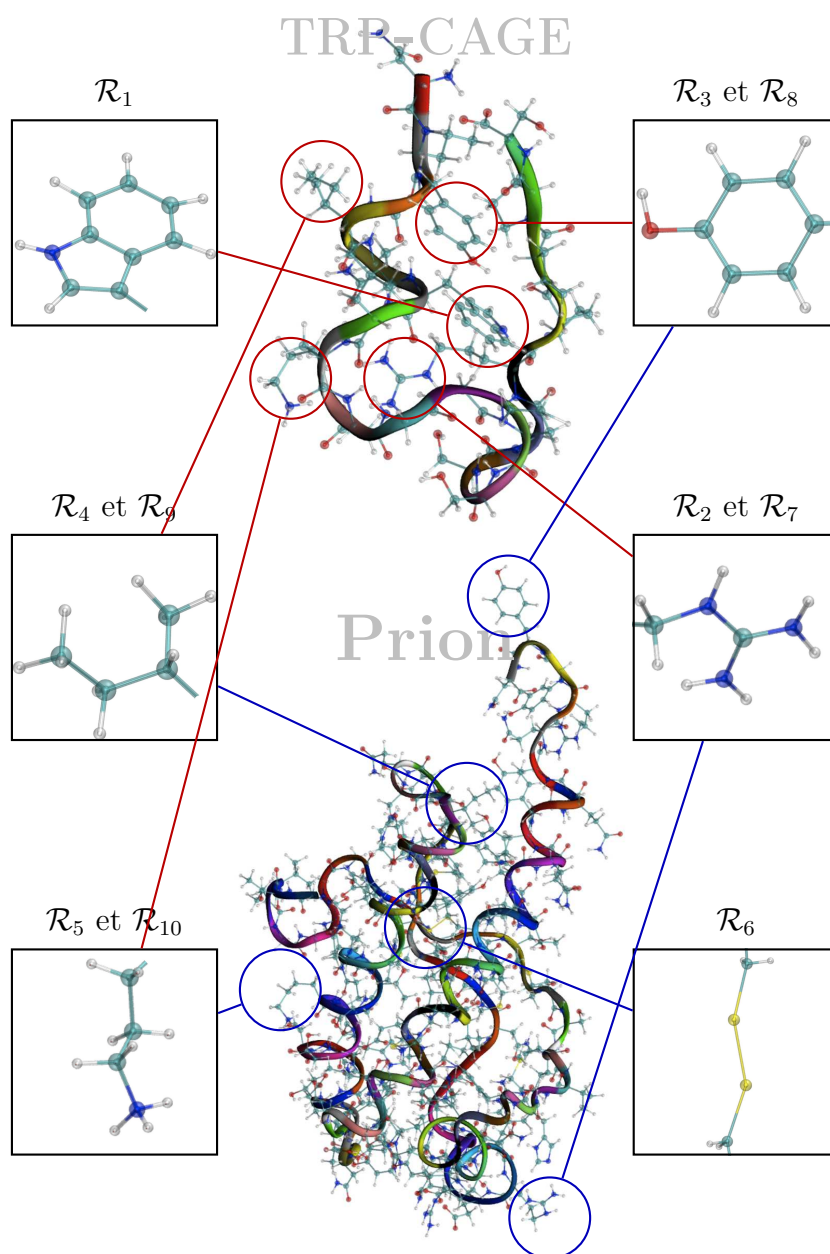
10 **Couleurs** Les atomes sont colorés en fonction de leur nature (rouge pour l'oxygène, blanc pour l'hydrogène, *etc.*). Les atomes rares seront donc rapidement identifiés grâce à leur couleur singulière. Par contre, les atomes nombreux (comme les hydrogènes ou les carbonés) seront plus difficiles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

15 **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
\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

Figure 3.1 – Répartition des résidus sur les molécules



La tâche proposée nécessite deux étapes. Selon BOWMAN [1999], on distingue tout d'abord l'étape de recherche de l'objectif. Pour explorer la molécule afin d'identifier l'objectif, les sujets disposent de l'outil *grab*. Lorsque l'objectif recherché est identifié, les sujets entrent dans la seconde étape : la sélection.

- 5 Pour effectuer cette étape de sélection, les sujets disposent de l'outil *tug*. Les outils *grab* et *tug* sont décrits dans la section 2.4.1 page 16.

3.3.2 Spécificités du protocole expérimental

- L'expérimentation est basée sur le dispositif expérimental décrit dans le chapitre A page 135. Cependant, certains choix expérimentaux concernant cette expérimentation de recherche en simulation moléculaire sont détaillés dans
10 les sections suivantes. Les détails à propos de la méthode expérimentale, présents dans la section B.1 page 144, sont résumés dans la table 3.3 page 36.

Matériel

- 15 Cette première expérimentation propose aux sujets d'effectuer une recherche de résidus au sein d'une molécule de taille importante. Les sujets disposent déjà 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 suivante. Ce nouvel outil nécessite l'ajout de quelques matériels.
20

- L'outil d'orientation de la molécule est assuré par un PHANTOM Omni® associé à l'outil *grab* (voir section 2.4.1 page 16). L'ajout d'un outil nécessite également l'ajout d'un ordinateur pour faire office de serveur VRPN. Dans ce cas, une machine de faible puissance est largement suffisante en tant que
25 serveur. L'interface est placée devant le sujet en charge de cet outil.

- Durant l'expérimentation, il est demandé aux sujets de chercher des résidus sur la molécule. Le résidu cible doit donc être affiché aux sujets pendant toute la durée de la tâche. Afin de ne pas perturber la scène virtuelle, nous n'affichons pas le résidu sur l'écran de vidéoprojection. Un écran LCD
30 17 pouces est donc placé sur la table devant les sujets pour afficher en continu la cible à rechercher.

- Pour finir, cette première expérimentation est destinée à mettre en évidence les problèmes de communication qui peuvent survenir lors de la réalisation d'une tâche en collaboration. Afin d'analyser la communication entre les
35 différents sujets de l'expérimentation, nous souhaitons enregistrer tous les

échanges verbaux. C'est pourquoi, un micro a été installé sur la table face aux sujets afin de capter toutes les communications orales. L'enregistrement est assuré par le logiciel AUDACITY®. Un filtrage du bruit de fond est effectué *a fortiori* afin de rendre plus audibles les enregistrements.

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

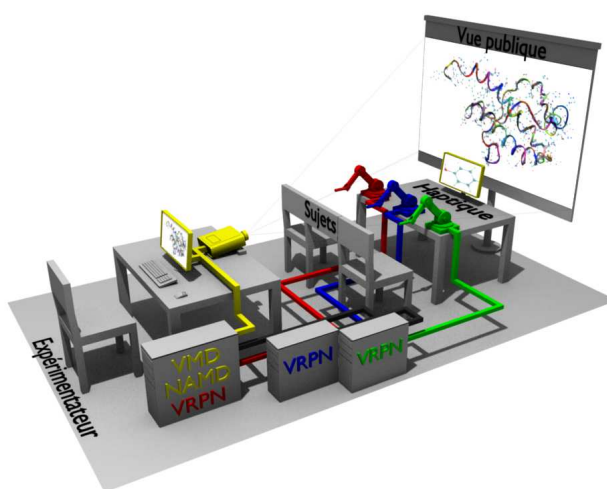


Figure 3.2 – Schéma du dispositif expérimental

Visualisation

- Dans cette première expérimentation, c'est la molécule Prion qui a été utilisée. Cette molécule est suffisamment volumineuse pour ne pas nécessiter d'atome fixes au niveau de la simulation. La molécule est donc laissée libre de tout mouvement. La figure 3.4 page suivante est une représentation de cette molécule durant la tâche.

Outils de manipulation

- 15 Durant cette tâche de recherche, nous donnons aux utilisateurs la possibilité de déformer la molécule à l'aide de l'outil *tug*. Cependant, afin d'offrir un potentiel d'exploration optimal, il est nécessaire d'avoir également à sa disposition un moyen d'orienter la scène. Le cas échéant, tout résidu qui se trouverait derrière la molécule ne pourrait être trouvé qu'après une longue et

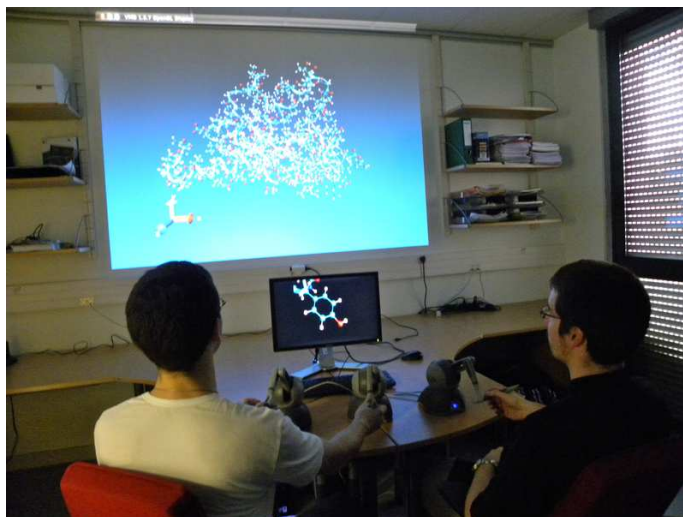


Figure 3.3 – Photographie du dispositif expérimental

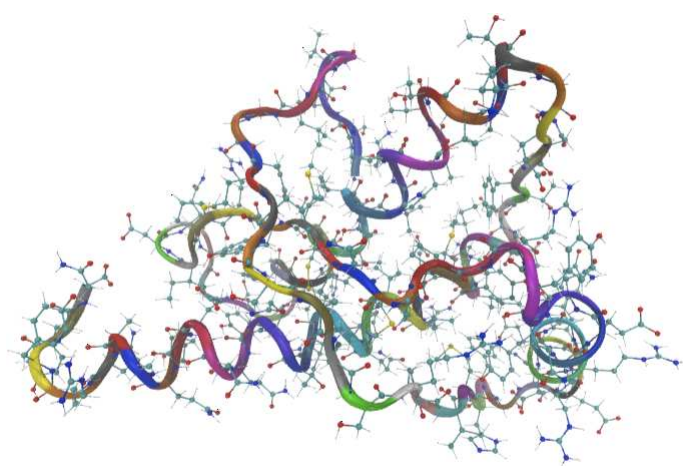


Figure 3.4 – Représentation de la molécule Prion pour l'expérimentation

fastidieuse déformation. C'est pourquoi, nous mettons un outil d'orientation de la molécule à disposition des sujets.

Cet outil, concrétisé par une interface haptique associé à l'outil *grab*, permet de sélectionner la molécule puis de déplacer et de l'orienter. Aucune modification par rapport à l'outil déjà proposé par VMD n'a été ajoutée. Cependant, l'outil n'est pas partagé entre les utilisateurs. En effet, il est demandé aux sujets dès le début de l'expérimentation, 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.

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	La plate-forme est appréciée des utilisateurs	
Variable indépendante	\mathcal{V}_{i1}	Nombre de sujets	
	\mathcal{V}_{i2}	Résidu à chercher	
Variable 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	
Condition \mathcal{C}_1		Condition \mathcal{C}_2	Condition \mathcal{C}_3
Sujet \mathcal{A} 10 résidus		Sujet \mathcal{A} 10 résidus	Binôme \mathcal{AB} 10 résidus
Sujet \mathcal{B} 10 résidus		Binôme \mathcal{AB} 10 résidus	Sujet \mathcal{A} 10 résidus
Binôme \mathcal{AB} 10 résidus		Sujet \mathcal{B} 10 résidus	Sujet \mathcal{B} 10 résidus

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

3.4.1 Amélioration des performances en binôme

Données et statistiques

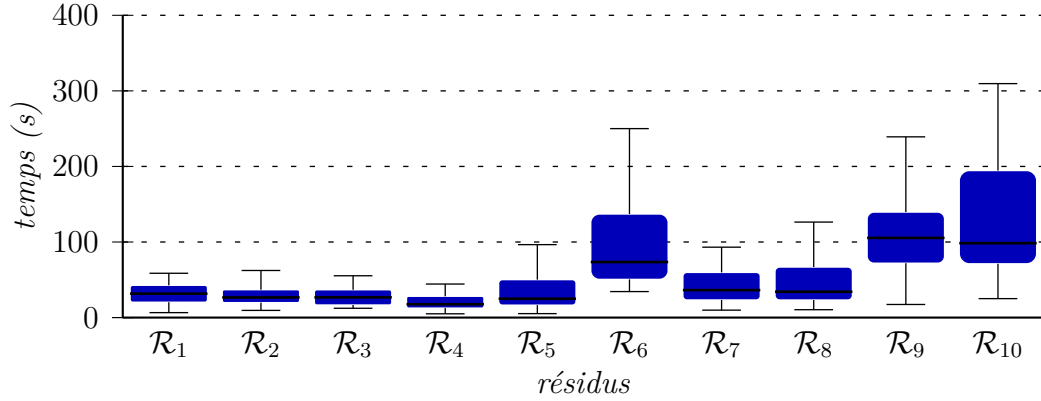


Figure 3.5 – Temps de réalisation par résidu

La figure 3.5 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 que les autres résidus.

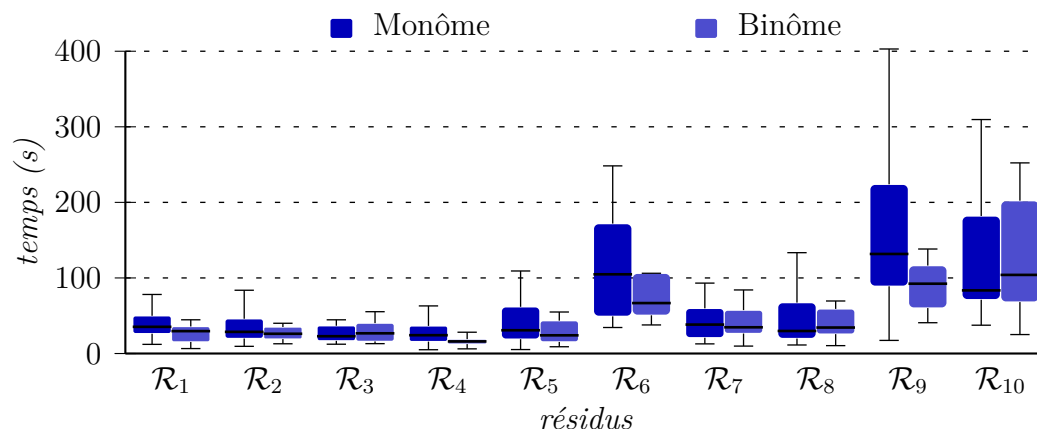


Figure 3.6 – Temps de réalisation comparés (monôme ou binôme) par résidu

La figure 3.6 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 au groupe 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} ($\chi^2 = 7.7$, $df = 1$, $p = 0.006$).

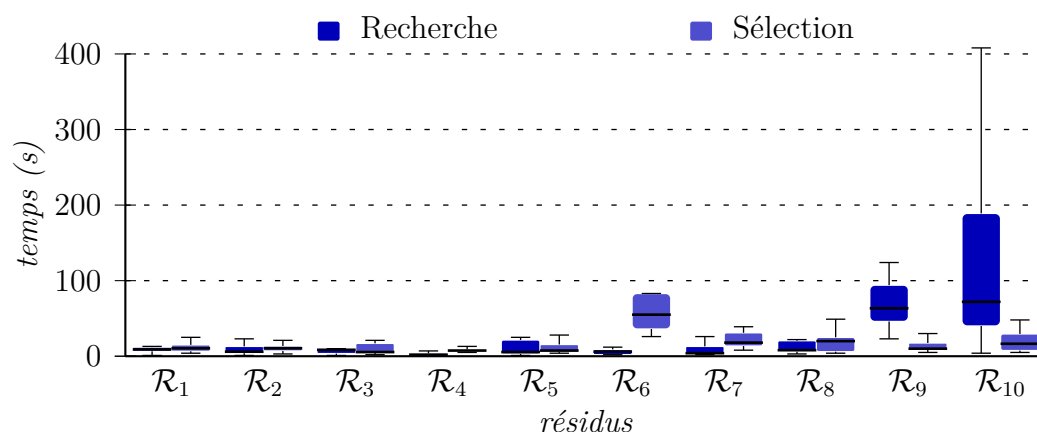


Figure 3.7 – Temps de recherche et de sélection comparés par résidu

La figure 3.7 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 que les autres résidus. L'analyse montre également un effet significatif des résidus \mathcal{V}_{12} 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 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 signi-

ficativité. 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
 5 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 146). Les résidus \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10} se distinguent
 10 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 31). 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.

15 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
 20 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 si-
 25 milaire 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 al-
 30 loué 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
 35 (stratégie *diviser pour régner*).

Temps de sélection prédominant Les sujets ont un temps important al-
 loué 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

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.

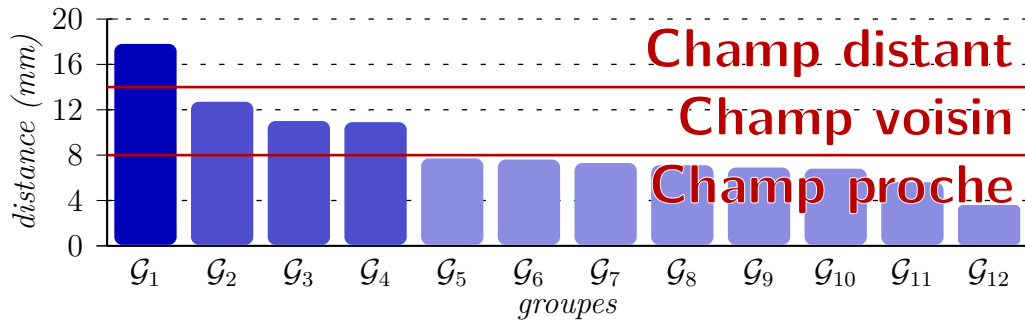


Figure 3.8 – Distance moyenne entre les sujets pour chaque binôme sur les résidus \mathcal{R}_6 , \mathcal{R}_9 et \mathcal{R}_{10}

La figure 3.8 présente la distance moyenne entre les espaces de travail \mathcal{V}_{d2} de chaque binôme. Les binômes peuvent être classés en trois groupes : *espace distant*, *espace voisin* et *espace proche*.

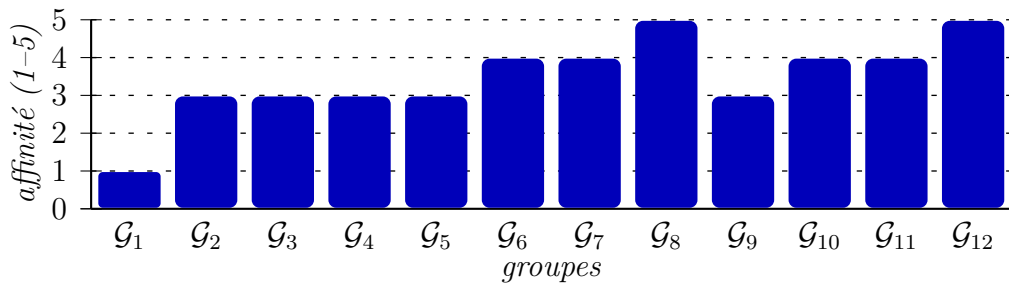


Figure 3.9 – Affinité entre les sujets pour chaque binôme

La figure 3.9 page précédente 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 groupe \mathcal{G}_1 est très basse contrairement aux groupes \mathcal{G}_8 et \mathcal{G}_{12} pour lesquelles l'affinité est très élevée.

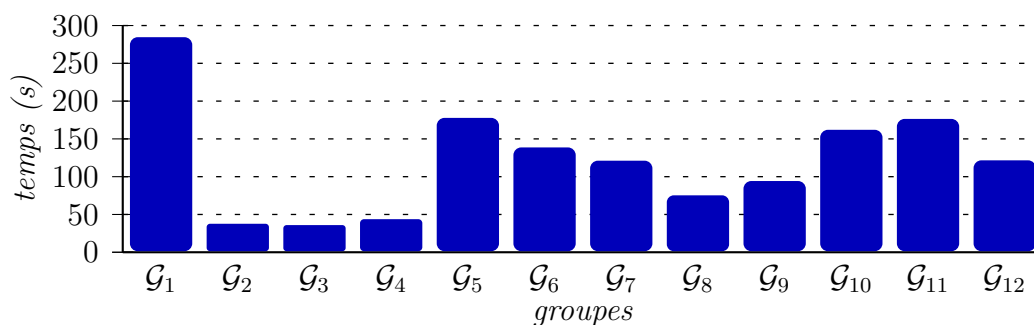


Figure 3.10 – Temps de réalisation entre les sujets pour chaque binôme

La figure 3.10 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 autres groupes 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.

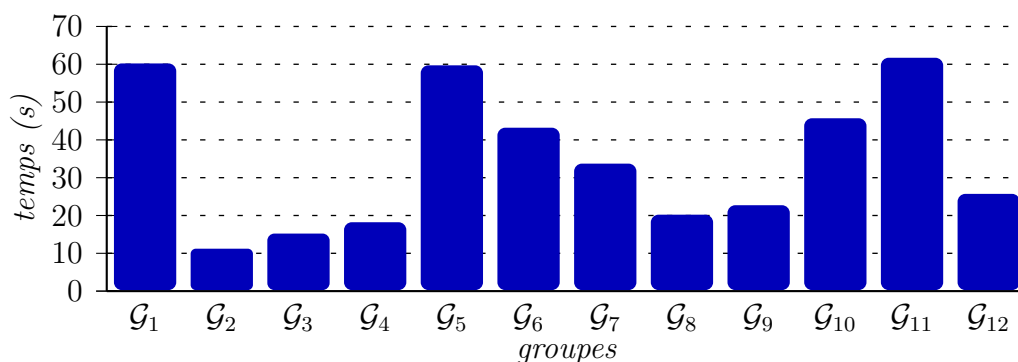


Figure 3.11 – Temps de communication verbale entre les sujets pour chaque binôme

La figure 3.11 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 3.12 page suivante présente les pourcentages de temps de communication verbale durant la phase de recherche et durant la phase de sélection

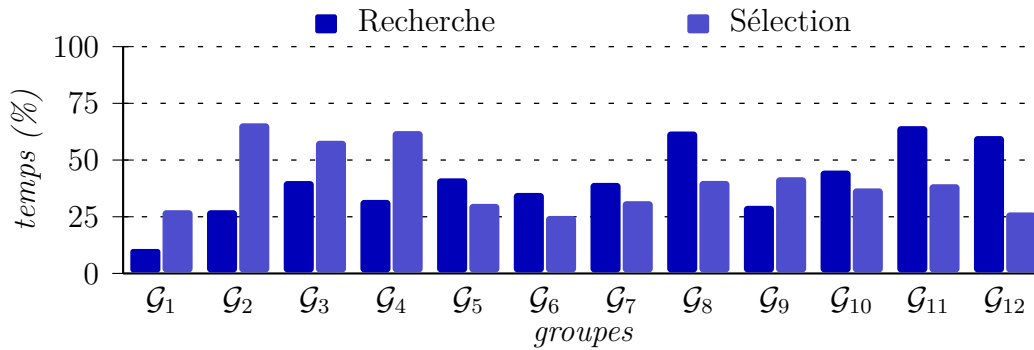


Figure 3.12 – Pourcentage de temps de communication verbale pendant la recherche et la sélection entre les sujets pour chaque binôme

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.

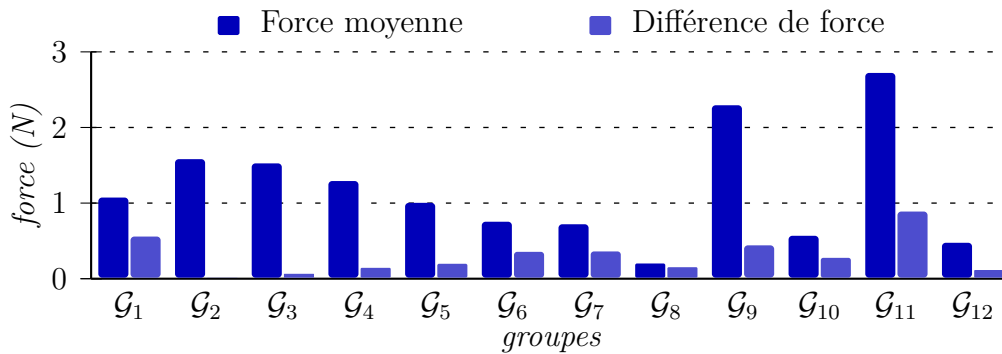


Figure 3.13 – Force moyenne et différence de force entre les sujets pour chaque binôme

La figure 3.13 représente la force moyenne appliquée par les 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 3.9 page 41). D'après la figure 3.10 page 42, ces binômes obtiennent des temps de réalisation de la tâche moyens.

Partage de la tâche La figure 3.13 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 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 3.13 page précédente). 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.

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

Communication Les temps de communication verbale sur la figure 3.12 page 43 montrent une disparité entre les sujets. Les binômes de ce groupe 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 5 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 10 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 15 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 20 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 3.14 page suivante montre la dépendance physique ou structurelle entre les résidus voisins. En 25 effet, les résidus interagissent entre eux à travers diverses forces physiques : plus les distances sont courtes, plus les contraintes physiques sont fortes. La figure 3.9 page 41 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 30 performances sur les temps de réalisation de la tâche figure 3.10 page 42.

Partage de la tâche La figure 3.13 page 43 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 35 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



Figure 3.14 – Couplage physique et structure entre les résidus

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.

5 **Communication** La communication verbale est faible comme le montre la figure 3.11 page 42. 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 3.12 page 43
10 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
15 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.

20 **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 3.9 page 41) : 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 3.10 page 42.

Partage de la tâche La figure 3.13 page 43 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 3.11 page 42 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 groupes (voir figure 3.12 page 43). 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 3.12 page 43. 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 113).

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 plate-forme⁵.

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 ($\mu = 2$, $\sigma = 0.5$). 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 ($\mu = 0.5$, $\sigma = 1$).

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

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
 5 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
 10 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
 15 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 plate-forme est relativement bien évaluée. Il semble cependant nécessaire d'apporter en-
 20 core 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
 25 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 Synthèse

30 3.5.1 Résumé des résultats

Dans ce chapitre, nous avons observé et comparé les performances de monômes et de binômes pendant une tâche de recherche et de sélection sur une simulation moléculaire en temps-réel. L'objectif était de montrer l'intérêt des

approches collaboratives pour l'amélioration des performances et d'identifier les différentes stratégies de travail. De plus, il fallait valider la pertinence de la plate-forme 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 à prendre en compte est l'amplitude des contraintes physiques de la molécule. Certaines zones de la molécule sont dans un état de stabilité tel qu'il est difficile d'en déformer les résidus. L'ensemble de ces contraintes rend pertinent une approche collaborative pour la réalisation d'une tâche de nature complexe.

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 performantes. En effet, le nombre de conflits de coordination durant les interactions en champ proche est très important alors que le potentiel de la collaboration est perdu dans des interactions en champ distant. Ce sont les interactions en champ voisin qui offrent les meilleures performances, générant un bon compromis en termes de communication et de gestion des conflits de coordination.

Enfin, il paraît nécessaire d'avoir de bonnes relations sociales avec ces partenaires. Les résultats montrent de façon évidente que tout déséquilibre dans le groupe mène à des performances dégradées.

3.5.2 Conclusion

Basés sur les résultats précédents, certaines perspectives assez évidentes s'imposent et ont guidé les expérimentations qui suivent. Tout d'abord, il semble nécessaire de proposer des tâches suffisamment complexes pour le travail collaboratif apporte une amélioration des performances. Ceci se traduit soit par des tâches à fortes zones de contraintes (voir chapitre 4 page 55) ou par la manipulation de molécules de taille importante (voir chapitre 5 page 89).

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 communi-

cation virtuelle dans l'EVC au détriment de la communication gestuelle. Tout d'abord, les sujets ont mis en avant un élément primordial de la communication : la modalité virtuelle est importante (désignation par exemple). Des observations durant les phases expérimentales nous ont permis de constater
5 que ce moyen de communication est principalement utilisé pour des actions de désignation. Fournir des outils adaptés aux contraintes de la désignation en environnement complexe devient une nécessité.

Enfin, ces évaluations qualitatives ont permis de valider l'EVC proposé. Des améliorations sont cependant nécessaires en ce qui concerne le rendu visuel
10 et les interactions. De nombreux sujets ont par exemple demandé une mise en surbrillance du résidu survolé. Une assistance haptique pour la sélection est également une des améliorations possibles.

Bibliographie

[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 26, 33).

[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. page 37).

[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 26).

[DELALANDE *et al.* 2010]

DELALANDE, Olivier, Nicolas FERREY, 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 26, 28).

[FERREY *et al.* 2008]

FERREY, 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 '08. Washington, DC, USA : IEEE Computer Society, pages 125–132. ISBN : 978-1-4244-2047-6 (cf. page 28).

[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. page 37).

[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. page 26).

[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 37, 39).

[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. page 28).

[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 37, 39).

[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 '96. San Francisco, California, United States : IEEE Computer Society Press, pages 345–359. ISBN : 0-89791-864-9 (cf. page 27).

[PAVLOVIĆ *et al.* 1996]

PAVLOVIĆ, Vladimir I., Rajeev SHARMA et Thomas S. HUANG (oct. 1996). « Gestural interface to a visual computing environment for mo-

lecular biologists ». Anglais. Dans *IEEE International Conference on Automatic Face and Gesture Recognition*, page 30 (cf. page 27).

[POLYS *et al.* 2004]

- 5 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 27).

[SHAPIRO et WILK 1965]

- 10 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. page 37).

Chapitre 4

Déformation collaborative de molécule

Sommaire

5	4.1 Introduction	56
	4.2 Déformation collaborative en environnement vir- tuel	56
	4.2.1 Travaux existants	56
10	4.2.2 Objectifs	57
	4.3 Présentation de l'expérimentation	58
	4.3.1 Description de la tâche	58
	4.3.2 Spécificités du protocole expérimental	61
	4.4 Résultats	66
15	4.4.1 Amélioration des performances en binôme	66
	4.4.2 Évolution des performances en fonction de la com- plexité de la tâche	72
	4.4.3 Amélioration de l'apprentissage pour les binômes .	77
	4.4.4 Résultats qualitatifs	81
20	4.5 Synthèse	83
	4.5.1 Résumé des résultats	83
	4.5.2 Conclusion	83
25	Bibliographie	85

4.1 Introduction

Cette première expérimentation nous a permis d'étudier les premières PCVs que sont la *recherche* et la *sélection*. Afin de compléter notre étude du travail collaboratif dans un environnement virtuel complexe, nous souhaitons à présent nous intéresser à la PCV suivante : la *déformation*. En effet, on trouve déjà plusieurs environnements virtuels permettant de manipuler des molécules rigides afin d'effectuer de l'amarrage moléculaire comme les travaux de LEVINE *et al.* [1997] ou encore de FEREY *et al.* [2008]. Cependant, l'amarrage moléculaire s'effectue de manière optimale lorsqu'on a la possibilité de déformer les molécules. Ceci est rendu possible par l'avènement des simulations interactives en temps-réel, notamment avec IMD développé par STADLER *et al.* [1997]. Plus récemment, DELALANDE *et al.* [2009] ont également amené une pierre à l'édifice avec MDDRIVER puis ensuite avec l'utilisation d'interface haptique pour la manipulation et la déformation [DELALANDE *et al.* 2010].

Dans ce chapitre, nous allons étudier le processus de déformation d'une molécule. Nous souhaitons vérifier la pertinence de la configuration de travail collaborative pour appréhender la déformation d'une molécule. De plus, nous aborderons la question de l'apprentissage au sein d'un groupe. En effet, certains éléments de la première expérimentation semble indiquer qu'une configuration collaborative stimule l'apprentissage de la plate-forme, des outils ou encore de 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. SHEN *et al.* [2006] proposent déjà 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, PETERLÍK [2009] effectue une thèse sur les déformations de tissus cellulaires. Là encore, les éléments déformables sont de faibles complexité et n'ont quasiment pas d'application utile et concrète dans le monde réel.

Cependant, afin d'effectuer des déformations plus complexes, certains se sont intéressés aux processus de déformation collaboratifs dans les EVCs. SÜMEN-

GEN *et al.* [2007] proposent une plate-forme permettant la déformation de maillages destinés à des simulations d'objets déformables (tissus, organes, *etc.*) dans un EVC. Un des objectifs de cette plate-forme est de répondre aux contraintes de latence liées au réseau. Pour cela, il propose une architecture de type pair-à-pair basée sur le protocole UDP (*user datagram protocol* pour protocole de datagramme utilisateur). Aucune des données transmises n'est compressée mais l'expérimentation a lieu sur un réseau interne avec une bande passante importante. De son côté, TANG *et al.* [2010] propose une plate-forme client/serveur de déformation collaborative de maillages. Pour répondre à la problématique de la latence, il encode les paramètres du maillage pour accélérer la transmission. De plus, la plate-forme est capable de reconstruire partiellement le maillage lorsque des données ont été transmises de manière incomplète. MÜLLER *et al.* [2006] développe le logiciel CLAYWORKS, repris 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 afin de faciliter la coordination des différents acteurs sont brièvement évoquées.

Cependant, dans ces travaux, la collaboration se résume à déformer localement dans un environnement partagé puis mettre à jour en temps-réel le rendu visuel de tous les participants en tenant compte des actions de chacun. La collaboration n'est pas mise en avant : c'est surtout un prétexte pour la validation d'une plate-forme distribuée adaptée pour le retour haptique. En effet, tous les EVCs proposés sont consacrés à la collaboration distante (bien que les travaux de SÜMENGEN *et al.* [2007] n'aient été testés que sur une réseau interne) et la problématique d'un échange de données en temps-réel est l'une des principales problématiques traitée.

4.2.2 Objectifs

Ce chapitre sera l'occasion d'aborder les problématiques de la déformation avec une configuration collaborative. La déformation est une tâche nécessitant plus de précision que la recherche. Nous souhaitons ainsi comparer les performances sur une tâche complexe nécessitant de la coordination.

La comparaison opposera des monômes en configuration bimanuelle à des binômes en configuration monomanuelle. En effet, la première étude nous a montré les contraintes d'une configuration collaborative en terme de temps de communication. Paradoxalement, les utilisateurs qui manipulent seuls sont confrontés à une charge cognitive de travail importante. En fournissant les mêmes ressources (deux outils de déformation), nous souhaitons comparer la

capacité de coordination d'un binôme aux capacités cognitives de traitement d'un monôme face à une importante charge de travail. Nous supposons que les binômes en configuration monomanuelle soient plus performants que les monômes en configuration bimanuelle.

- 5 Dans un second temps, nous souhaitons tisser un lien entre la complexité de la tâche et le nombre de sujets concernant les performances finales. En effet, les tâches complexes fournissent une charge cognitive de travail très importante ; plus cette charge de travail est importante et plus les monômes risquent de ne pas être capables d'appréhender cette charge. Notre hypothèse
10 estime que les tâches les plus complexes seront quasiment inaccessibles aux monômes.

Enfin, cette seconde étude est l'occasion 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
15 fois. Nous supposons que la motivation et l'échange qui naît d'un travail en groupe 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

- 20 La tâche proposée est la déformation dans un EVC sur des molécules complexes. L'objectif est de modifier la conformation initiale d'une molécule pour atteindre une conformation finale. En effet, la recherche d'un état stable est exactement ce qu'une tâche de amarrage moléculaire cherche à réaliser. De plus, la déformation est une tâche permettant de stimuler les actions de coordination les outils de déformation ne permettant pas certaines manipulations.
25

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 137.

- 30 Afin de pouvoir évaluer la déformation effectuée, un score est affiché en temps-réel (voir figure 4.1 page ci-contre). Le score affiché est le *Root Mean Square Deviation* (RMSD) qui permet de mesurer la différence entre deux déformations d'une même molécule en calculant la différence entre chaque paire

d'atomes (voir équation 4.1).

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

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

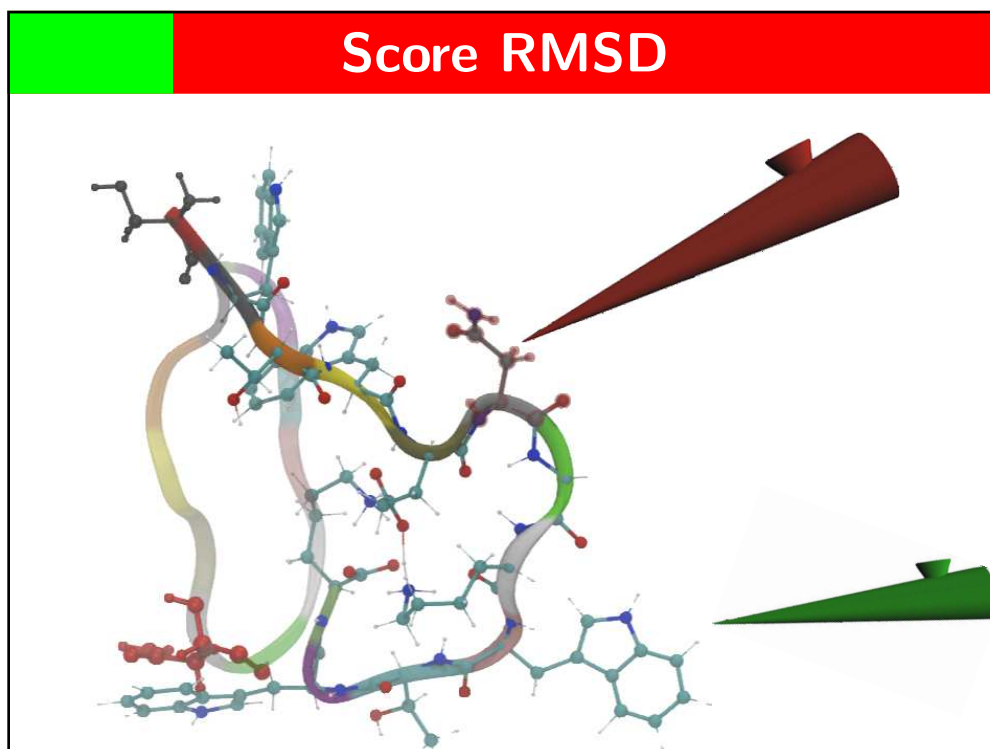


Figure 4.1 – Affichage de la molécule à déformer et de la molécule cible

5 Description des scénarios

Quatre scénarios sont proposés avec deux molécules expérimentées dans deux niveaux de manipulation différents. Les deux niveaux différents de manipulation sont :

- inter-moléculaire (à l'échelle d'un résidu) pour un niveau de déformation avec une granularité élevée ;
- intra-moléculaire (à l'échelle d'un atome) pour un niveau de déformation avec une granularité fine.

Les paragraphes qui vont suivre décrivent les quatre scénarios basés sur les critères de complexité suivants :

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

5 **Résidu libre** C'est le nombre de résidus de la molécules non fixés dans la simulation ;

Cassure Ce sont des angles dans la chaîne principale de la molécule ; elles représentent les jonctions entre hélices- α et/ou les feuillets- β et nécessitent deux points d'accroche pour être reformées ;

10 **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*).

Scénario 1A Cette tâche concerne la manipulation de la molécule TRP-ZIPPER à l'échelle inter-moléculaire. Un résidu à l'extrémité – la molécule
15 formant une chaîne – est fixé afin d'*ancrer* la molécule dans la scène virtuelle et éviter d'éventuelles dérives hors du champ visuel. L'intégralité des onze autres résidus est libre de mouvement ce qui en fait une molécule assez malléable avec un champ de force moyennement contraint. La forme général de la molécule peut être comparée à un **V** : la chaîne de résidus de la molé-
20 cule 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
25 résidu fixe à une extrémité. L'intégralité des dix neuf autres résidus est libre de mouvement ce qui en fait une molécule assez malléable 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
30 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 tous 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
35 reformer. 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 donc 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 tous 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 pour réussir cette déformation est importante. Cette déformation ne peut être réalisée qu'avec la manipulation simultanée et coordonnée de deux résidus : ceci permet de recréer la cassure.

Un résumé de la complexité des quatre tâches est exposé dans la table 4.1 selon les critères suivants :

Table 4.1 – Paramètres de complexité des tâches

Scénario	1A	1B	2A	2B
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 la dispositif expérimental présenté dans le chapitre A page 135, a subi quelques modifications qui seront détaillées dans les sections suivantes. Un résumé de la methode expérimentale se trouve dans la table 4.2 page 68 qu'on pourra retrouver de manière détaillée dans la section B.2 page 148.

Matériel

Pour cette seconde expérimentation, une unique modification a été effectuée par rapport à la plate-forme de base (voir section A.1 page 136). En effet, suite à la première expérimentation, nous avons beaucoup remis en cause la présence de l'outil de manipulation. Cet outil permettant de modifier l'orientation de la molécule est nécessaire. Cependant, la forme sous laquelle il est

présenté n'est pas idéale. L'outil de manipulation *grab* a posé quelques problèmes manifestes d'interaction à certains sujets qui ne réussissaient pas à s'approprier cet outil.

Après quelques échanges avec un bio-informaticien, il est apparu qu'une souris 3D serait un outil plus approprié qu'une interface haptique. En effet, le périphérique haptique possède des contraintes mécaniques qui ne permettent pas des rotations complètes ce qui amène à des problématiques connues d'interaction avec les objets virtuels : le débrayage [DOMINJON 2006]. La souris 3D ne souffre pas d'une telle contrainte et peut ainsi être proposée comme outil de manipulation en alternative à l'interface haptique associée à l'outil *grab*. Une souris 3D SpaceNavigator® est placée sur la table entre les deux sujets. Aucune consigne particulière n'est donnée sur l'utilisation de cet outil et chaque sujet peut l'utiliser au moment où il le souhaite : nous créons ainsi artificiellement un point de conflit pour l'accès à cet outil afin de stimuler les interactions.

En ce qui concerne l'utilisation des outils de déformation, chaque sujet d'un binôme possède à sa disposition un outil de déformation. Pour les monômes, le sujet peut utiliser les deux outils de déformation en configuration bimanuelle. Dans ce cas, il est forcé de lâcher un des deux outils afin d'utiliser la souris 3D. Pour des raisons d'équité entre les monômes et les binômes, l'utilisation de la souris 3D désactive toute sélection effectuée avec tous les outils de déformation.

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

Visualisation

Pour cette seconde expérimentation, quatre scénarios sont proposés et présentés dans la section 4.3.1 page 59. Ces molécules sont représentées avec les rendus graphiques de base (CPK et *NewRibbon*). Cependant, la tâche nécessite d'avoir à disposition la molécule dans son état stable. Ces molécules ne peuvent pas être représentées avec tous leurs atomes pour deux raisons. Tout d'abord, l'intégralité des atomes serait une surcharge du rendu visuel. De plus, la précision de la déformation ne nécessite pas la présence des atomes. C'est pourquoi, la molécule dans son état stable sera affichée seulement avec un rendu *NewRibbon*, en transparence pour rester discret.

Des images représentant les différents scénarios dans leurs états initiaux sont présentées. Les scénarios inter-moléculaires 1A et 1B sont respectivement représentés sur la figure 4.4 page 64 et la figure 4.5 page 65. Les scénarios

4.3. Présentation de l'expérimentation

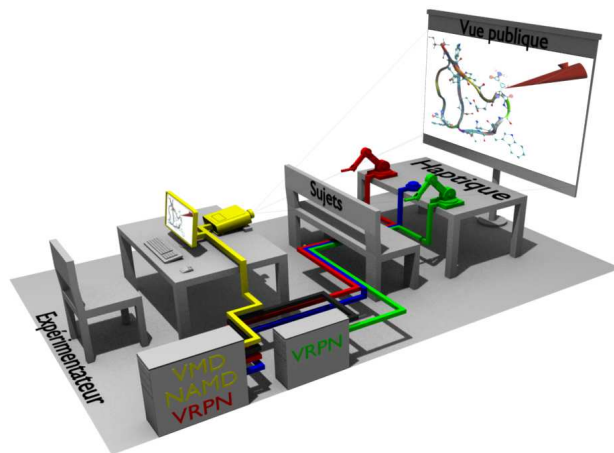


Figure 4.2 – Schéma du dispositif expérimental

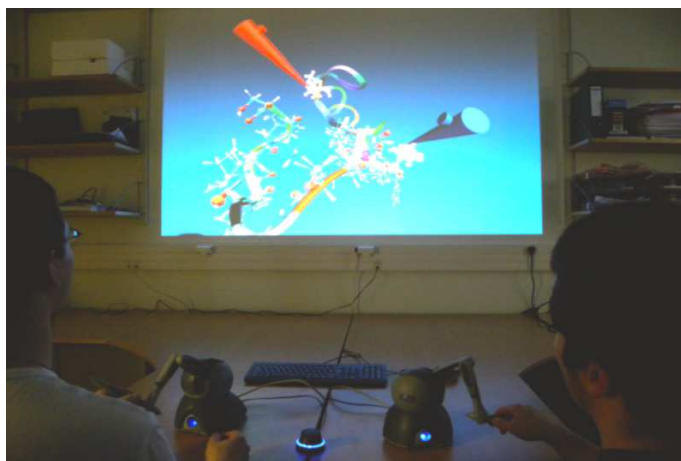


Figure 4.3 – Photographie du dispositif expérimental

intra-moléculaires 2A et 2B sont respectivement représentés sur la figure 4.6 page ci-contre et la figure 4.7 page 66.

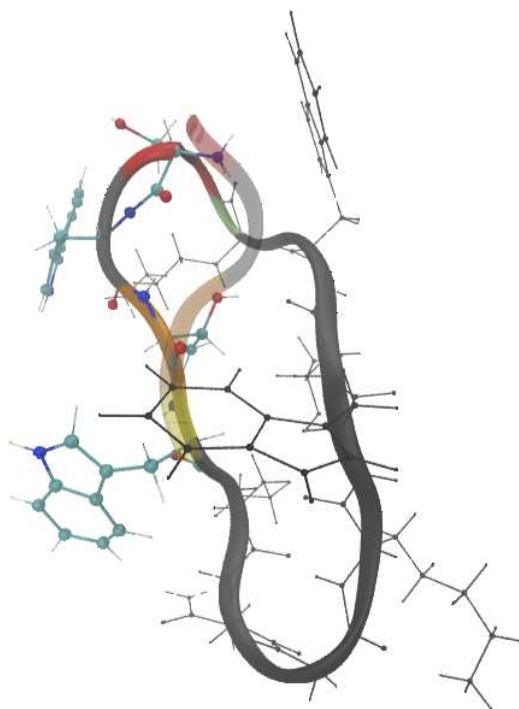


Figure 4.4 – Représentation de la molécule TRP-ZIPPER pour le scénario 1A

Outils de manipulation

Concernant l’outil d’orientation de la molécule, maintenant assuré par une
5 souris 3D, une légère modification a été effectuée. Grâce au choix du matériel capable de différencier aisément les opérations de translation et les opérations de rotation, nous avons choisi de ne conserver que les DDLs en rotation. En effet, la molécule n’a pas vraiment besoin d’être déplacée à l’écran et c’est surtout la possibilité d’orienter la molécule qui est nécessaire aux sujets.
10 Ceci permet également d’éviter des molécules qui sortent de l’espace visuel des sujets (l’écran) à cause d’une mauvaise manipulation. De plus, ce choix permet d’enlever une part de la charge cognitive des sujets.

En ce qui concerne les outils de déformation, quelques modifications concernant le rendu visuel ont été effectuées. La tâche consiste à reconstituer une
15 molécule dans son état d’équilibre. Pour assister les sujets, nous avons déjà vu qu’un rendu visuel en transparence de la molécule dans son état stable est affichée à l’écran. Pour augmenter l’aide visuelle apportée, nous allons



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

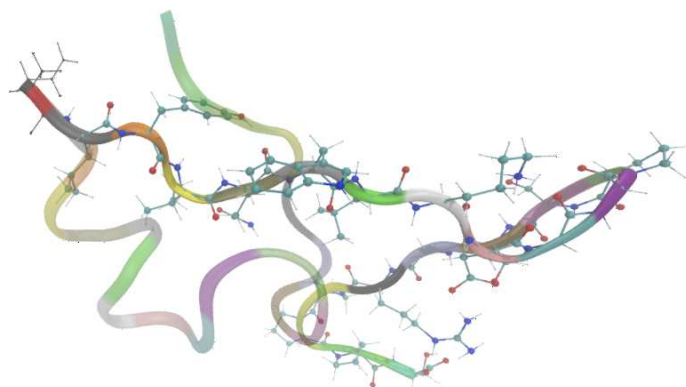


Figure 4.7 – Représentation de la molécule TRP-CAGE pour le scénario 2B

également indiquer l'emplacement final d'un résidu sélectionné. En effet, dès qu'un sujet sélectionne un résidu, ce résidu est mis en surbrillance. Le résidu correspondant sur la molécule stable est également mis en surbrillance comme expliqué sur la figure 4.8 page ci-contre. Le résidu de la molécule stable est représenté par un rendu CPK avec des atomes grossis et coloré de la couleur du curseur du sujet concerné.

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

4.4.1 Amélioration des performances en binôme

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

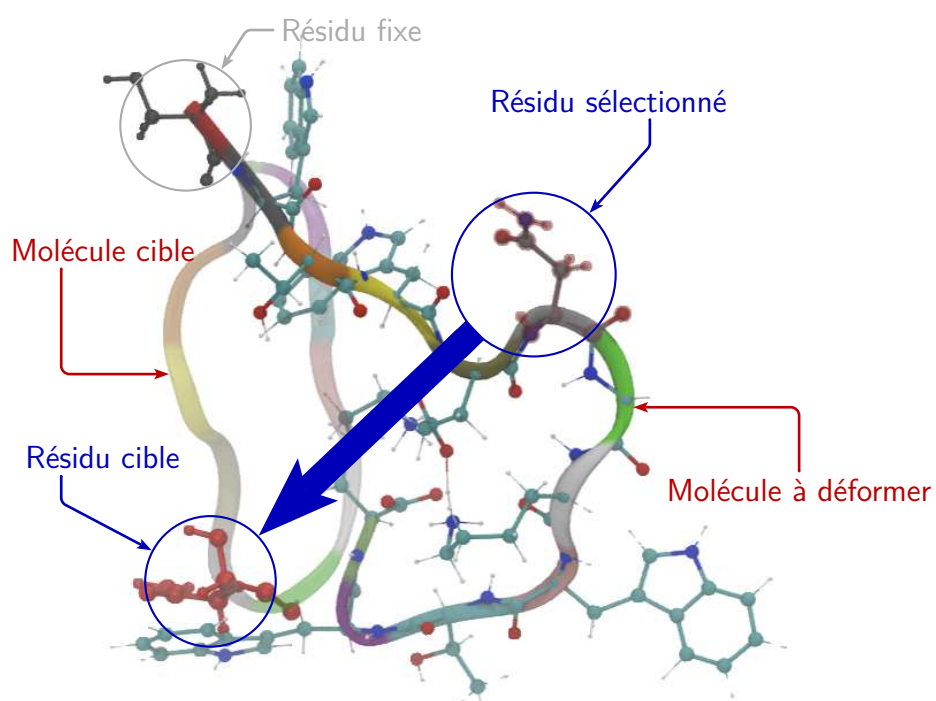


Figure 4.8 – Illustration des rendus pour l’affichage de la molécule

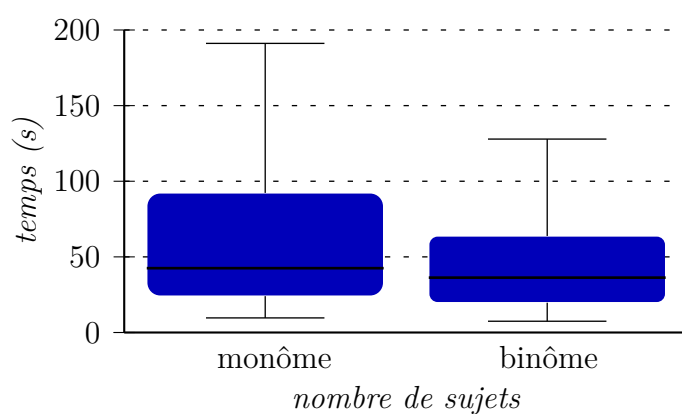


Figure 4.9 – Temps de réalisation en fonction du nombre de sujets

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	
Variable in-dépendantes	\mathcal{V}_{i1}	Nombre de sujets	
	\mathcal{V}_{i2}	Complexité de la tâche	
	\mathcal{V}_{i3}	Niveau d'apprentissage	
Variable 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	
Condition \mathcal{C}_1	Condition \mathcal{C}_2	Condition \mathcal{C}_3	Condition \mathcal{C}_4
1 sujet Bimanuel	1 sujet Bimanuel	2 sujets Collaboratif	2 sujets Collaboratif
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

nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} ($\chi^2 = 4.9$, $df = 1$, $p = 0.027$).

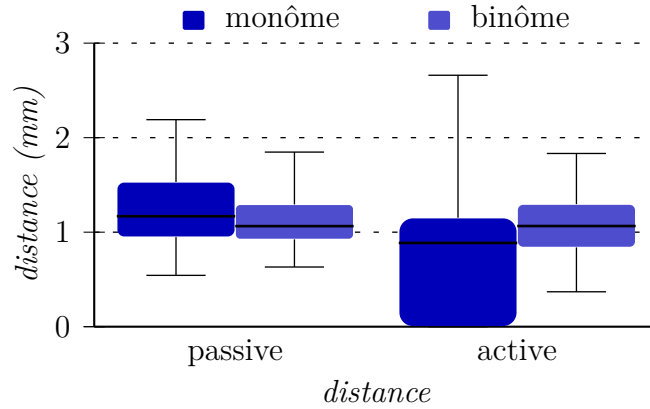


Figure 4.10 – Distance passive et active entre les effecteurs terminaux en fonction du nombre de sujets

La figure 4.10 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 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} ($\chi^2 = 21.6$, $df = 1$, $p \ll 0.05$).

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 ($\chi^2 = 42.6$, $df = 1$, $p \ll 0.05$). Par contre, l'analyse ne montre pas d'effet significatif de la nature de la distance (passive ou active) au sein d'un binôme ($\chi^2 = 2.5$, $df = 1$, $p = 0.114$).

La figure 4.11 page suivante 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. On constate un déséquilibre du nombre de sélections entre la main dominante et la main dominée pour les monômes. L'analyse montre qu'il y a un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le nombre total de sélections (somme des mains dominante et dominée pour les monômes) \mathcal{V}_{d2} ($\chi^2 = 6.3$, $df = 1$, $p = 0.012$).

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

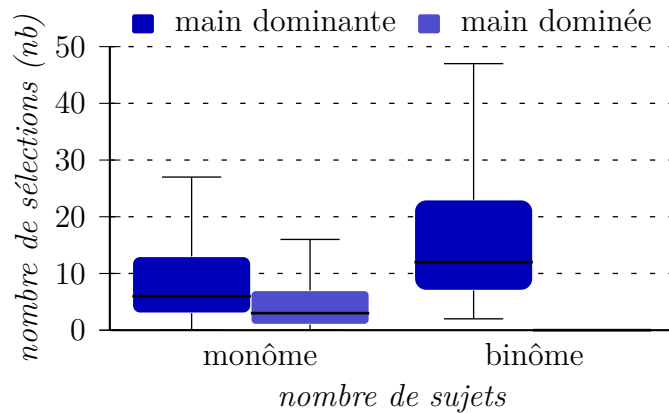


Figure 4.11 – Nombre de sélections par main dominante/dominée en fonction du nombre de sujets

nombre moyen de sélections par sujet (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 de la main dominante \mathcal{V}_{d2} ($\chi^2 = 0$, $df = 1$, $p = 0.912$).

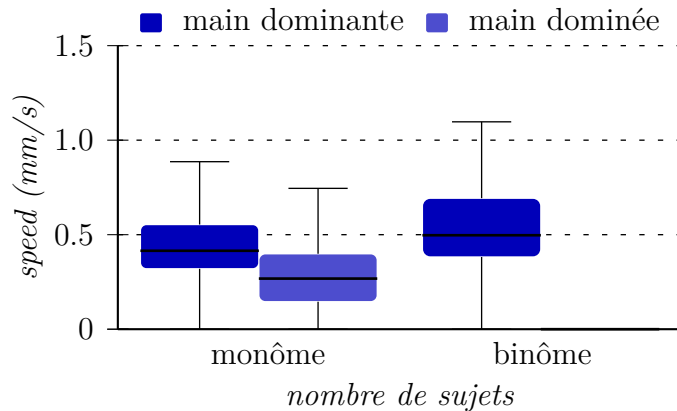


Figure 4.12 – Vitesse moyenne de la main dominante et dominée en fonction du nombre de sujets

La figure 4.12 présente la vitesse moyenne des effecteurs terminaux \mathcal{V}_{d5} des effecteurs terminaux 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} ($\chi^2 = 122.6$, $df = 1$, $p \ll 0.05$). L'analyse montre un déséquilibre de vitesse moyenne entre la main dominante et dominée des monômes avec un effet significatif ($\chi^2 = 51.1$, $df = 1$, $p \ll 0.05$). 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 ($\chi^2 = 23$, $df = 1$, $p \ll 0.05$).

Analyse et discussion

Le premier résultat sur la figure 4.9 page 67 nous permet de confirmer notre hypothèse \mathcal{H}_1 : les binômes sont plus performants que les monômes. Cependant, la suite de l'analyse va permettre de mettre en avant les paramètres
 5 précis pour lesquels il y a un gain de performances ainsi que les scénarios les plus adaptés à cette configuration de travail.

Pour commencer, les distances moyennes entre les effecteurs terminaux nous permet d'observer un déséquilibre de performances entre les monômes et les binômes (voir figure 4.10 page 69). En effet, la distance passive entre
 10 les effecteurs terminaux (distance moyenne sur toute la durée de la tâche) est plus importante pour les monômes que pour les binômes. Cependant, la distance active (seulement lorsque les deux effecteurs terminaux sont en phase de sélection) montre un effet inverse. En effet, la manipulation bimanuelle (pour les monômes) constitue une charge de travail cognitive importante.
 15 Le sujet doit alors être capable de gérer deux effecteurs terminaux à chaque instant. Cette configuration a mené la plupart des sujets à utiliser seulement un 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. Ceci a pour effet
 20 d'augmenter la distance passive moyenne. Cependant, la distance est censée représenter l'espace de travail couvert au sein de l'environnement virtuel. Dans ce cas, elle est incorrecte car bien que la distance soit importante, elle ne représente pas un espace de travail étant donné que le deuxième effecteur terminal n'est pas utilisé.
 25 La distance active permet d'éviter ce biais de mesure. En effet, cette mesure ne prend pas en compte les phases d'inactivité d'un effecteur terminal. On constate alors que les binômes couvrent un plus grand espace de travail. Les monômes couvrent un espace de travail plus restreint car ils peuvent focaliser visuellement sur une seule zone de travail à la fois. Par conséquent, les deux
 30 effecteurs terminaux se trouvent toujours proche de la zone de manipulation, dans la zone de focus du sujet.

La figure 4.11 page précédente 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
 35 en monôme n'exploite pas pleinement les deux outils en sa possession : la charge de travail cognitive est trop importante. En effet, la Théorie des Ressources Multiples (TRM) [WICKENS 1984] estime 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, l'outil associé à la main dominante est gêné par la configuration
5 bimanuelle. En effet, l'analyse montre une différence significative entre la vitesse moyenne de la main dominante des monômes et celle des binômes. 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 alternatives entre
10 les outils ce qui explique une vitesse moyenne plus basse.

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 cognitive à assumer avec deux outils est trop importante.
15 Cette difficulté a pour effet de fortement dégrader le taux d'utilisation d'un des deux outils. 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 (outils de manipulation dans notre cas) entre différents participants : la configuration bimanuelle apporte une charge de
20 travail cognitive trop importante.

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

Données et statistiques

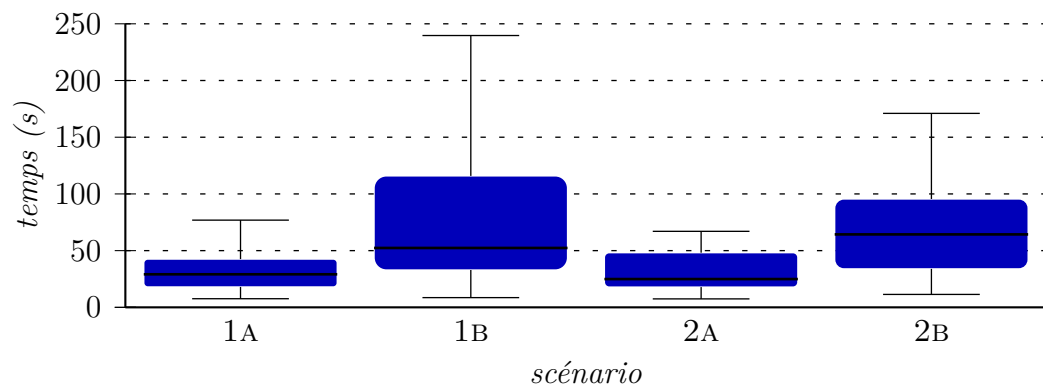


Figure 4.13 – Temps de réalisation des scénarios

La figure 4.13 page ci-contre présente le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} en fonction de la complexité de la tâche \mathcal{V}_{i2} (temps cumulé des monômes et des binômes). 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
 5 MANN et WHITNEY [1947] avec une correction de HOLM [1979] permet de trier les scénarios en deux classes de complexité : $\{1A, 2A\}$ et $\{1B, 2B\}$.

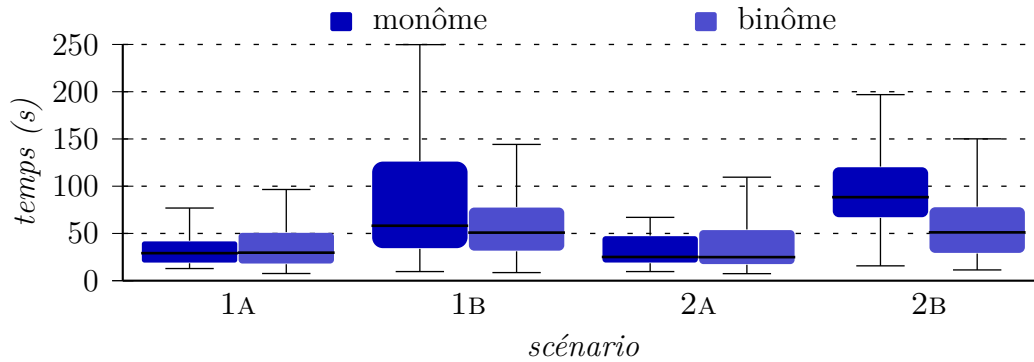


Figure 4.14 – Temps de réalisation des scénarios en fonction du nombre de sujets

La figure 4.14 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
 10 nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} pour les scénarios 1A 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 ($\chi^2 = 10.4$, $df = 1$, $p = 0.001$).

La figure 4.15 page suivante présente le nombre de sélections \mathcal{V}_{d2} des différents
 15 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 ($\chi^2 = 11.5$, $df = 1$, $p \ll 0.05$). 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}
 20 pour les scénarios 1B et 2B ($\chi^2 = 0.4$, $df = 1$, $p = 0.504$).

La figure 4.16 page suivante 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
 25 et 2A ($\chi^2 = 6.3$, $df = 1$, $p = 0.012$) mais pas d'effet significatif sur les scénarios 1B et 2B ($\chi^2 = 1.6$, $df = 1$, $p = 0.207$). Cependant, on constate un

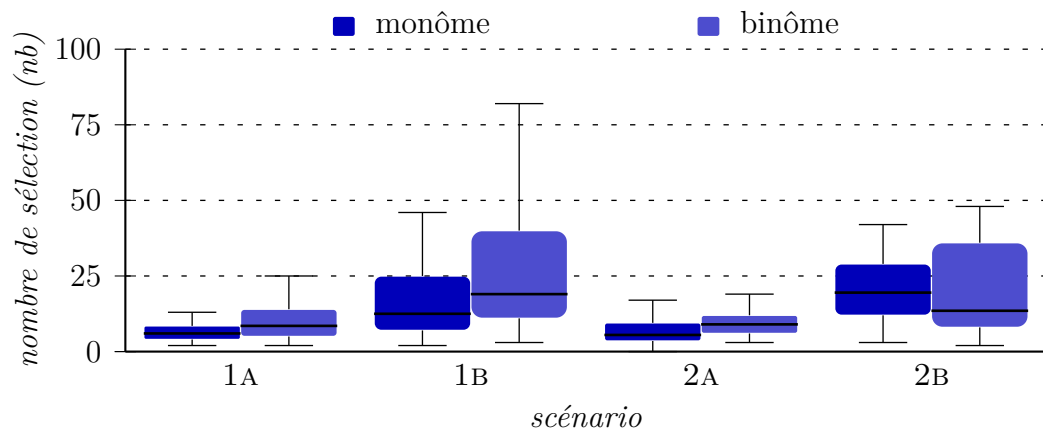
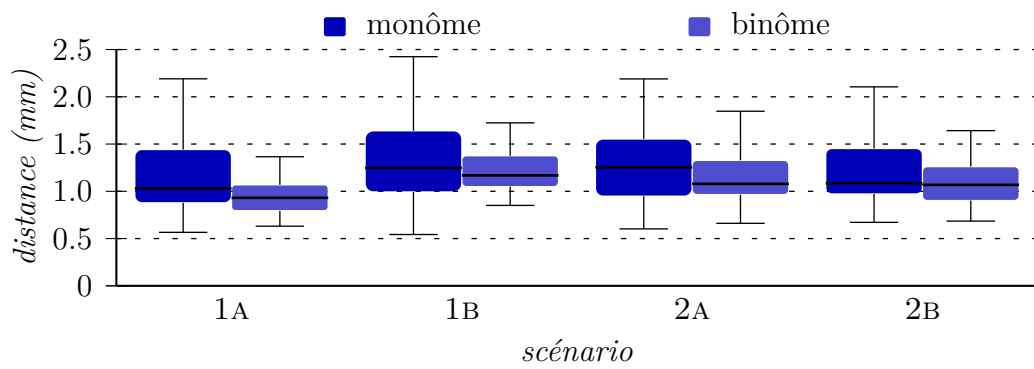
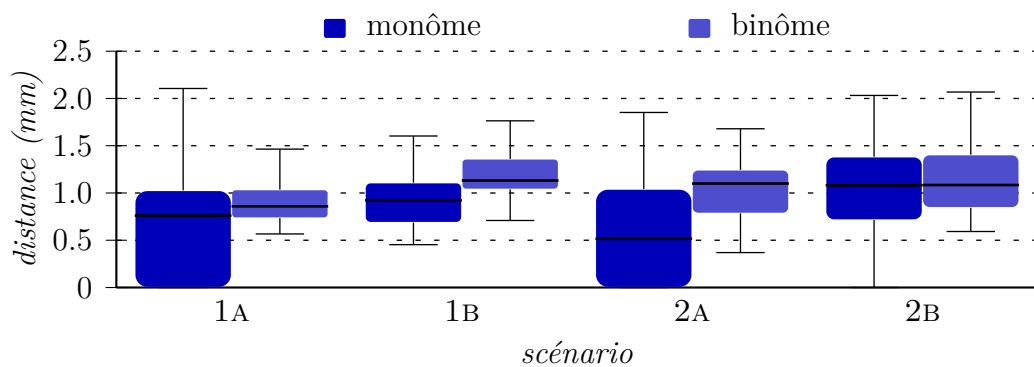


Figure 4.15 – Nombre de sélections de chaque scénario en fonction du nombre de sujets



(a) Distance passive



(b) Distance active

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

effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la distance active \mathcal{V}_{d4} pour les scénarios 1A et 2A ($\chi^2 = 17.3$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) ainsi que sur les scénarios 1B et 2B ($\chi^2 = 9.7$, $df = 1$, $p = 0.002$).

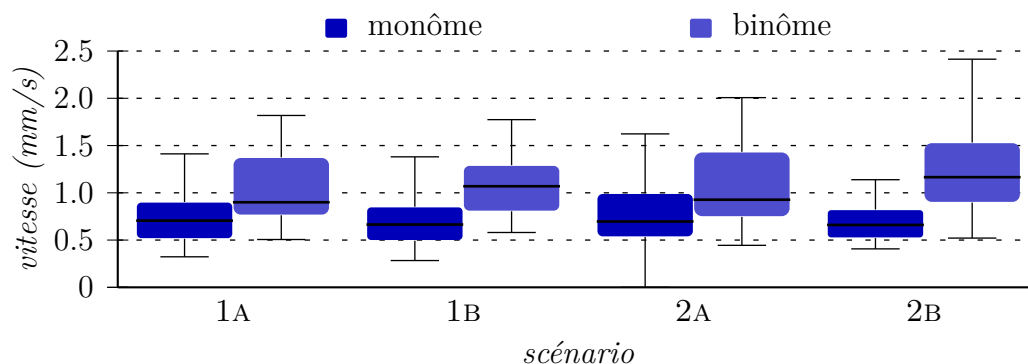


Figure 4.17 – Vitesse moyenne sur chaque scénario en fonction du nombre de sujets

La figure 4.17 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 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 ($\chi^2 = 32.2$, $df = 1$, $p \ll 0.05$). 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 ($\chi^2 = 72.5$, $df = 1$, $p \ll 0.05$).

Analyse et discussion

L'analyse du temps de réalisation des différentes tâches ainsi que la table 4.1 page 61 nous permet de classer ces tâches par niveau de complexité : les scénarios 1A et 2A sont 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 libres. 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 73, on constate que l'apport du travail collaboratif n'est vrai que dans le cas des tâches complexes. La contrainte des tâches complexes réside dans la nécessité d'avoir recours aux deux outils pour achever la tâche. 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. Sur la base des résultats de la section précédente (voir section 4.4.1 page 66), les monômes ont tendance à délaiss
le deuxième outil à cause de la forte charge cognitive qu'ajoute la configu
5 ration bimanuelle. L'outil délaissé augmente 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 les monômes que la
complexité de ces scénarios n'a pas nécessité une manipulation bimanuelle et
10 que la tâche a pu être achevée avec un seul outil de déformation. Il y a donc
peu d'intérêt d'effectuer ces tâches peu complexe en collaboration puisqu'il
n'y a aucune amélioration significative des performances bien que le nombre
de ressources utilisées (les outils de déformation) soit doublé.

Cependant, pour les scénarios complexes, l'analyse ne montre pas de diffé
15 rence 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 cognitive importante que cela représente pour les monômes, la tâche
est réalisée à l'aide des deux outils (configuration bimanuelle). Dans ce cadre,
la configuration monomanuelle adoptée par les binômes permet de meilleures
20 performances comme le montre les analyses pour une distance active simi
laire. En effet, l'espace de travail couvert par les monômes est identique à
celui des binômes mais leur incapacité à traiter cognitivement cette charge
supplémentaire de travail les rend moins performants.

L'analyse du nombre de sélections vient appuyer ces conclusions. En effet, les
25 monômes effectuent moins de sélections que les binômes dans la réalisation
des scénarios simples. Cependant, on comptabilise un nombre de sélections
similaires entre les monômes et les binômes dans les scénarios complexes.

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
30 tâche. En effet, sur des tâches de faible complexité, les monômes obtiennent
de bonnes performances (même en configuration monomanuelle) alors que les
binômes souffrent de conflits de coordination : les performances sont simi
laires. Cependant, dans le cas de tâche complexes, les conflits de coordination
ne sont pas suffisamment pénalisants et la collaboration permet d'obtenir de
35 meilleures performances que le travail seul. Dans la section précédente, nous
avons montré que la configuration bimanuelle ne permet pas d'égaliser les per
formances 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

Données et statistiques

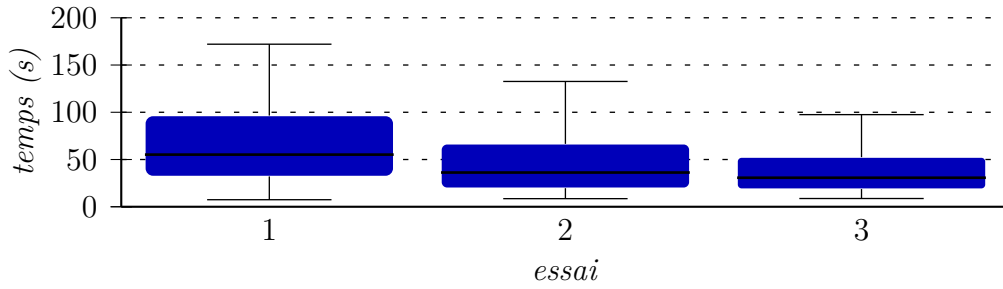


Figure 4.18 – Temps de réalisation de chaque essai

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 ainsi qu'entre le deuxième essai et le troisième.

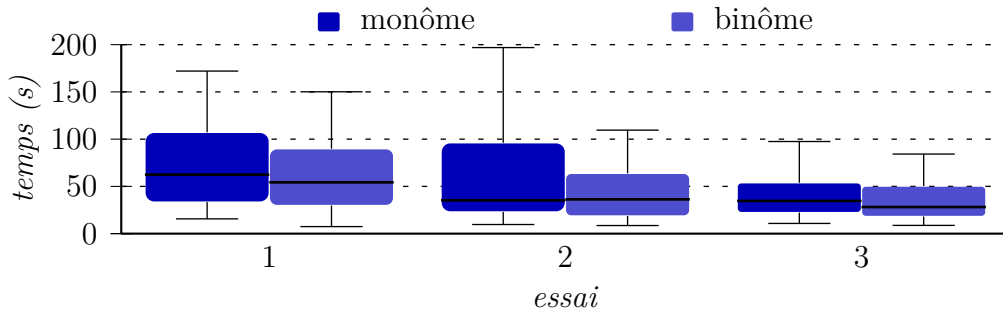


Figure 4.19 – Temps de réalisation de chaque essai en fonction du nombre de sujets

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 ($\chi^2 = 2.5$, $df = 1$, $p = 0.115$).

De plus, 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 seulement à partir de dernier essai pour les monômes alors que l'évolution est significative dès le deuxième essai pour les binômes.

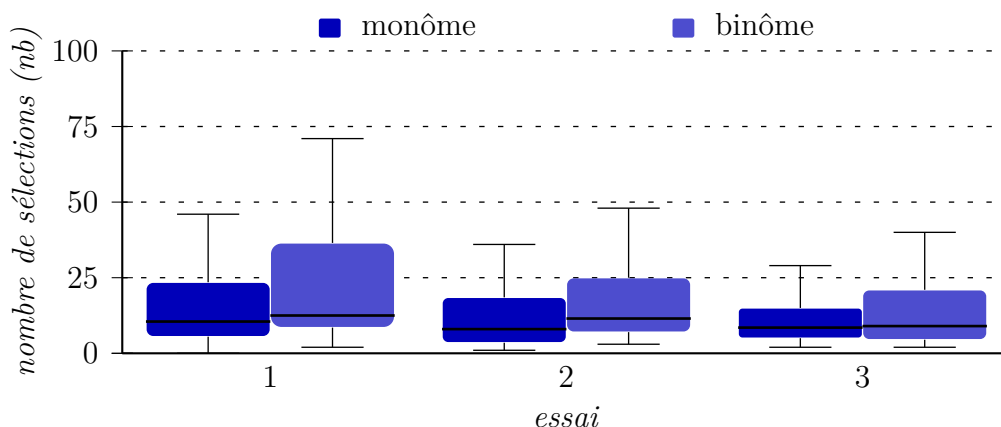


Figure 4.20 – Nombre de sélections de chaque essai en fonction du nombre de sujets

- 5 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
- 10 nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur le nombre de sélections \mathcal{V}_{d2} pour le deuxième essai ($\chi^2 = 3.8$, $df = 1$, $p = 0.05$).

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

15 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.

La figure 4.21 page ci-contre présente la distance active \mathcal{V}_{d4} des différents

20 essais \mathcal{V}_{i3} en fonction du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} . La distance passive n'a pas été prise en considération étant donné le biais de mesure décrit dans la section 4.4.1 page 66. L'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la distance active \mathcal{V}_{d4} pour le premier essai ($\chi^2 = 21.4$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) et pour le deuxième essai ($\chi^2 = 8.5$, $df = 1$, $p = 0.004$) mais pas

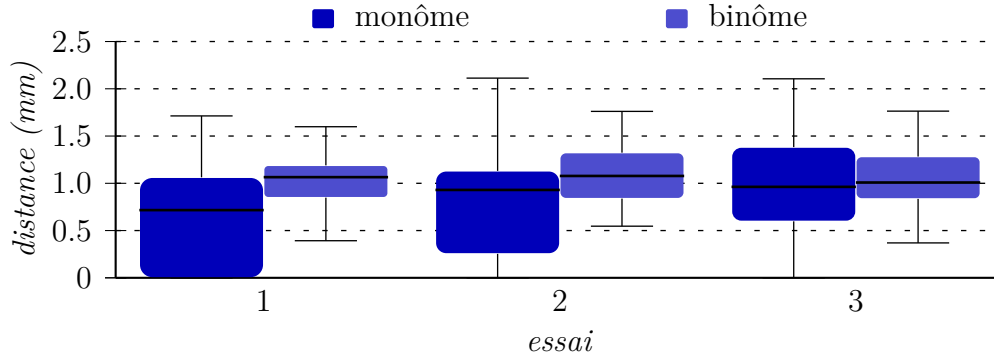


Figure 4.21 – Distance active entre les effecteurs terminaux pour chaque essai en fonction du nombre de sujets

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 évolution significative entre le premier essai et le troisième essai.

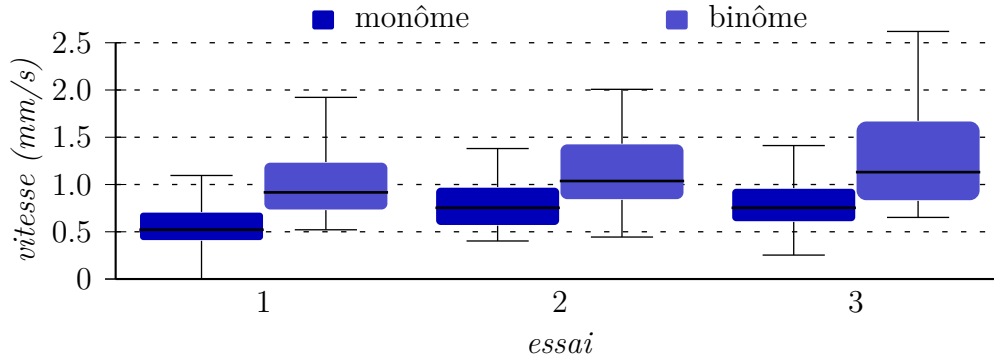


Figure 4.22 – Vitesse moyenne pour chaque essai en fonction du nombre de sujets

La figure 4.22 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 ($\chi^2 = 50$, $df = 1$, $p \ll 0.05$), le second essai ($\chi^2 = 25.6$, $df = 1$, $p \ll 0.05$) et le troisième essai ($\chi^2 = 33.1$, $df = 1$, $p \ll 0.05$).

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
 5 (monôme et binôme) une augmentation significative après le premier essai.

Analyse et discussion

L'observation des temps de réalisation de la tâche (voir figure 4.18 page 77) 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
 10 de sujets sur la figure 4.19 page 77 apporte cependant un point important : les binômes améliorent plus rapidement leurs performances que les monômes. En effet, on constate une amélioration franche 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
 15 performances chez les binômes suggère un apprentissage plus rapide de la tâche, des outils et de tous les éléments de la plate-forme¹.

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
 20 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 de manière significative. 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
 25 sélections de la main dominante) tout conservant un nombre de sélections relativement constant (par une augmentation du nombre de sélections de la main dominée).

On observe clairement l'apprentissage progressif du deuxième outil mis à disposition des monômes dans la figure 4.21 page précédente. Alors que l'es-
 30 pace 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 cognitive importante que représente la manipulation bimanuelle [WICKENS 1984] : avec l'apprentissage, les monômes sont
 35 capables de gérer un espace de travail de plus en plus grand. Le potentiel du

1. On observe une amélioration des performances par apprentissage mais rien ne permet de distinguer quel aspect de la tâche a été intégrée le plus vite.

deuxième outil n'est pas ignoré et il est utilisé (avec la main dominée) comme un moyen de fixer un résidu déjà déplacé 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. Les monômes ont la capacité d'adopter une stratégie plus adaptée à la situation car aucune limite de surcharge cognitive ne contraint les sujets.

En ce qui concerne les vitesses moyennes, les monômes comme les binômes s'améliorent en manipulant plus rapidement. Cependant, les binômes restent nettement plus rapides que les monômes. Cette amélioration peut être mise en relation avec l'amélioration des temps de réalisation : la tâche est réalisée plus rapidement car les sujets manipulent plus rapidement.

Dans cette section, nous avons mis en évidence les améliorations en terme d'apprentissage pour les configurations collaboratives sans distinction sur les aspects de l'apprentissage (plate-forme, outils, tâche, *etc.*). En effet, les binômes atteignent des performances optimales rapidement tandis que les monômes ont besoin de plus de temps 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 mutualiser les aptitudes de chacun pour créer une vraie dynamique de groupe. La configuration bimanuelle offre une alternative de manipulation aux monômes avec une surcharge de travail trop importante : l'apprentissage est plus difficile. De plus, les monômes ont probablement atteint les limites de la charge cognitive maximum supportée avec cette configuration : l'ajout de nouvelles fonctionnalités serait probablement inefficace (contrairement aux binômes).

4.4.4 Résultats qualitatifs

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

Tout d'abord, la grande majorité des sujets travaillant en binôme se sont trouvés utiles dans cette tâche de collaboration ($\mu = 3.1$, $\sigma = 0.8$)². Ce résultat élevé permet de vérifier que les sujets ne se sentent pas mis de côté et participent activement à la réalisation de la tâche. Cette collaboration peut se traduire par une participation active à la déformation ou par une participation plutôt passive (échanges verbaux, conseils, remarques, *etc.*).

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

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 biaisée.

5 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.

10 L'évaluation de la communication confirme ce qui a été observé dans la précédente expérimentation (voir section 3.4.3 page 48). En effet, 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 n'utilisaient quasiment pas la modalité virtuelle ($\mu = 0.9$, $\sigma = 1$) et encore moins la modalité gestuelle ($\mu = 0.3$,
15 $\sigma = 0.6$) pour communiquer. La communication verbale étant la plus naturelle, il n'est pas étonnant d'obtenir un tel score. De la même façon, la communication gestuelle est compliquée étant donné que les sujets sont en train de manipuler une interface haptique. De plus, leur vision se focalise principalement sur le déroulement de la tâche à l'écran mais pas sur le partenaire
20 ce qui laisse peu de place à la communication gestuelle. Cependant, les sujets estiment ne pas souvent avoir recours aux communications virtuelles. Cette modalité de communication offre des possibilités intéressantes puisqu'elle est intégrée à l'environnement de travail et matérialisée principalement par le curseur. L'expérimentation ne proposant aucune fonctionnalité particulière
25 permettant d'exploiter cette modalité de communication explique probablement ce faible taux d'utilisation. La dernière expérimentation (voir chapitre 6 page 113) 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.
30 Le questionnaire propose aux sujets d'évaluer une configuration pour laquelle ils n'ont pas testés. La configuration monomanuelle en monôme (qui n'a pas été testée) 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
35 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 majorité des sujets semble préférer la configuration collaborative.

4.5 Synthèse

4.5.1 Résumé des résultats

Dans cette seconde expérimentation, nous avons comparé et étudié les performances de monômes et de binômes sur une tâche de déformation avec un nombre identique de ressources. De plus, nous avons cherché à observer l'apport de la configuration collaborative sur l'apprentissage sur les performances. L'objectif était de placer la configuration collaborative dans un contexte de déformation avec de nouvelles contraintes par rapport aux tâches de recherche et de sélection.

Il a été montré qu'avec un nombre de ressources déterminées (un outil de manipulation et deux outils de déformation dans notre cas), il est préférable de les répartir sur plusieurs sujets. Cette répartition des ressources permet une meilleure distribution cognitive des charges de travail. En effet, la charge cognitive 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 bonne que celle d'un seul manipulateur en configuration bimanuelle. On notera tout de même que les sujets semblent 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. En effet, l'apprentissage est catalysé par la communication et les échanges entre les sujets. La complexité de la tâche ainsi que de la plateforme (rendu visuel, outils, *etc.*) nécessite un apprentissage important. L'apprentissage accéléré provoqué par une configuration collaborative est donc un avantage permettant d'appréhender plus rapidement la tâche à réaliser.

4.5.2 Conclusion

Cette expérimentation nous a permis de comparer une configuration collaborative à une configuration bimanuelle possédant chacune le même nombre de ressources. Nous avons vu les avantages d'une configuration collaborative avec des binômes. L'étape suivante sera l'étude du travail collaboratif sur des

groupes de plus de deux sujets. Ceci devrait permettre d'augmenter encore le potentiel cognitif du groupe.

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

L'ajout de sujets supplémentaires va probablement générer des dynamiques de groupes qui n'avait pas de raison d'exister au sein d'un binôme. Cette
10 troisième étude permettra l'observation des dynamiques et de les caractériser. L'objectif sera de détecter les limites et les contraintes afin de pouvoir fournir des outils pour répondre aux problématiques soulevées.

Cette deuxième expérimentation a également permis de remettre en cause la pertinence d'une manipulation en configuration bimanuelle. D'après les
15 analyses, la charge cognitive qu'apporte la gestion d'un deuxième outil de déformation est trop importante. Cependant, l'outil de déformation est relativement complexe à appréhender. Il ne faut donc pas exclure la possibilité de fournir un outil simple et un outil complexe pour une manipulation en configuration bimanuelle. Nous verrons que la configuration de la dernière
20 étude (voir chapitre 6 page 113) 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 la modalité virtuelle. La dernière expé-
rimentation sera l'occasion d'introduire des nouveaux outils adaptés pour
25 permettre d'utiliser efficacement cette modalité pour la communication et en particulier, un outil de désignation.

Bibliographie

[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. page 66).

[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. page 56).

[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. page 56).

[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 62).

[FEREY *et al.* 2008]

FEREY, 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 '08. Washington, DC, USA : IEEE Computer Society, pages 125–132. ISBN : 978-1-4244-2047-6 (cf. page 56).

[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. page 66).

[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 57).

- [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 73, 77–80).
- 5 [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 66).
- [LEVINE et al. 1997]
 10 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. page 56).
- 15 [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 73, 77–80).
- 20 [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'06, page 104
 25 (cf. page 57).
- [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 56).
- 30 [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. page 66).
- [SHEN et al. 2006]
 35 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 Fe-

deration for Information Processing. Springer Boston, pages 329–336 (cf. page 56).

[STADLER *et al.* 1997]

5 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. page 56).

[SÜMENGEN *et al.* 2007]

10 SÜMENGEN, Selçuk, Mustafa Tolga EREN, Serhat YESILYURT 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)'07, pages 121–128 (cf. pages 56, 57).

[TANG *et al.* 2010]

15 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 57).

[WICKENS 1984]

20 WICKENS, Christopher D. (1984). « Processing resources in attention ». Anglais. Dans *Varieties of Attention*. Academic Press, pages 63–101 (cf. pages 71, 80).

Bibliographie

Chapitre 5

Les dynamiques de groupe

Sommaire

5	5.1 Introduction	90
	5.2 Collaboration de groupe	91
	5.2.1 Travaux existants	91
	5.2.2 Objectifs	92
	5.3 Présentation de l'expérimentation	92
10	5.3.1 Description de la tâche	92
	5.3.2 Spécificités du protocole expérimental	93
	5.4 Résultats	96
	5.4.1 Évolution des performances	96
	5.4.2 Avantage du <i>brainstorming</i> pour les quadrinômes .	101
15	5.4.3 Définition d'un meneur	105
	5.5 Synthèse	109
	5.5.1 Résumé des résultats	109
	5.5.2 Conclusion	110
20	Bibliographie	111

5.1 Introduction

Les différentes PCVs ont à présent été étudiées dans les précédents chapitres. Cependant, l'étude du travail collaboratif ne peut être restreinte à l'étude des binômes. En effet, ROETHLISBERGER *et al.* [1939] sont dans les premiers à
5 mettre en évidence les dynamiques de groupe basés sur les travaux de Elton MAYO. La dynamique de groupe possède un fonctionnement plus complexe qu'un simple binôme. Cependant, ces études consistent à étudier le travail coopératif et pas le travail collaboratif : les sujets se divisent préalablement la tâche en plusieurs sous-tâches. Plus récemment, Internet a donné naissance à
10 de nombreux outils de collaboration dont les *Wikis* [LEUF et CUNNINGHAM 2001 ; WAGNER 2004] avec le succès de WIKIPEDIA que l'on connaît. On peut également citer les incontournables outils de gestions de versions tels que GIT [GIT 2011], MERCURIAL [MERCURIAL 2011] ou SVN [SUBVERSION 2011] qui permettent la collaboration de plusieurs développeur pour la création ou la
15 modification de programmes informatiques. Cependant, ces deux exemples permettent seulement une collaboration asynchrone où chaque acteur intervient derrière son prédécesseur pour ajouter, améliorer ou corriger une partie du travail. Aujourd'hui, les outils permettant la collaboration synchrone sont encore rares (systèmes de vidéoconférences, jeux vidéos en ligne).

20 Ce chapitre constitue notre première étude sur le travail collaboratif concernant les groupes d'utilisateurs¹. Au regard des travaux existants, une dynamique de groupe va émerger. Cependant, nous souhaitons étudier cette dynamique de groupe au sein d'une tâche colocalisée synchrone. Parmi les deux études précédentes, les scénarios de déformation nous ont fournis les
25 tâches les plus complexes et les plus étroitement couplées. Nous nous placerons donc à nouveau dans un contexte de déformation moléculaire. Nous souhaitons tester la mise en place de périodes de *brainstorming*² afin de catalyser le potentiel du groupe. L'étude portera également sur l'identification des rôles de chaque utilisateur au sein du groupe.

1. On considère qu'un groupe est constitué au minimum de trois personnes [ROETHLISBERGER *et al.* 1939].

2. Pour la suite des développements, le mot *brainstorming* sera utilisé plutôt que le mot-valise *remue-méninges* car il évoque plus de notions en rapport avec notre sujet.

5.2 Collaboration de groupe

5.2.1 Travaux existants

Nous avons déjà effectué deux études sur le travail collaboratif mettant en avant les avantages d'un travail en binôme par rapport au travail en monôme.

5 Cependant, le travail de groupe ne se limitant pas aux binômes, nous nous intéresserons au quadrinômes dans cette étude. Nous souhaitons observer le travail en quadrinôme afin de confirmer nos précédentes conclusions.

Le travail de groupe a été très largement étudié à la fin du XVIII^e siècle et au début du XIX^e siècle dans le domaine de la psychologie sociale. L'ouvrage
10 de MUGNY *et al.* [1995] aborde les problématiques de la psychologie sociale dans le cadre général mais s'intéresse plus précisément aux dynamiques de groupe dans les chapitres premier et premier bis. Il aborde en particulier les travaux de Elton MAYO au sein de l'entreprise *Hawthorne Works* qui constitue la plus importante étude sur les dynamiques de groupe. Cette étude
15 effectuée entre les années 1927 et 1932 a été publiée par ROETHLISBERGER *et al.* [1939]. Le travail de groupe permet d'obtenir une meilleure productivité grâce au phénomène de motivation sociale. La motivation sociale stimule chaque ouvrier par la présence d'autres ouvriers.

Cependant, ces études diffèrent de notre cas en un point important. Les
20 études précédentes ne concernent pas des tâches de collaboration étroitement couplée. Que ce soit pour l'assemblage d'automobile dans le cas du taylorisme ou l'assemblage d'appareils de radio dans le cas de l'entreprise *Hawthorne Works*, les études sur le travail collaboratif proposées placent chaque ouvrier sur un poste de travail indépendant : la collaboration est très faible. En effet,
25 il n'est pas nécessaire pour les ouvriers d'interagir pendant la réalisation de la tâche. Notre plate-forme fournit un outil de travail où la collaboration est étroite.

Les études mettant en scène des tâches de collaboration étroite en groupe supérieur à deux utilisateurs sont peu nombreuses. On peut noter l'étude de
30 CHAN *et al.* [2008] qui propose un système de prise de contrôle collaboratif à tour de rôle. Cette étude montre l'utilité de l'outil haptique dans la réalisation d'une tâche collaborative mais ne caractérise ni les stratégies adoptées, ni la structure du groupe. C'est à ces questions que nous nous intéressons dans cette troisième expérimentation.

5.2.2 Objectifs

L'objectif de notre troisième étude est de confirmer les conclusions obtenues dans le cadre du travail de Elton MAYO. En effet, cette étude a montré que le travail en groupe permet d'augmenter la productivité. De plus, il a
5 montré que les groupes qualifiés de structures informelles, finissent toujours par se structurer. Les structures informelles sont des groupes qui ne possèdent pas de chef et où chaque participant a le même statut à priori. Ce type de structure permet de faire émerger naturellement, et par acceptation mutuelle, un meneur et des suiveurs.

10 Étant donné le peu de temps alloué à notre tâche³, l'émergence d'un meneur est incertaine. C'est pourquoi nous testons une période de réflexion préalable au début de la tâche. Cette période devrait permettre l'émergence des meneurs et des suiveurs. Elle devrait également permettre une communication entre les utilisateurs pour la mise en place d'une stratégie.

15 5.3 Présentation de l'expérimentation

5.3.1 Description de la tâche

La tâche proposée est la déformation de molécules complexes dans un EVC. L'objectif est de la rendre conforme à une molécule modèle. La molécule à déformer est affichée dans son intégralité (atomes et structures principales)
20 mais seule la structure principale est visible sur la molécule modèle. Dans cette expérimentation, la molécule TRP-CAGE est utilisée pour la phase d'entraînement. Des molécules plus complexes (Prion et Ubiquitin) sont utilisées pour la tâche de déformation collaborative. Ces molécules sont détaillées dans la section A.2.1 page 137.

25 Le mécanisme de sélection et d'affichage est strictement identique à la seconde expérimentation. De la même façon, le système d'évaluation de la solution à l'aide du score RMSD est identique. On pourra trouver la description de ces éléments dans la section 4.3.1 page 58.

Description des scénarios

30 Deux scénarios sont proposés : un sur la molécule Prion et un sur la molécule Ubiquitin. Les paragraphes suivants décrivent les deux scénarios :

3. Notre tâche dure quelques dizaines de minutes par rapport aux cinq années de l'étude de Elton MAYO

Scénario 1 Cette tâche concerne la déformation de la molécule Prion. La déformation de cette molécule nécessite de replacer correctement une chaîne de 16 résidus. Cette chaîne se trouve en périphérie de la molécule et n'est donc pas soumise à de fortes contraintes physiques. Cette tâche
5 est aisément divisible en sous-tâches ; dans ce cas, les sujets peuvent sélectionner la chaîne de résidus à intervalle réguliers de manière à la séparer en parties égales : c'est une collaboration faiblement couplée.

Scénario 2 Cette tâche concerne la déformation de la molécule Ubiquitin. La déformation de cette molécule nécessite de replacer correctement une
10 chaîne de 19 résidus. Cette chaîne se trouve au sein de la molécule où elle est soumise à de fortes contraintes physiques, notamment le milieu de la chaîne : il est très difficile d'avoir un contrôle précis sur la déformation du milieu de la chaîne. Cette tâche doit être réalisée avec une coordination de l'ensemble des sujets : c'est une collaboration étroite.

15 Les outils disponibles

Des outils de déformation au niveau atomique, identiques à la seconde expérimentation (voir ?? page ??), sont proposés pour la réalisation de la tâche. Il est à noter que les sujets n'ont pas la possibilité de modifier le point de vue de la molécule. Bien que l'intégralité des scénarios soient réalisables sans
20 modifier le point de vue, cette contrainte peut s'avérer être un handicap dans certains cas. Cependant, nous avons fait le choix d'enlever cet outil de manipulation afin d'éviter les conflits de coordination, notamment au sein des quadrinômes.

5.3.2 Spécificités du protocole expérimental

25 Le dispositif expérimental utilisé, basé sur celui présenté dans le chapitre A page 135, 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 151 et résumé dans la table 5.1 page 97.

30 Matériel

La troisième expérimentation se focalise sur le travail de groupe et en particulier, sur des quadrinômes. Deux outils de déformation supplémentaires sont ajoutés à la plate-forme (voir section A.1 page 136). Deux PHANTOM Omni®

supplémentaires sont ajoutés sur la table devant les sujets de manière à ce que chaque sujet puisse avoir accès à une interface haptique. Pour chaque nouvel PHANTOM Omni® est associé un nouveau serveur VRPN exécuté par des machines de faible puissance, suffisante pour ce propos.

- 5 Chaque sujet d'un quadrinôme possède un outil de déformation à sa disposition. En ce qui concerne les binômes, chaque sujet peut utiliser deux outils dans une configuration bimanuelle.

Cette expérimentation sur le travail collaboratif de groupe (supérieur à deux sujets) est l'occasion de focaliser sur les communications qui seront certainement plus nombreuses. Afin d'analyser ces communications, une caméra vidéo SONY® (PJ50V HD) a été placée en hauteur derrière les sujets afin de filmer les sujets de dos et l'écran de vidéoprojection dans un même plan. Cette caméra permet d'enregistrer la vidéo et le son. Ces vidéos sont exportées et séquencées *a fortiori* à l'aide du logiciel iMOVIE.

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

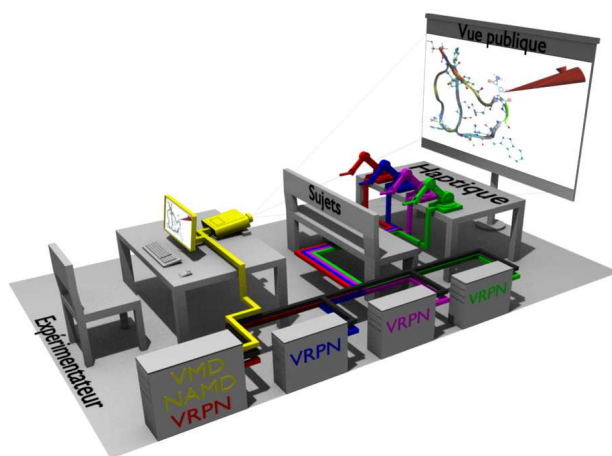


Figure 5.1 – Schéma du dispositif expérimental

Visualisation

La troisième expérimentation propose une tâche relativement similaire à la seconde expérimentation. La principale différence concerne la taille des molécules puisque les molécules contiennent une centaine de résidus contrairement à la précédente expérimentation qui concernait des molécules d'une quinzaine

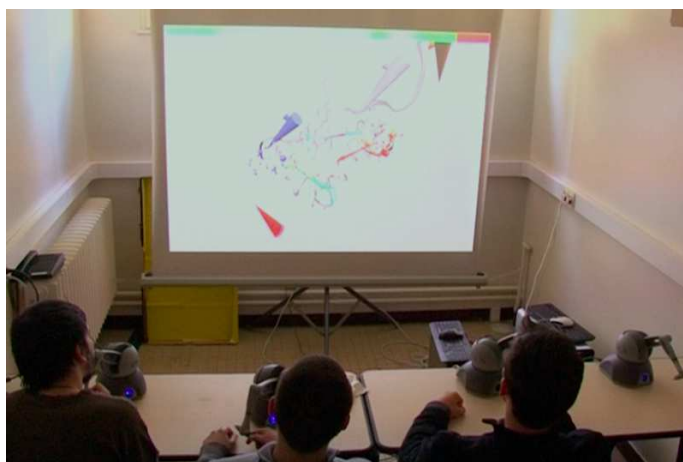


Figure 5.2 – Photographie du dispositif expérimental

de résidus. La molécule Prion est utilisée pour le scénario 1 sur la figure 5.3 et la molécule Ubiquitin est utilisée pour le scénario 2 sur la figure 5.4.

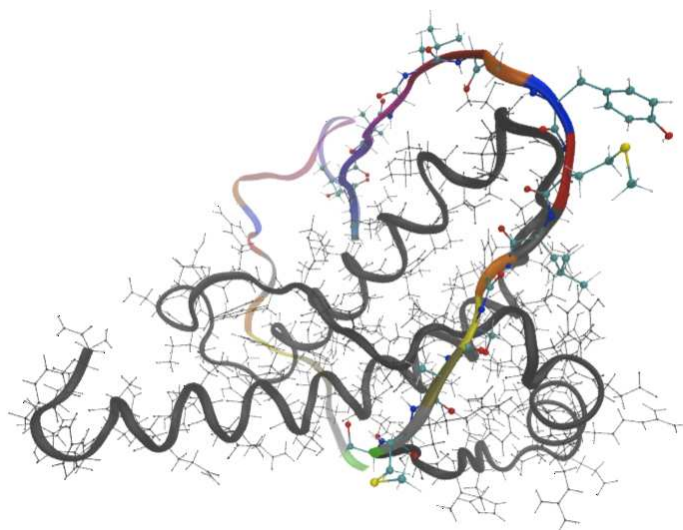


Figure 5.3 – Représentation de la molécule Prion pour le scénario 1

Outils de manipulation

Cette expérimentation fait intervenir quatre sujets. Cependant, c'est la première expérimentation pour laquelle aucun outil d'orientation de la molécule
5 n'est fourni aux sujets. En effet, étant donné les observations des précédentes

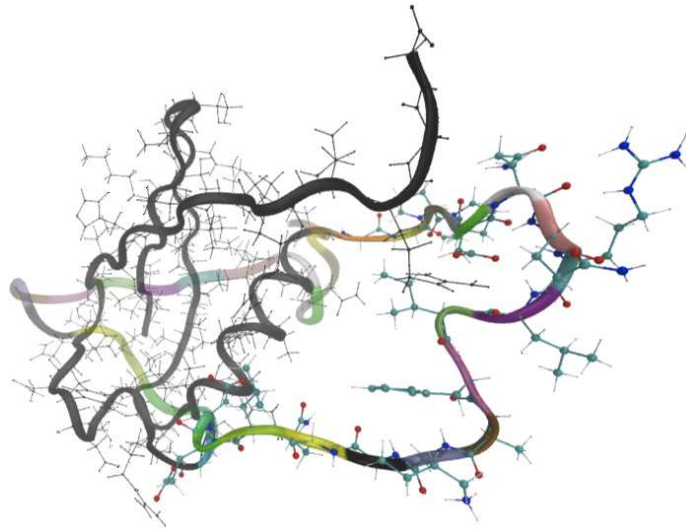


Figure 5.4 – Représentation de la molécule Ubiquitin pour le scénario 2

expérimentations, nous avons jugé que la présence de cet outil est générateur de conflits de coordination. Durant les précédentes expérimentations, les conflits de coordination était relativement limité car ne concernait que des binômes. Dans le cadre d'un quadrinôme, un tel outil pourrait produire
 5 beaucoup plus de chaos ce que nous ne souhaitons pas.

En ce qui concerne les outils de déformation, ce sont exactement les mêmes que dans la seconde expérimentation (voir section 4.3.2 page 64). Chaque résidu qu'un sujet sélectionne est mis en surbrillance à la fois sur la molécule déformable et sur la molécule dans son état stable.

10 5.4 Résultats

5.4.1 Évolution des performances

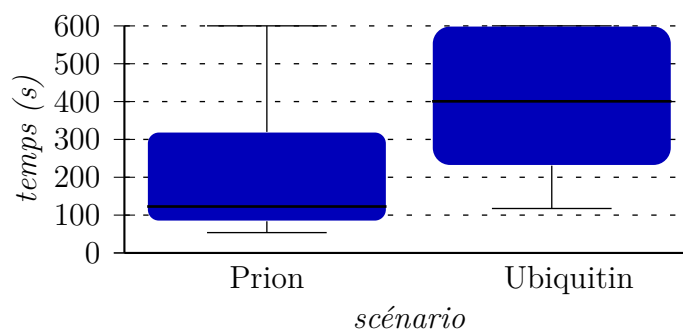
Données et tests statistiques

La figure 5.5 page suivante 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
 15 temps de réalisation \mathcal{V}_{d1} ($\chi^2 = 33.3$, $df = 1$, $p \ll 0.05$).

La figure 5.6 page 98 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}

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 Le <i>brainstorming</i> structure le quadrinôme		
Variable in-dépendantes	\mathcal{V}_{i1} Nombre de sujets \mathcal{V}_{i2} Complexité de la tâche \mathcal{V}_{i3} Temps alloué pour le <i>brainstorming</i>		
Variable dépendantes	\mathcal{V}_{d1} Temps de réalisation \mathcal{V}_{d2} Fréquence des sélections \mathcal{V}_{d3} Vitesse moyenne \mathcal{V}_{d4} Force moyenne appliquée par les sujets \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 2	Scénario 1 Scénario 2	Scénario 1 Scénario 2	Scénario 1 Scénario 2

**Figure 5.5** – Temps de réalisation des scénarios

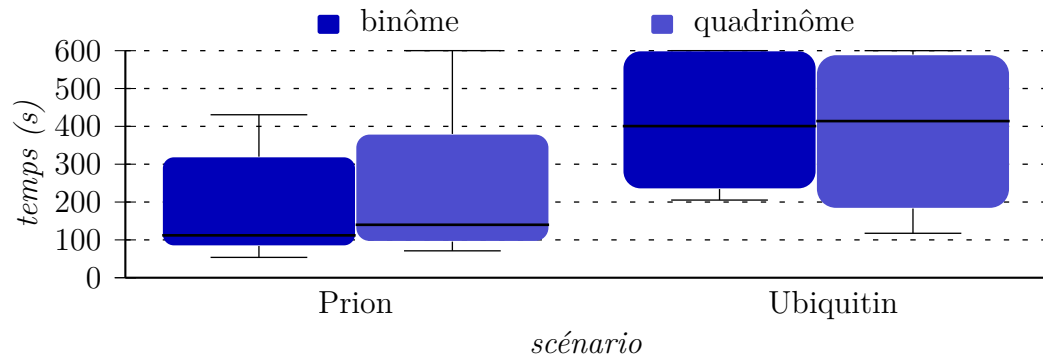


Figure 5.6 – Temps de réalisation des scénarios en fonction du nombre de participants

de la molécule Prion ($\chi^2 = 0$, $df = 1$, $p = 1$). 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} de la molécule Ubiquitin ($\chi^2 = 2$, $df = 1$, $p = 0.157$).

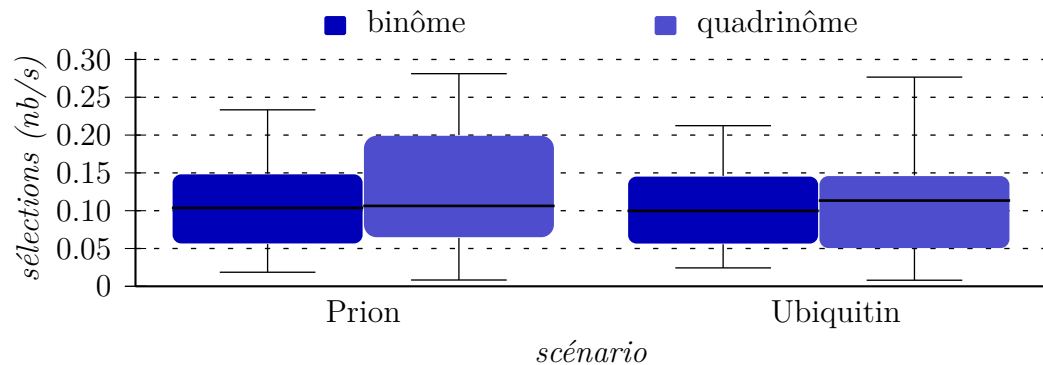


Figure 5.7 – Fréquence des sélections sur les scénarios en fonction du nombre de participants

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} de la molécule Prion ($\chi^2 = 1.6$, $df = 1$, $p = 0.209$). 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} de la molécule Ubiquitin ($\chi^2 = 0.1$, $df = 1$, $p = 0.724$).

La figure 5.8 page ci-contre 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} de la molécule

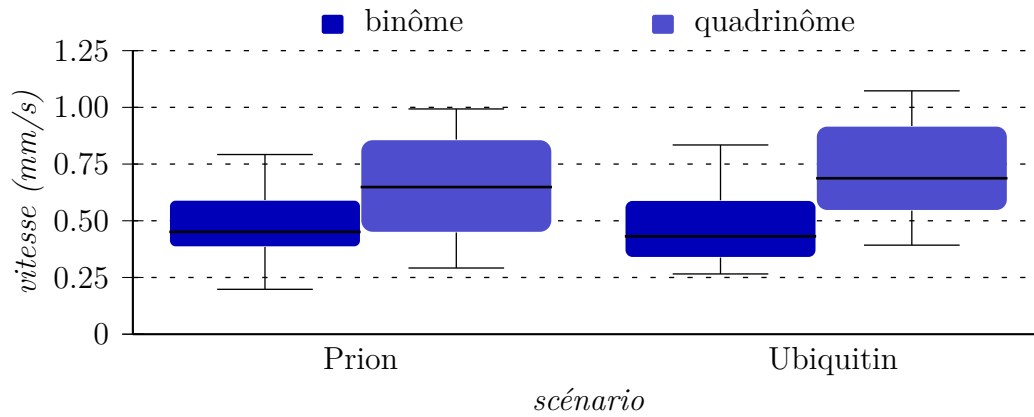


Figure 5.8 – Vitesse moyenne sur les scénarios en fonction du nombre de participants

Prion ($\chi^2 = 4.5$, $df = 1$, $p = 0.034$). De la même façon, l'analyse montre un effet significatif du nombre de sujets \mathcal{V}_{i1} sur la vitesse moyenne \mathcal{V}_{d3} de la molécule Ubiquitin ($\chi^2 = 8$, $df = 1$, $p = 0.005$).

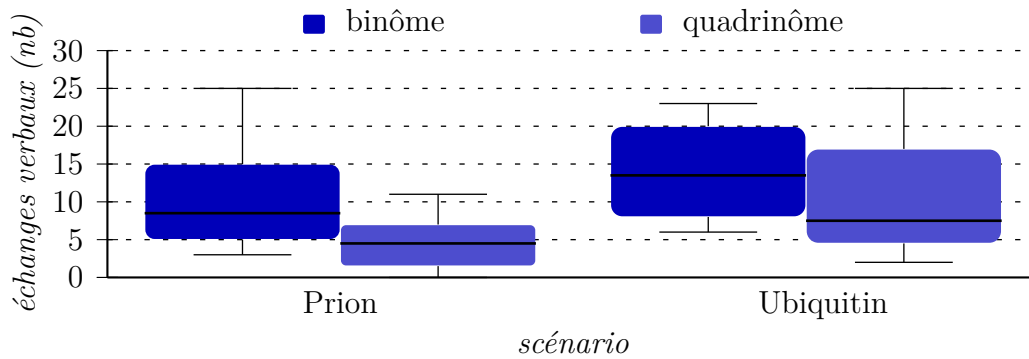


Figure 5.9 – Nombre d'échanges verbaux sur les scénarios en fonction du nombre de participants

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} de la molécule Prion ($\chi^2 = 11.8$, $df = 1$, $p \ll 0.05$). 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} de la molécule Ubiquitin ($\chi^2 = 4.3$, $df = 1$, $p = 0.039$).

Analyse et discussion

Les deux tâches proposées sont de natures très différentes. La figure 5.5 page 97 montre que la molécule Ubiquitin a été plus complexe à déformer pour les groupes de sujets que la molécule Prion. Il faut noter que les molécules n'ont pas été alternées lors de la procédure expérimentale (voir section B.3.4 page 153) : c'est toujours la molécule Prion qui a été présentée en premier aux sujets. Pourtant, la réalisation de la déformation de la molécule Ubiquitin a été plus longue, malgré l'apprentissage qui a eu lieu entre les deux scénarios.. D'ailleurs, on peut observer que de nombreux groupes de
5
10 sujets ont atteint la limite de 10 mn lors de la déformation de la molécule Ubiquitin ce qui prouve la réelle complexité de la tâche.

L'étude précédente présentée dans le chapitre 3 page 25 a montré que le travail en configuration bimanuelle permet de moins bonnes performances qu'un travail collaboratif en configuration monomanuelle. Cependant, cette nouvelle étude compare une configuration monomanuelle et bimanuelle à chaque fois dans un cadre de collaboration. On constate d'après la figure 5.6 page 98 que les quadrinômes obtiennent des performances identiques aux binômes, quel que soit le scénario. D'ailleurs, les binômes et les quadrinômes ont également effectué des fréquences de sélections similaires ce qui confirme les
15
20 performances identiques (voir figure 5.7 page 98).

Pourtant, la figure 5.8 page précédente montre des différences significatives entre les binômes et les quadrinômes concernant la vitesse moyenne des effecteurs terminaux. L'étude exposée par ROETHLISBERGER *et al.* [1939] a mis en évidence le phénomène de motivation sociale. Son étude appliquée à
25 des groupes⁴ a montré une importante stimulation de la motivation liée au travail à plusieurs. Cette motivation sociale nous permet d'expliquer cette vitesse moyenne plus importante chez les quadrinômes que chez les binômes.

Dans l'étude précédente, nous avons également mis en évidence la présence de conflits de coordination chez les binômes. Ces conflits de coordination
30 entravent la progression de la tâche. Cependant, les sujets parviennent à résoudre ces conflits grâce à la communication. 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.

Les quadrinômes ont potentiellement plus de conflits de coordination que
35 les binômes (le nombre de combinaisons deux à deux est plus important). Pourtant, leur communication est moins abondante. Il est plus difficile pour les sujets de prendre la parole au sein d'un groupe de quatre utilisateurs,

4. Un groupe est constitué d'au moins trois sujets selon lui

notamment pour les suiveurs. En effet, il est plus difficile de se faire entendre, notamment lorsque deux conflits de coordination interviennent en même temps : qui est prioritaire et qui doit parler le premier ? Dans le cas des binômes, la conversation entre deux utilisateurs ne soulève pas ce genre de problématiques. Ce manque de communication chez les quadrinômes pro-
 5 voque une baisse de performances. Cependant, la motivation sociale stimule les sujets en quadrinômes pour manipuler plus rapidement ce qui compense cette baisse de performances.

Cette section nous a permis de confirmer certaines conclusions présentées
 10 par ROETHLISBERGER *et al.* [1939] concernant la motivation sociale. En effet, ce phénomène de groupe semble s'appliquer également dans le cas d'une collaboration étroite ce qui permet d'améliorer les performances des quadrinômes. Cependant, la communication au sein d'un quadrinômes est plus complexe étant donné un ombre d'interactions possibles beaucoup plus im-
 15 portant. Ces deux phénomènes s'équilibrent pour donner des performances similaires entre les binômes et les quadrinômes. Afin d'améliorer les performances d'un quadrinôme, il faudrait faciliter ces résolutions verbales de conflits de coordination.

5.4.2 Avantage du *brainstorming* pour les quadrinômes

20 Données et tests statistiques

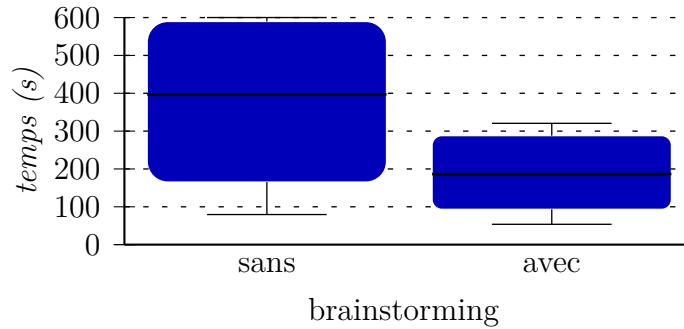


Figure 5.10 – Temps de réalisation avec ou sans *brainstorming*

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} ($\chi^2 = 11.2$, $df = 1$, $p \ll 0.05$).

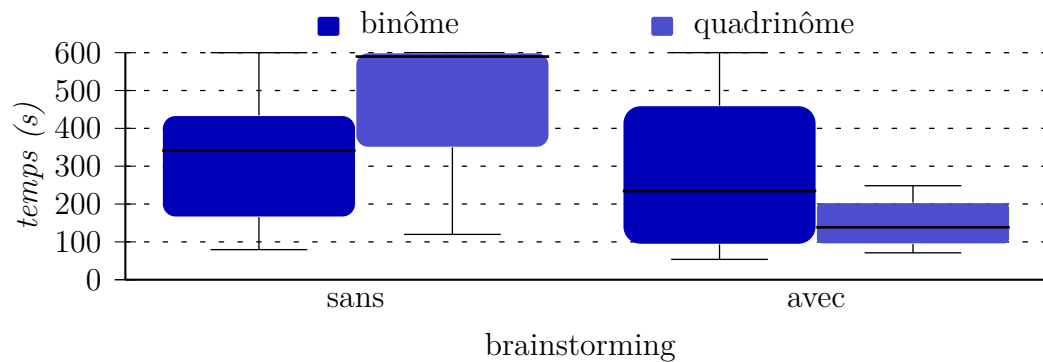


Figure 5.11 – Temps de réalisation des scénarios en fonction des groupes avec ou sans *brainstorming*

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 ($\chi^2 = 13.1$, $df = 1$, $p \ll 0.05$).

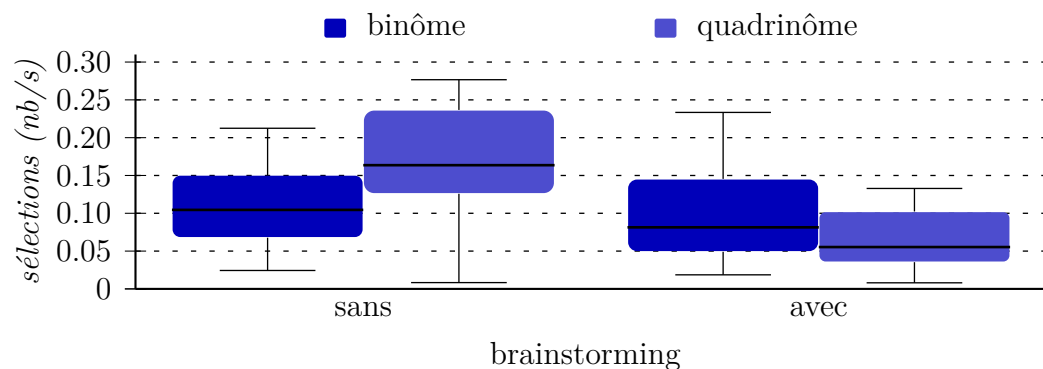


Figure 5.12 – Fréquence des sélections sur les scénarios en fonction des groupes avec ou sans *brainstorming*

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 figure 5.13 page ci-contre 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

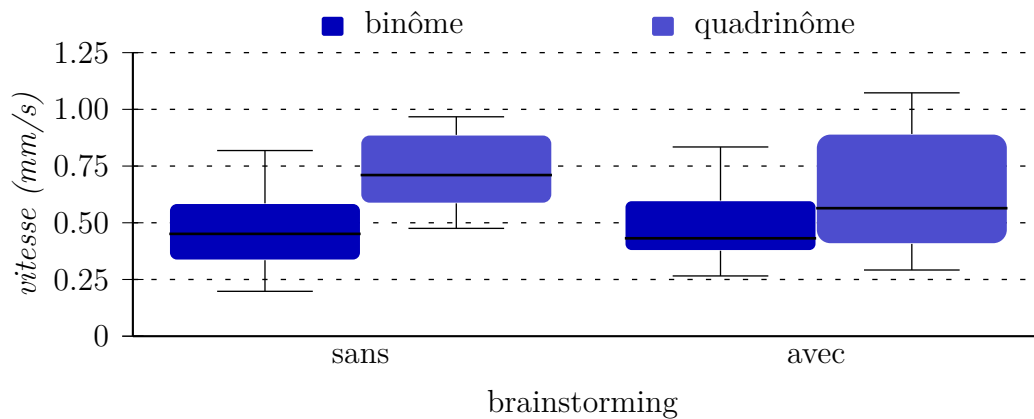


Figure 5.13 – Vitesse moyenne sur les scénarios en fonction des groupes avec ou sans *brainstorming*

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 ($\chi^2 = 1.5$, $df = 1$, $p = 0.228$).

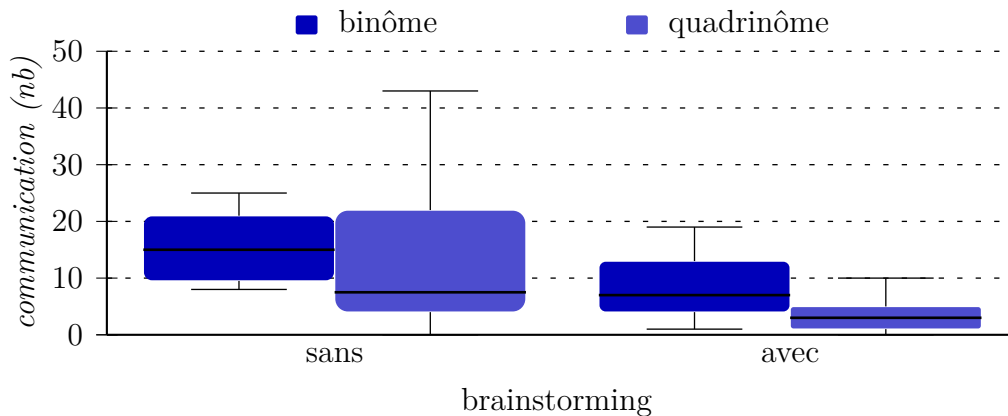


Figure 5.14 – Nombre d'ordres verbaux sur les scénarios en fonction des groupes avec ou sans *brainstorming*

- 5 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 ($\chi^2 = 12.9$, $df = 1$, $p \ll 0.05$). 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 ($\chi^2 = 4.1$, $df = 1$, $p = 0.042$).

Analyse et discussion

La figure 5.14 page précédente nous permet de constater une baisse significative du nombre d'échanges verbaux lorsque les sujets dispose d'une période de *brainstorming*. Le *brainstorming* permet une réflexion préalable sur la tâche afin d'aboutir à une stratégie. Cette stratégie va organiser et diviser le travail entre les différents sujets : un rôle bien défini est donné à chaque sujet. Cette définition des rôles devrait permettre d'éviter la paresse sociale mis en évidence par RINGELMANN [1913] puis confirmé et expliqué par LATANÉ et al. [1979].

Le phénomène de paresse sociale se produit lorsque les sujets ont tendance à abandonner la réalisation de la tâche aux autres sujets lors d'une tâche collaborative. Ce phénomène a pour conséquences des pertes de productivité. Cependant, une solution pour remédier à ce problème est de fournir un rôle distinct à chaque sujet. Ainsi, chaque sujet ne peut abandonner son objectif à un autre puisqu'il est le seul à devoir le réaliser : c'est l'évaluation des autres qui va le motiver.

Cependant, la figure 5.11 page 102 et la figure 5.12 page 102 montrent que seuls les quadrinômes bénéficient de ce *brainstorming*. En effet, les binômes n'obtiennent aucune amélioration significative des performances. De même, on constate sur la figure 5.13 page précédente que la vitesse moyenne de l'effecteur terminal des binômes n'évolue pas.

Les binômes ont diminué le nombre de conflits de coordination mais n'améliorent pas les performances. La communication à deux étant relativement naturelle, la résolution des conflits de coordination s'effectue de façon optimale. La présence d'une période de *brainstorming* n'améliore pas la résolution des conflits de coordination.

Cependant, la figure 5.11 page 102 et la figure 5.12 page 102 mettent en évidence l'amélioration des performances pour les quadrinômes. Nous avons vu dans la section 5.4.1 page 96 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 chacun 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, une définition précise des rôles de chacun avant le début de la tâche permet de partitionner la tâche ou de l'organiser le cas échéant et ainsi d'éviter le phénomène de paresse sociale.

Dans le cas de la molécule Prion, la tâche peut aisément être divisée en quatre sous-tâches élémentaires ce qui facilite l'identification des rôles. La molécule

Ubiquitin nécessite plus de coordination mais peut être divisée en deux sous-tâches élémentaires. Dans ce cas, le *brainstorming* aboutit à une répartition des tâches en deux binômes. Ceci permet d'avoir des gestions de conflits de coordination locaux et ainsi restreindre son effet au binôme concerné.

- 5 De plus, l'élaboration d'une stratégie avant le début de la tâche permet aux sujets d'être plus attentifs pendant la manipulation. En effet, les groupes n'ayant pas de période de *brainstorming* (\mathcal{C}_1 et \mathcal{C}_3) tentent tout de même d'élaborer une stratégie pendant la manipulation. Cependant, la manipulation crée une charge de travail cognitive importante. Les capacités cognitives
10 des sujets sont en partie réservées pour la manipulation et limitent les capacités d'élaboration d'une stratégie. La réflexion alors menée ne permet pas d'aboutir au meilleur choix de stratégie.

Cependant, on constate sur la figure 5.13 page 103 qu'il n'y a pas d'évolution de la vitesse moyenne des effecteurs terminaux pour les quadrinômes. Les
15 quadrinômes sont déjà stimulés par le phénomène de motivation sociale décrit dans la section 5.4.1 page 96. Le *brainstorming* ne leur permet d'effectuer les gestes plus rapidement mais ils utilisent maintenant cette vitesse avec des stratégies optimisées.

Cette section nous a permis de tester et de confirmer l'intérêt d'une période
20 de *brainstorming* pour structurer les groupes : cette période est bénéfique pour les quadrinômes. Elle permet d'éviter les problèmes de paresse sociale évoqués par LATANÉ *et al.* [1979]. La période de *brainstorming* permet de faire émerger rapidement les rôles de meneur et suiveur. C'est le meneur qui va répartir les différents rôles dans la réalisation de la tâche. La section
25 suivante va définir ce rôle de meneur.

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,
30 étant donné le peu de données d'un seul groupe, aucune analyse de la variance ne sera présentée.

Données et statistiques

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

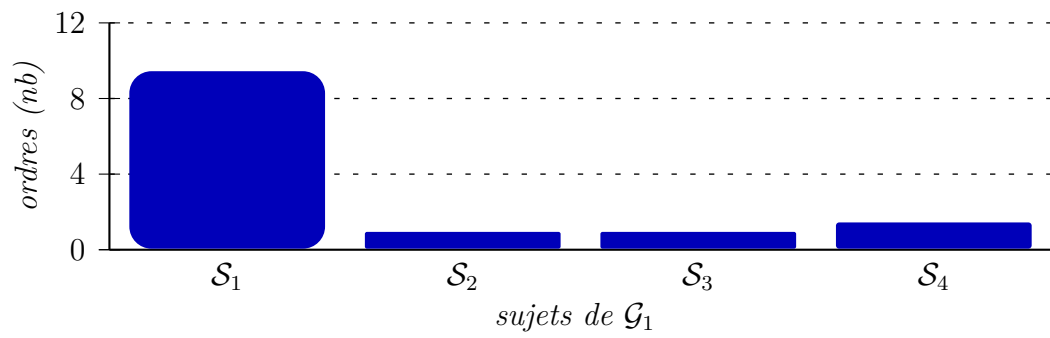


Figure 5.15 – Nombre d'ordres donnés par chacun des sujets de \mathcal{G}_1

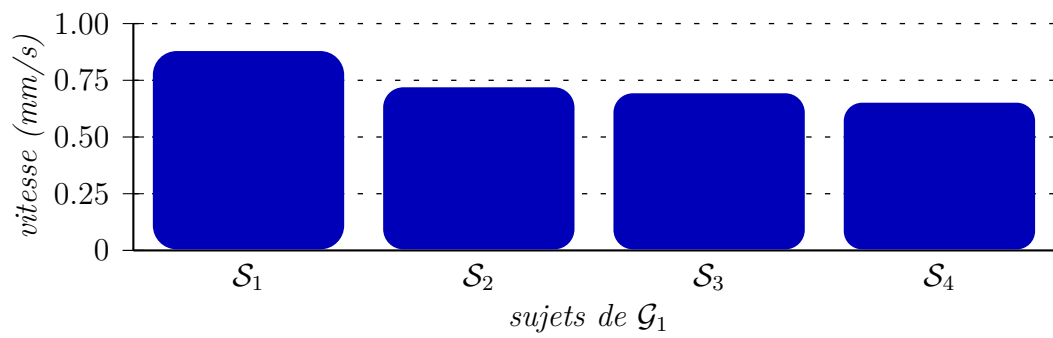


Figure 5.16 – Vitesse moyenne des effecteurs terminaux pour chacun des sujets de \mathcal{G}_1

La figure 5.16 page ci-contre présente la vitesse moyenne des effecteurs terminaux \mathcal{V}_{d3} en fonction des sujets du groupe \mathcal{G}_1 . On observe que le sujet \mathcal{S}_1 donne plus d'ordres que la moyenne (16.2% de plus que la moyenne).

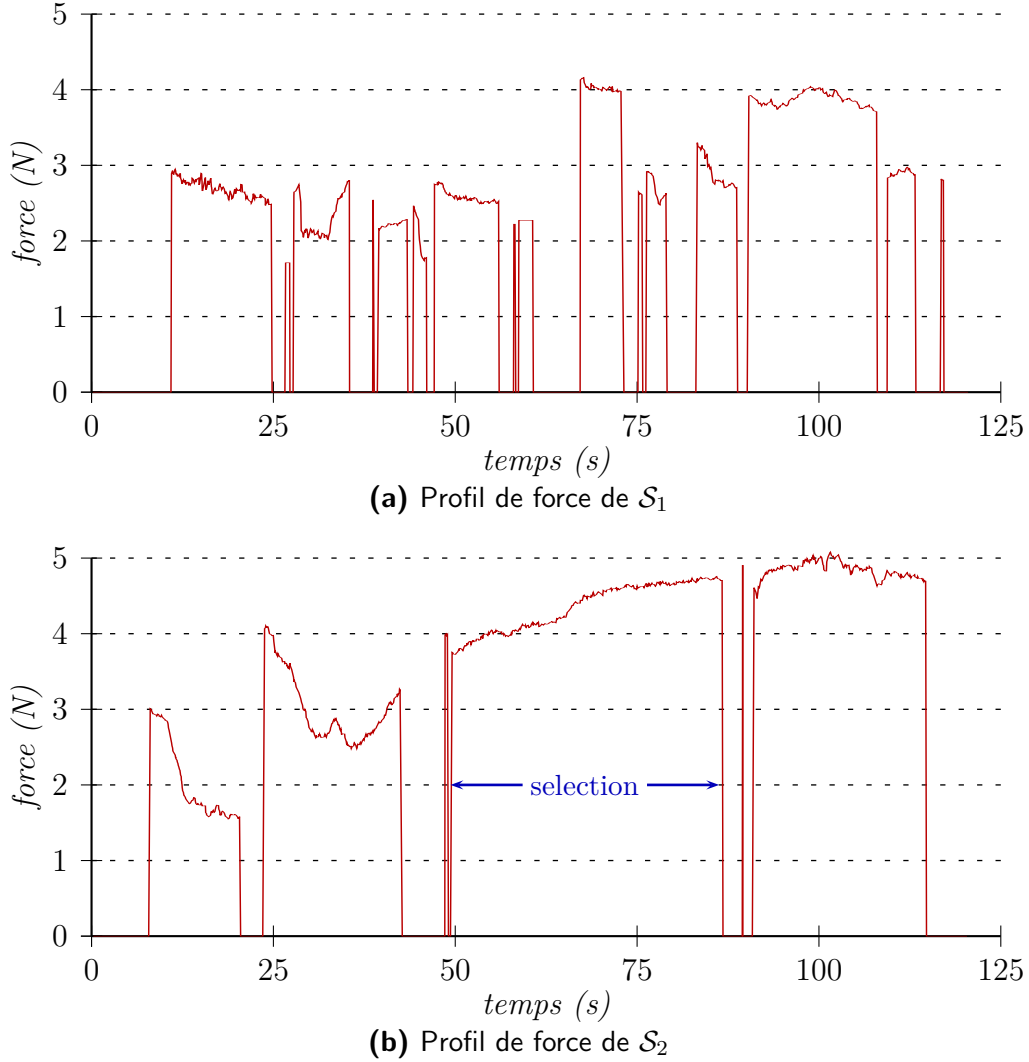


Figure 5.17 – Profil de force du groupe \mathcal{G}_1 sur la molécule Prion

La figure 5.17 présente les profils de force \mathcal{V}_{d4} des sujets \mathcal{S}_1 et \mathcal{S}_2 du groupe \mathcal{G}_1 . Chaque période où la force est maintenue représente une sélection (voir figure 5.17b). On constate un profil très chaotique pour le sujet \mathcal{S}_1 avec un grand nombre de sélections (11 sélections). Par opposition, le profil du sujet \mathcal{S}_2 est très peu chaotique avec un petit nombre de sélections (4 sélections > 10 s). De plus, les efforts maximaux produits par le sujet \mathcal{S}_2 sont plus

importants que ceux du \mathcal{S}_1 (5 N pour \mathcal{S}_2 contre 4 N pour \mathcal{S}_1).

Analyse et discussion

Le meneur est celui qui va diriger les opérations. Cependant, les groupes de notre expérimentation ne sont pas des groupes hiérarchisés : aucune hiérarchie n'a été imposée, contrairement à l'organisation d'une entreprise par exemple. En effet, nos groupes sont des structures informelles dans lesquelles aucun rôle n'est prédéfini. Le meneur est donc un rôle qui émerge du groupe de manière naturelle : il est choisi et accepté par les autres sujets. Cette hiérarchie acceptée permet une meilleure collaboration des sujets entraînant une motivation sociale très productive.

La figure 5.16 page 106 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 a besoin d'explorer à de nombreux endroits et rapidement mais n'effectue pas forcément de déformation. Il proposera à un autre sujet d'effectuer à sa place, les déformations qu'il aura jugé nécessaire.

Par opposition, les suiveurs n'explorent pas l'environnement. En effet, la figure 5.17b page précédente nous montre un nombre de sélections peu élevées mais des sélections tenues sur une longue période de temps. Le suiveur accepte un ordre du meneur et effectue la déformation jusqu'à atteindre l'objectif fixé. La déformation demande de la précision dans le mouvement ce qui explique une vitesse moyenne moins élevée de l'effecteur terminal. De plus, étant donné que les suiveurs porte toute leur attention sur la déformation, l'effort déployé est plus important. Le meneur étant plutôt à la recherche de tâches à effectuer mais n'effectuant pas totalement les déformations, il ne déploie pas autant d'effort.

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. L'identification des rôles est nécessaire pour obtenir de bonnes performances et éviter le phénomène de paresse sociale (voir section 5.4.2 page 101). Cependant, le meneur doit pouvoir se faire accepter des autres membres du groupes pour garder une bonne cohésion.

5.5 Synthèse

5.5.1 Résumé des résultats

Cette troisième expérimentation a mis en opposition des binômes en configuration bimanuelle avec des quadrinômes en configuration monomanuelle.

- 5 L'objectif était d'observer les avantages et les inconvénients du travail en groupe de plus de deux personnes. Les performances d'un quadrinôme ont été comparée aux performances d'un binôme.

Une première analyse nous a montré qu'il n'y avait aucun avantage à augmenter le nombre d'utilisateurs pour augmenter les performances du groupe.

- 10 En effet, nous avons vu que les quadrinômes, bien que plus rapides dans leurs mouvements grâce au phénomène de motivation sociale, obtiennent des performances identiques aux binômes. Les conflits de coordination étant plus nombreux dans un quadrinôme, les utilisateurs utilisent plus de temps dans la résolution de ces conflits.

- 15 Cependant, une analyse basée sur la présence ou non d'une période de *brainstorming* nous a permis d'approfondir cette conclusion. Ce *brainstorming* permet une organisation préalable du groupe afin de produire de meilleures performances en réduisant le nombre de conflits de coordination. Ce sont surtout les quadrinômes qui bénéficient de cette réflexion. En effet, les quadrinômes
20 perdent plus de temps que les binômes dans la résolution des conflits : c'est donc eux qui gagne le plus de temps à en réduire le nombre.

De plus, ce *brainstorming* permet de faire émerger les rôles rapidement au sein de cette structure informelle. L'émergence d'un meneur est nécessaire pour organiser le groupe, diviser le travail et répartir les tâches. D'un autre
25 côté, les suiveurs acceptent la présence de ce meneur et l'assistent dans la réalisation de la tâche. Le meneur va se distinguer par une exploration plus large et plus rapide de l'environnement afin d'avoir une vision globale de la tâche à réaliser. Les suiveurs effectuent plutôt des déformations longues et locales.

- 30 Cette expérimentation montre que l'augmentation du nombre d'utilisateurs est bénéfique sous réserve d'une certaine organisation. Une période de *brainstorming* préalable à la réalisation de la tâche permet de structurer un groupe. De plus, cette structure est obtenue avec l'accord de tous les participants ce qui rend légitime le meneur. Dans le cas contraire, les suiveurs pourraient ne
35 pas vouloir suivre les indications du meneur ce qui serait contre-productif.

5.5.2 Conclusion

Nous venons de montrer l'intérêt d'avoir un groupe structuré lorsque le nombre de participants excède deux. Notre prochaine et dernière expérimentation aura pour objectif de tester la plate-forme avec des experts de la déformation moléculaire. Pour cela, nous allons leur fournir des outils haptiques permettant de faciliter le travail collaboratif.

Pour commencer, nous avons mis en avant la nécessité de faire émerger rapidement le meneur et les suiveurs. Ceci permet de coordonner le groupe derrière un seul utilisateur et éviter 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 chacun seront donc proposés afin d'améliorer leur possibilités d'interactions. En l'occurrence, le meneur n'effectue pas réellement de déformation, il semble donc peu nécessaire de lui donner la possibilité de le faire. Ainsi, on le libère d'une partie de sa charge cognitive pour le focaliser sur son rôle de meneur.

En ce qui concerne le suiveur, il est affecté à la déformation. Il est particulièrement occupé à effectuer des déformations de façon locale. Il faut donc lui laisser la possibilité d'effectuer des déformations locales et précises. Cependant, il faut également lui faciliter la communication avec le meneur et lui rendant accessible les consignes rapidement. Le meneur ayant une vision plus globale de la tâche à réaliser, il peut être justifié de donner ponctuellement des outils de déformation plus grossier.

La majorité de ces outils seront implémentés dans la dernière version de la plate-forme afin d'effectuer une expérimentation avec des experts de la déformation moléculaire. Ces outils seront évalués à la fois en terme d'amélioration sur les performances mais également en terme d'utilisabilité. Le chapitre 6 page 113 décrit ces nouveaux outils et l'ensemble de l'expérimentation.

Bibliographie

[CHAN *et al.* 2008]

CHAN, Andrew, Karon MACLEAN et Joanna MCGRENERE (mai 2008).
« Designing haptic icons to support collaborative turn-taking ». Anglais.
5 Dans *International Journal Human-Computer Studies* 66, pages 333–355
(cf. page 91).

[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
10 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 104, 105).

[LEUF et CUNNINGHAM 2001]

LEUF, Bo et Ward CUNNINGHAM (2001). *The wiki way : quick collaboration on the Web*. Anglais. Boston, MA, USA : Addison-Wesley. ISBN :
15 0-201-71499-X (cf. page 90).

[MUGNY *et al.* 1995]

MUGNY, Gabriel, Jean-Léon BEAUVOIS et Dominique OBERLÉ (1995).
Relations humaines, groupes et influence sociale. La psychologie sociale.
20 Presses universitaires de Grenoble (cf. page 91).

[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
25 Agricole De La Maison Rustique, pages 1–40 (cf. page 104).

[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 90, 91, 100, 101).

30 [MERCURIAL 2011]

MERCURIAL. MERCURIAL : *source control management*. Anglais. Mercurial community. URL : <http://mercurial.selenic.com/> (visité le 4 sept. 2011) (cf. page 90).

[SUBVERSION 2011]

35 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 90).

Bibliographie

[GIT 2011]

GIT. *GIT : the fast version control system*. Anglais. Software Freedom Conservacy. URL : <http://www.git-scm.com/> (visité le 4 sept. 2011) (cf. page 90).

⁵ [WAGNER 2004]

WAGNER, Christian (2004). « Wiki : a technology for conversational knowledge management and group collaboration ». Anglais. Dans *Communications of the Association for Information Systems* 13.1, pages 265–289 (cf. page 90).

Chapitre 6

Travail collaboratif assisté par haptique

Sommaire

5	6.1 Introduction	114
	6.2 Assistance haptique pour la communication . .	114
	6.3 Présentation de l'expérimentation	114
	6.3.1 Description de la tâche	114
10	6.3.2 Spécificités du protocole expérimental	117
	6.4 Résultats	122
	6.5 Synthèse	122
	6.5.1 Résumé des résultats	122
	6.5.2 Conclusion	122
15	Bibliographie	123

6.1 Introduction

Cette dernière expérimentation aura pour objectif d'introduire et de valider des outils de communication haptique dans le cadre d'une tâche d'amar-
rage moléculaire. Sur la base des précédentes expérimentations, des outils
5 haptiques censés améliorer les interactions et les communications entre les
manipulateurs sont proposés. L'expérimentation testera l'intérêt et l'apport
de ces outils sur la collaboration de groupe.

Le principal facteur observé sera les performances du groupe. Les perfor-
mances regardées seront le temps mis pour achever la tâche mais également
10 la qualité de la solution trouvée. En effet, la qualité de la solution est une
variable non-négligeable dans le cadre d'une tâche d'amarrage moléculaire.

Le second facteur concernera l'évaluation qualitative du système par les utili-
sateurs. Il est primordial de recueillir l'avis des utilisateurs en ce qui concerne
une plate-forme de travail. Des outils haptiques inconfortables, des détails vi-
15 suels incohérents, des interactions peu intuitives sont autant de paramètres
qui peuvent rendre un système inefficace.

6.2 Assistance haptique pour la communica- tion

6.3 Présentation de l'expérimentation

20 6.3.1 Description de la tâche

La tâche proposée est la déformation de molécules et de complexes de molé-
cules dans un EVC. L'objectif est de la rendre le plus conforme possible au
modèle. Cinq molécules sont utilisés dans le cadre de cette expérimentation
dont trois exclusivement réservées pour l'entraînement :

25 **TRP-CAGE** La molécule nommée TRP-CAGE [NEIDIGH *et al.* 2002] a pour
identifiant PDB 1L2Y sur la *Protein DataBase*¹. Cette molécule contient
304 atomes dont 20 résidus.

Prion La molécule nommée Prion [CHRISTEN *et al.* 2009] avec l'identi-
fiant PDB 2KFL sur la *Protein DataBase*¹. Cette molécule contient
30 1 779 atomes dont 112 résidus.

1. <http://www.pdb.org/>

Ubiquitin La molécule nommée Ubiquitin [VIJAY-KUMAR *et al.* 1987] avec l'identifiant PDB **1UBQ** sur la *Protein DataBase*¹. Cette molécule contient 1 231 atomes dont 76 résidus.

TRP-ZIPPER La molécule TRP-ZIPPER [COCHRAN *et al.* 2001] a pour identifiant PDB **1LE1** sur la *Protein DataBase*¹. Cette molécule contient 218 atomes dont 12 résidus.

NUSE:NUSG Le complexe de molécules NUSE:NUSG [BURMANN *et al.* 2010] a pour identifiant PDB **2KVQ** sur la *Protein DataBase*¹. Il est constitué de deux molécules NUSE et NUSG possédant respectivement 1 294 atomes pour 80 résidus et 929 atomes pour 59 résidus.

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. Ils ont la possibilité de communiquer sans restriction de façon orale, gestuelle ou même virtuelle.

Description des outils

Pour cette expérimentation, des modifications ont été apportés aux différents outils. En effet, nous souhaitons apporter une assistance haptique afin d'augmenter la communication sensorielle entre les sujets. Les outils modifiés sont l'outil de désignation, l'outil de déformation par atome et l'outil de déformation par molécule que nous nommerons outil de manipulation²

Outil de désignation Le coordinateur est en charge d'effectuer les désignations envers les opérateurs. Nous souhaitons fournir au coordinateur un moyen de connaître l'état de la désignation à chaque instant. Une vibration est donc générée sur l'outil de désignation lorsque le coordinateur désigne une cible. Le coordinateur est renseigné sur l'acceptation de cette désignation par l'arrêt de cette vibration. De plus, tant que la cible désignée par le coordinateur n'aura pas été acceptée, le coordinateur ne pourra pas désigner une autre cible.

Outil de déformation Un outil de déformation au niveau atomique est fourni aux deux opérateurs présents lors de l'expérimentation. Nous souhaitons donné la possibilité au coordinateur d'indiqué rapidement qu'une

2. L'outil de déformation par molécule applique une force à l'ensemble des atomes de la molécule et produit ainsi un déplacement complet de la molécule ; cette opération s'apparente plus à une manipulation qu'à une déformation.

désignation a été effectuée. Lorsque le coordinateur désigne une cible, tous les outils des opérateurs sont soumis à une vibration. Il est à noter que si les opérateurs sont en train de déformer la molécule, ils ne ressentent pas la vibration mais dès qu'ils relâchent leur sélection, leur outil leur indique qu'une
5 désignation est en cours. Les opérateurs ont la possibilité d'accepter ou non la désignation. À l'instant où un des deux opérateur accepte la désignation, les vibrations s'arrêtent. L'opérateur qui a accepté la désignation est attiré vers la cible à déformer. De plus, il se voit offrir le pouvoir de déformer non plus au niveau atomique mais au niveau résiduel ce qui lui donne une capa-
10 cité étendue. L'objectif de cette étendue des capacités est de stimuler l'envie d'interagir avec le coordinateur.

Outil de manipulation Un dernier outil, détenu par le coordinateur, permet la manipulation de la molécule (outil de déformation au niveau moléculaire). Cet outil va permettre au coordinateur de déplacer la molécule comme
15 un bloc pour la rapprocher de sa cible finale. Afin d'aider le coordinateur dans cette tâche, nous avons souhaiter prendre en compte les actions des opérateurs pour assister la manipulation de la molécule. Ainsi, lorsque les opérateurs effectuent une déformation, une infime partie de l'effort déployé est reporté sur l'ensemble de la molécule afin de la déplacer dans cette même
20 intention. Les efforts reportés sont relativement faibles pour ne pas perturber la manipulation du coordinateur mais devrait sensiblement modifier le déplacement la molécule vers une position optimale.

Parmi les outils présentés précédemment, les interfaces haptiques sont répartis de la façon suivante :

- 25 – 1 PHANTOM Omni® est l'outil de désignation destiné au coordinateur ;
- 2 PHANTOM Omni® sont les outils de déformation destinés aux opérateurs ;
- 1 PHANTOM Desktop® est l'outil de manipulation destiné au coordinateur.

Pour finir, la souris permettant de modifier l'orientation de la scène est assignée au coordinateur. La souris est donc le troisième périphérique destiné au
30 coordinateur. Ce choix est désiré afin de limiter au maximum les manipulations à la souris. En effet, la manipulation à la souris perturbe complètement l'environnement virtuel et modifie la position des curseurs par rapport à la molécule. Il est donc inutile de déformer la molécule lorsque l'orientation de la scène est modifié. Cependant, bien que dans la plupart des cas, les
35 sujets n'éprouvent pas le besoin de modifier l'orientation de la scène, certains groupes en ont fait la demande explicite. En plaçant la souris comme troisième outil, l'objectif est qu'elle soit utilisée seulement lorsque c'est réellement nécessaire.

Description de la tâche

Le visuel est identique à la tâche présentée pour la troisième expérimentation (voir section 5.3.2 page 94). En effet, la molécule est représentée en CPK et *NewRibbon*. La molécule cible est représentée en *NewRibbon* transparent.

5 **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 durant la précédente expérimentation. Dans cette tâche, seuls les outils de dési-
10 gnation et de déformation sont proposés ; la molécule Ubiquitin possède des atomes fixes afin de ne pas dériver.

Scénario 2 La seconde tâche consiste à reconstituer le complexe de molécules NUSE:NUSG. En effet, la molécule NUSG est laissé complètement libre et doit être amarrer à la molécule NUSE : c'est une tâche d'amar-
15 rage moléculaire simplifié. 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 et manipulation) sont proposés dans ce scénario ; la molécule NUSG est attaché à l'outil de manipulation et l'ensembl des atomes
20 de la chaîne carbonée principale de la molécule NUSE sont fixes afin d'éviter que la molécule ne dérive.

Les molécules TRP-CAGE et Prion sont utilisés pour l'entraînement des outils de désignation et de déformation. Pour ce propos, la tâche proposée dans la seconde expérimentation pour TRP-CAGE et la tâche proposée dans la
25 troisième expérimentation pour Prion sont reprises.

La molécule TRP-ZIPPER est utilisée pour l'entraînement de l'outil de manipulation. Pour ce propos, la molécule TRP-ZIPPER a été rendue complètement libre (aucun atome n'est fixé) et elle est attaché à l'outil de manipulation.

Afin de réaliser la tâche, différentes mesures sont disponibles en temps-réel
30 pour les sujets. La première de ces mesures est le score RMSD qui est décrit dans la section 4.3.1 page 58. La seconde mesure est l'énergie totale du système, valeur calculée par NAMD et représentant une synthèse des énergies électriques et des énergies de VAN DER WAALS.

6.3.2 Spécificités du protocole expérimental

35 Les sections suivantes décrivent l'ensemble des modification apportées à la plate-forme de base (voir chapitre A page 135) et principalement aux outils.

La méthode expérimentale est exposée dans la section B.4 page 154. Un résumé de cette méthode se trouve dans la table 6.1 page 122.

Matériel

Dans cet quatrième et dernière expérimentation, nous introduisons de nouveaux outils destinés à améliorer les interactions entre les membres d'un trinôme. Deux sujets auront toujours à leur disposition deux outils de déformation adaptés pour le processus de désignation (voir section 6.3.2 page suivante). Le troisième sujet aura à sa disposition trois outils dont deux basés sur une interface haptique. Les deux interfaces haptiques utilisées sont un PHANTOM Omni® et un PHANTOM Desktop®, tous deux associés à une machine de faible puissance pour le serveur VRPN. De plus, ce troisième sujet aura accès à un outil de manipulation. En effet, bien que les outils d'orientation soient générateurs de conflits de coordination, il s'est avéré au cours de la troisième expérimentation que certaines situations requièrent un tel outil. Durant la première expérimentation, une interface haptique avait été utilisé mais n'était pas vraiment adaptée pour cette fonctionnalité. Au cours de la seconde expérimentation, c'est une souris 3D qui a remplacé l'interface haptique. Bien que cet outil soit très adapté pour cette fonctionnalité, il est relativement complexe à prendre en main et nécessite un apprentissage. Cet apprentissage n'est pas acceptable durant un processus expérimental d'environ une heure. C'est donc une simple souris USB qui a été choisi comme outil de manipulation : il est un peu moins adapté pour l'orientation d'une molécule qu'une souris 3D mais est nettement plus intuitif pour la plupart des sujets qui sont habitués à manipuler ce type de périphérique.

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 capté par la caméra. Là encore, les vidéos sont exportées et séquencées *a fortiori* à l'aide du logiciel iMOVIE.

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

Images à compléter
Il va falloir faire des
photos du dispositif expérimental

Visualisation

Dans cette quatrième et dernière expérimentation, les molécules étant très importantes, surtout pour le complexe de molécules NUSE:NUSG, nous avons

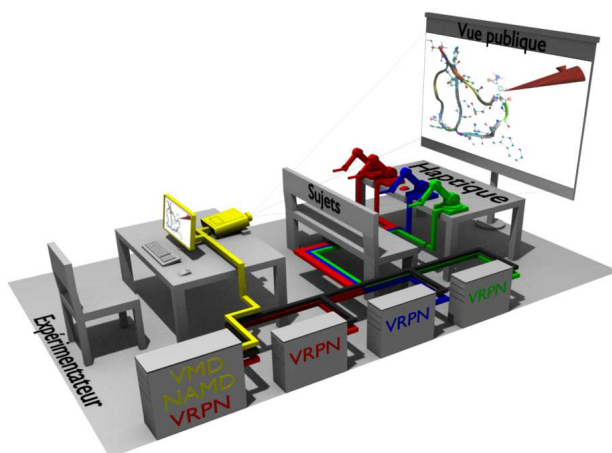


Figure 6.1 – Schéma du dispositif expérimental

Figure 6.2 – Photographie du dispositif expérimental

décidé de donner un rendu secondaire aux atomes. En effet, ils sont à présents rendus de manière transparente. Cependant, nous verrons dans la section suivante que le coordinateur aura la possibilité de colorer les résidus au besoin. Pour le reste, le rendu visuel est similaire à celui des expérimentations trois et quatre. La figure 6.3 page suivante représente la molécule Ubiquitin et la figure 6.4 page suivante représente le complexe de molécules NUSE:NUSG.

Outils de manipulation

Pour cette expérimentation, des modifications ont été apportés aux différents outils. En effet, nous souhaitons apporter une assistance haptique afin d'augmenter la communication sensorielle entre les sujets. Les outils modifiés sont l'outil de désignation, l'outil de déformation par atome et l'outil de déformation par molécule que nous nommerons outil de manipulation³. Ces outils sont décrits dans la section 2.4.2 page 17.

Outil de désignation Le coordinateur est en charge d'effectuer les désignations envers les opérateurs. Nous souhaitons fournir au coordinateur un

3. L'outil de déformation par molécule applique une force à l'ensemble des atomes de la molécule et produit ainsi un déplacement de la molécule en bloc ; cette opération s'apparente plus à une translation de la molécule qu'à une déformation.

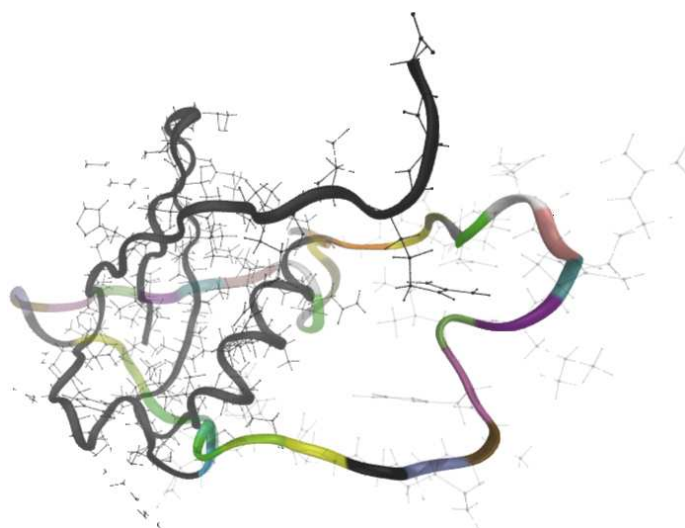


Figure 6.3 – Représentation de la molécule Ubiquitin pour le scénario 1



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

moyen de connaître l'état de la désignation à chaque instant. Une vibration est donc générée sur l'outil de désignation lorsque le coordinateur désigne une cible. Le coordinateur est renseigné sur l'acceptation de cette désignation par l'arrêt de cette vibration. De plus, tant que la cible désignée par le coordinateur n'aura pas été acceptée, le coordinateur ne pourra pas désigner une autre cible.

Outil de déformation Un outil de déformation au niveau atomique est fourni aux deux opérateurs présents lors de l'expérimentation. Nous souhaitons donner la possibilité au coordinateur d'indiquer rapidement qu'une désignation a été effectuée. Lorsque le coordinateur désigne une cible, tous les outils des opérateurs sont soumis à une vibration. Il est à noter que si les opérateurs sont en train de déformer la molécule, ils ne ressentent pas la vibration mais dès qu'ils relâchent leur sélection, la vibration leur indique qu'une désignation est en cours. Les opérateurs ont la possibilité d'accepter ou non la désignation. À l'instant où un des deux opérateur accepte la désignation, les vibrations s'arrêtent pour tous les opérateurs. L'opérateur qui a accepté la désignation est alors attiré vers la cible à déformer. De plus, il se voit offrir le pouvoir de déformer non plus au niveau atomique mais au niveau résiduel ce qui lui donne une capacité étendue. L'objectif de cette augmentation des capacités est de stimuler l'envie d'interagir avec le coordinateur.

Outil de manipulation Un dernier outil, détenu par le coordinateur, permet le déplacement de la molécule (outil de déformation au niveau moléculaire). Cet outil va permettre au coordinateur de déplacer la molécule comme un bloc pour la rapprocher de sa cible finale. Afin d'aider le coordinateur dans cette tâche, nous avons souhaiter prendre en compte les actions des opérateurs pour assister le déplacement de la molécule. Ainsi, lorsque les opérateurs effectuent une déformation, une infime partie de l'effort déployé est reporté sur l'ensemble de la molécule afin de la déplacer avec cette même intention. Les efforts reportés sont relativement faibles pour ne pas perturber la manipulation du coordinateur mais modifient sensiblement le déplacement de la molécule.

Outil d'orientation Pour finir, la souris permettant de modifier l'orientation de la scène est assignée au coordinateur. La souris est donc le troisième périphérique destiné au coordinateur. Le choix de surcharger le coordinateur

est délibéré afin de limiter au maximum les manipulations à la souris. En effet, la modification de l'orientation de la molécule ne modifie pas la position des curseurs qui se trouvent dans un référentiel différent. En d'autres termes, la rotation de la molécule va perturber les opérateurs qui sont en train d'effectuer des déformations en modifiant la position des atomes. En mettant à disposition la souris comme troisième outil pour le coordinateur, l'objectif est qu'elle soit peu utilisée, seulement lorsque c'est réellement nécessaire.

Table 6.1 – Synthèse de la procédure expérimentale

Tâche	Déformation d'une molécule ou d'un 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 plate-forme est appréciée des experts		
Variable indépendantes	\mathcal{V}_{i1} Présence de l'assistance \mathcal{V}_{i2} Molécules à déformer		
Variable dépendantes	\mathcal{V}_{d1} Score de ressemblance minimum \mathcal{V}_{d2} Temps du score RMSD \mathcal{V}_{d3} Nombre de sélections \mathcal{V}_{d4} Communication verbales et gestuelles \mathcal{V}_{d5} Test d'utilisabilité de la plate-forme		
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

6.4 Résultats

6.5 Synthèse

6.5.1 Résumé des résultats

6.5.2 Conclusion

Bibliographie

[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).
5 « A NUSE complex links transcription and translation ». Anglais. Dans *Science* 328.5977, pages 501–504 (cf. page 115).

[CHRISTEN *et al.* 2009]

CHRISTEN, Barbara, Simone HORNEMANN, Fred F. DAMBERGER et Kurt WÜTHRICH (juin 2009). « Prion protein NMR structure from tammar
10 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 114).

[COCHRAN *et al.* 2001]

COCHRAN, Andrea G., Nicholas J. SKELTON et Melissa A. STAROVAS-
15 NIK (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 115).

[NEIDIGH *et al.* 2002]

NEIDIGH, Jonathan W., R. Matthew FESINMEYER et Niels H. ANDERSEN
20 (juin 2002). « Designing a 20-residue protein ». Anglais. Dans *Nature Structural Biology* 9.6, pages 425–430 (cf. page 114).

[VIJAY-KUMAR *et al.* 1987]

VIJAY-KUMAR, Senadhi, Charles E. BUGG et William J. COOK (1987).
25 « Structure of ubiquitin refined at 1.8 Å resolution ». Anglais. Dans *Journal of Molecular Biology* 194.3, pages 531–544 (cf. page 115).

Bibliographie

Conclusion et perspectives

Bibliographie

Glossaire

amarrage moléculaire

Méthode permettant de déterminer l'orientation et la déformation optimale de 2 molécules afin qu'elle s'assemble pour former un complexe stable. iii, 1, 2, 56, 58, 114, 117, 127

bimanuel

Qui se fait avec les deux mains. 57, 62, 66, 71, 72, 75, 76, 80–84, 94, 96, 100, 109, 146

binôme

Groupe constitué de 2 personnes. iv, vii, ix, x, 25, 26, 36–39, 41–47, 49, 55, 57, 58, 62, 66, 69–73, 75–84, 90, 94–96, 98–104, 109, 133, 142–151, 158, 163, 164

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. 44, 46, 47, 50, 76, 83, 93, 95, 100, 101, 104, 109, 110, 118

curseur

Élément virtuel associé à un élément physique que le sujet manipule ; il est lié à l'effecteur terminal. 127

docking moléculaire

Voir amarrage moléculaire. 2

effecteur terminal

Élément physique que le sujet manipule ; il est lié au curseur du monde virtuel. x, xi, 69–71, 73, 78, 100, 104, 105, 108, 144, 147, 148, 150, 151, 153

homoscedasticité

Équivalent à homogénéité des variances ; permet de comparer des variables aléatoires possédant des variances similaires. 37, 66

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, 48, 82, 89, 91, 92, 105, 108–110, 128, 164

monomanuel

Qui se fait avec une main. 57, 71, 76, 82, 96, 100, 109

5 **monôme**

Groupe constitué d'une unique personne. vii, ix, 36–39, 48, 49, 57, 58, 62, 66, 69–73, 75–83, 90, 133, 142, 143, 145–148, 158, 163, 164

motivation sociale

10 En anglais *social facilitation* [TRIPLETT 1900], phénomène de groupe où les personnes fournissent plus d'efforts grâce à la présence de partenaires. 91, 100, 101, 105, 108, 109

paresse sociale

15 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. 81, 104, 105, 108

quadrinôme

Groupe constitué de 4 personnes. v, 89, 90, 93–96, 98–105, 109, 149–151

résidu

20 Groupe d'atomes constituant un des blocs élémentaires d'une molécule. ix, x, xii, xiii, 2, 14, 15, 17–19, 26, 29, 31, 33, 34, 36–41, 44–46, 50, 51, 59–61, 64, 66, 75, 80, 92–94, 96, 114, 115, 118, 135, 143–145, 147

structure informelle

Groupe de personnes sans structures ni hiérarchie. 91, 108, 109

suiveur

25 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). 48, 91, 92, 100, 105, 108–110, 127

trinôme

30 Groupe constitué de 3 personnes. 115, 118

variable dépendante

Facteur mesuré sur une expérimentation (nombre de sélections, trajectoire, *etc.*) ; ces variables sont influencées par les variables indépendantes. 128

35 **variable indépendante**

Facteur pouvant varier et être manipuler sur une expérimentation (nombre de participants, tâche, *etc.*) ; ces variables vont avoir une incidence sur les variables dépendantes. 143, 147, 150, 153

variable inter-sujets

Variables pour lesquelles les sujets sont confrontés à une et une seule des modalités de la variable. 66, 147, 150

variable intra-sujets

⁵ Variables pour lesquelles les sujets sont confrontés à toutes les modalités de la variable. 37, 66, 143, 147, 150, 153

Acronymes

AFM

Microscope permettant l'observation de la topologie de la surface d'un échantillon au niveau atomique. 27

5 API

API vient de l'anglais *Application Programming Interface* et désigne une interface avec un programme informatique. 9

CUDA

10 Technologie permettant d'utiliser l'unité graphique d'un ordinateur pour effectuer des calculs à hautes performances. 6

DDL

Mouvements relatifs indépendants d'un solide par rapport à un autre. ix, 8, 9, 16, 27, 64

EVC

15 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. 10, 28, 50, 51, 56–58, 92, 114, 134

IBPC

20 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. 16

IMD

25 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]. 6, 16, 56, 129

ITAP

Institut de Physique Théorique et Appliquée de STUTTGART à l'origine du développement du logiciel IMD. 16

CNRS–LIMSI

Unité Propre de Recherche du CNRS (UPR 3251) associé aux universités PARIS Sud et Pierre et Marie CURIE. i, 142, 146, 149

NAMD

5 Programme de simulation pour la dynamique moléculaire [PHILLIPS *et al.* 2005]. 6, 15, 16, 19, 117, 129, 134

PCV

Dans une application de réalité virtuelle, les activités d'un sujet peuvent toujours être décomposées en quatre comportements de base, appelés
10 Primitive Comportementale Virtuelle (PCV), qui sont : observer, se déplacer, agir et communiquer [Fuchs-2006]. 26, 56, 90, 130

RMSD

Appelé Écart Quadratique Moyen en français, il permet – dans le cadre de la biologie moléculaire – de mesurer la différence entre deux défor-
15 mations d'une même molécule. 58, 92, 117, 121, 148, 151, 153, 155

SUS

Échelle de notation entre 0 et 100 proposée par BROOKE [1996] permettant d'évaluer l'utilisabilité d'un système. vii, 133, 154, 165, 166

TRM

20 Cette théorie, élaborée par WICKENS [1984] (MRT pour *Multiple Resource Theory*), propose un modèle pour la gestion des charges de travail pour un humain. 71

UDP

c'est un des principaux protocole de télécommunication sur internet ; il
25 a pour distinction de ne pas vérifier l'intégrité des données transmises. 56

UML

C'est un langage graphique de modélisation utilisé principalement en génie logiciel. ix, 6

VMD

30 Programme de visualisation moléculaire [HUMPHREY *et al.* 1996]. ix, 6, 12–18, 27, 36, 129, 134, 135

VRPN

Logiciel permettant de connecter différents périphériques de réalité vir-
35 tuelle à une même application sous forme d'une architecture client/serveur [TAYLOR II *et al.* 2001]. 6, 11, 12, 17, 33, 93, 118, 134

Annexes

Annexe A

Dispositif expérimental

Sommaire

5	A.1 Matériel expérimental	136
	A.2 Présentation des molécules	137
	A.2.1 Liste des molécules	137
	A.2.2 Représentation des molécules	137
	A.3 Outils de manipulation	140
10	Bibliographie	141

A.1 Matériel expérimental

Les expérimentations se basent sur l'EVC présenté dans le chapitre 2 page 5. 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 plate-forme 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.

NUSE:NUSG Le complexe de molécules NUSE:NUSG [BURMANN *et al.* 2010] a pour identifiant PDB **2KVQ**. Il est constitué de deux molécules NUSE et NUSG 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 NUSE:NUSG.

A.2.2 Représentation des molécules

La représentation des molécules est un domaine de recherche à part entière. En effet, la complexité et l'abondance d'informations à visualiser nécessite

2. <http://www.pdb.org/>

des rendus graphiques avancés 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 13), aussi bien en
5 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.

10 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
15 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).

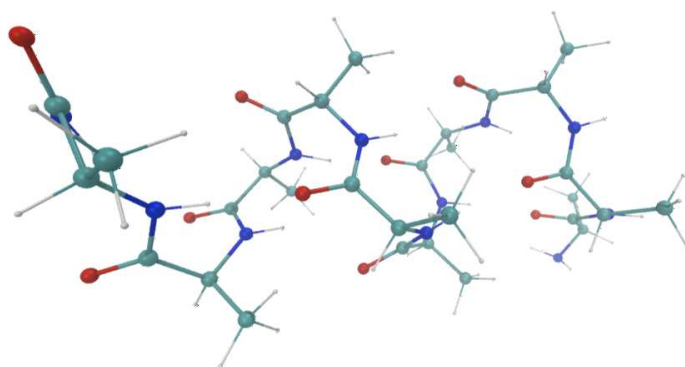


Figure A.1 – Représentation des atomes avec CPK

Cependant, la représentation de la molécule exclusivement avec les atomes
20 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 ci-contre).

25 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

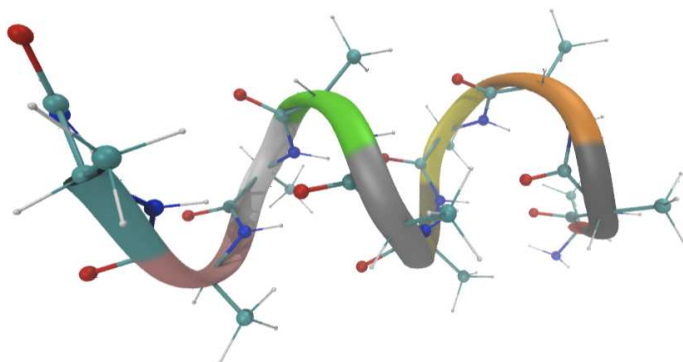


Figure A.2 – Représentation de la structure principale de la molécule avec *NewRibbon*

sont signalés visuellement par une représentation en gris (voir figure A.3 page suivante).

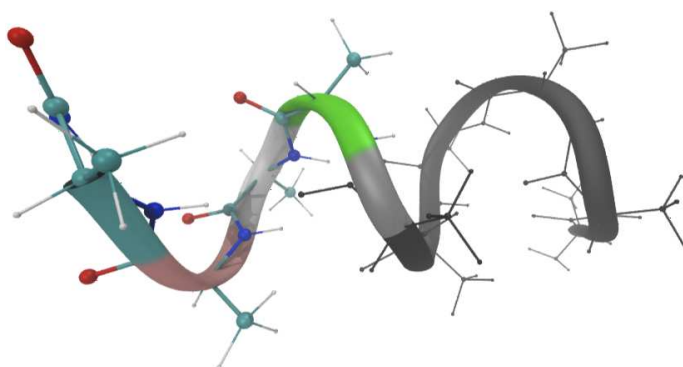


Figure A.3 – Représentation des atomes fixés en gris

A.3 Outils de manipulation

La plate-forme de base propose deux interfaces haptiques. Ces deux interfaces haptiques sont utilisées comme interfaces de déformation de la molécule :
5 des outils *tug*. Pour comprendre ce que sont des outils de déformation, on peut se reporter à la section 2.4.1 page 16. 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
10 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 33), par une souris 3D dans la seconde (voir section 4.3.2 page 61) puis par une simple souris USB dans la dernière expérimentation (voir section 6.3.2 page 118).

Bibliographie

[BURMANN *et al.* 2010]

- 5 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 137).

[CHRISTEN *et al.* 2009]

- 10 CHRISTEN, Barbara, Simone HORNEMANN, 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 137).

[COCHRAN *et al.* 2001]

- 15 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 137).

[NEIDIGH *et al.* 2002]

- 20 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 137).

[VIJAY-KUMAR *et al.* 1987]

- 25 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 137).

Bibliographie

Annexe B

Méthode expérimentale

Sommaire

5	B.1 Première expérimentation	144
	B.1.1 Hypothèses	144
	B.1.2 Sujets	144
	B.1.3 Variables	145
10	B.1.4 Procédure	147
	B.2 Seconde expérimentation	148
	B.2.1 Hypothèses	148
	B.2.2 Sujets	148
	B.2.3 Variables	149
15	B.2.4 Procédure	150
	B.3 Troisième expérimentation	151
	B.3.1 Hypothèses	151
	B.3.2 Sujets	151
	B.3.3 Variables	152
20	B.3.4 Procédure	153
	B.4 Quatrième expérimentation	154
	B.4.1 Hypothèses	154
	B.4.2 Sujets	154
	B.4.3 Variables	155
25	B.4.4 Procédure	156
	Bibliographie	159

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. Deuxièmement, une évaluation de la plate-forme est nécessaire. Des hypothèses sont formulées pour noter l'utilisabilité de la plate-forme ainsi que la sensation de collaboration des utilisateurs.

\mathcal{H}_1 Amélioration des performances en binôme Nous émettons l'hypothèse que les performances des binômes seront meilleures que les performances des monômes. 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.

\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 des sujets et de leurs espaces de travail respectifs. L'identification des différentes stratégies permettra de les évaluer et de trouver la plus performante.

\mathcal{H}_3 Les sujets préfèrent le travail en binôme Notre troisième hypothèse est de nature qualitative et suppose que les utilisateurs auront une préférence pour le travail en binôme comparé au travail en monôme. Le travail en binôme crée une collaboration sociale qui est préférée en général.

\mathcal{H}_4 La plate-forme est appréciée des utilisateurs Notre dernière hypothèse concerne la validation de notre plate-forme en terme d'utilisabilité (intuitivité, ergonomie, *etc.*). Elle est nécessaire pour la poursuite des études de cette thèse.

B.1.2 Sujets

24 sujets (4 femmes et 20 hommes) avec une distribution d'âge de $\mu = 27.8$, $\sigma = 7.2$ 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 :

- 5 – 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
10 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.

15 B.1.3 Variables

Variables indépendantes

\mathcal{V}_{i1} **Nombre de sujets** La première variable indépendante est une variable intra-sujets. \mathcal{V}_{i1} possède deux valeurs possibles : « un sujet » (*c.f. monôme*) ou « deux sujets » (*c.f. binôme*). 24 monômes et 12 binômes ont été testés.

20 \mathcal{V}_{i2} **Résidu recherché** La seconde variable indépendante 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 30). Différents niveaux de complexité caractérisent chaque résidu (voir table 3.2 page 31).

Variables dépendantes

25 \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 :

30 **La recherche** C'est la phase pendant laquelle les sujets cherchent le résidu. Cette recherche peut être visuelle en orientant et en déplaçant la molécule. Elle peut aussi amener les sujets à déformer la molécule afin d'explorer les résidu inaccessibles du 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 phase de sélection puis d'une phase d'extraction hors de la molécule.

- 5 \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.
- 10 \mathcal{V}_{d3} **Communications verbales** L'enregistrement des communications verbales permet de mesurer la durée de parole de chaque sujets pour chaque étape de l'expérimentation. Ces mesures différencie la phase de recherche et la phase de sélection (voir \mathcal{V}_{d1}) comme indiqué plus précisément sur la figure B.1.

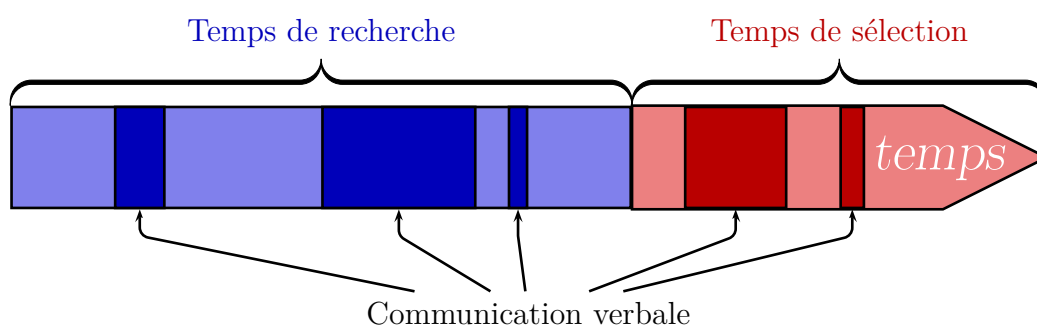


Figure B.1 – Étapes de la communication verbale pour la recherche d'un résidu

- 15 \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 ;
 - 20 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** Le force appliquée par chaque sujet sur les atomes pendant la simulation est mesurée. Une valeur moyenne de cette force est calculée pour être analysée.

\mathcal{V}_{d6} **Réponses qualitatives** Un questionnaire est proposé à tous les sujets. Il est constitué de trois ou quatre parties respectivement destinés aux monômes et binômes. Le questionnaire fourni aux sujets est disponible dans la section C.1 page 162.

B.1.4 Procédure

L'expérimentation débute par une phase d'apprentissage sur la molécule TRP-ZIPPER. L'apprentissage est destiné à familiariser les sujets avec la plate-forme, 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 la 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 plate-forme 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 proposé. Chaque sujet répond au questionnaire de manière autonome, sans communiquer avec son partenaire.

B.2 Seconde expérimentation

B.2.1 Hypothèses

Les hypothèses de cette nouvelle étude sont en grande partie basées sur l'étude précédente. Nous souhaitons confirmer l'intérêt du travail collaboratif dans la tâche élémentaire de *manipulation*, notamment sur les tâches de complexité importante. De plus, cette expérimentation propose d'étudier l'apprentissage de la tâche et d'en observer l'évolution dans le cadre du travail collaboratif.

\mathcal{H}_1 Amélioration des performances en binôme Nous émettons l'hypothèse que les performances des binômes seront meilleures que les performances des monômes. Cette hypothèse a pour objectif de confirmer les conclusions obtenues dans la première étude dans un contexte de *manipulation*. La première hypothèse est une amélioration des performances pour les binômes en collaboratif comparés aux monômes en bimanuel.

\mathcal{H}_2 Meilleur gain de performances sur les tâches complexes Nous émettons l'hypothèse que plus la tâche est complexe et plus une configuration de travail collaboratif produira un gain significatif de performances comparé à un monôme.

\mathcal{H}_3 L'apprentissage est plus performant pour les binômes Nous émettons l'hypothèse que le travail en collaboration augmente la vitesse d'apprentissage de la tâche. En effet, nous supposons que l'interaction entre les partenaires va stimuler l'apprentissage et permettre l'échange des 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. Notre hypothèse est que les utilisateurs préfèrent le travail collaboratif. En effet, le contact social et la possibilité de communiquer sont des apports appréciés dans le milieu du travail.

B.2.2 Sujets

36 sujets (8 femmes et 28 hommes) avec une moyenne d'âge de $\mu = 25.9$, $\sigma = 4.7$ 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 ;
- 5 – 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.

10 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.2.3 Variables

Variables indépendantes

15 \mathcal{V}_{i1} **Nombre de sujets** La première variable indépendante est une variable inter-sujets. \mathcal{V}_{i1} possède deux valeurs possibles : « 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** La seconde variable indépendante est une variable intra-sujets. Deux tâches de déformation sont proposées sur chacune
20 des deux molécules : une déformation au niveau inter-moléculaire et une déformation au niveau intra-moléculaire.

\mathcal{V}_{i3} **Le niveau d’apprentissage** La troisième variable indépendante est une variable intra-sujets. Tous les sujets sont confrontés trois fois à la même série de tâches (quatre scénarios) sur trois jours successifs afin d’observer
25 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 finale. 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 chacun des deux effecteur terminal.

5 \mathcal{V}_{d3} **Distance passive entre les espaces de travail** C'est la distance moyenne entre les deux effecteurs terminaux pendant toute la durée de chaque tâche. Mesurée dans l'espace physique de l'utilisateur, elle est de l'ordre du centimètre.

10 \mathcal{V}_{d4} **Distance active entre les espaces de travail** Basée sur le même principe que la précédente, elle mesure la distance entre les deux effecteurs terminaux. Cependant, la moyenne est calculée seulement sur les distances lorsque les deux effecteurs terminaux sont en phase de sélection, lorsqu'ils sont actifs. Les distances ne sont pas prises en compte lorsque les deux effecteurs terminaux sont inactifs ou que seulement un des deux est en phase de
15 sélection. Cette moyenne est également de l'ordre du centimètre.

\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.

20 \mathcal{V}_{d6} **Réponses qualitatives** Un questionnaire est proposé à tous les sujets (variable en fonction des monômes et des binômes). Il se décline en deux versions destinées soit aux monômes, soit aux binômes. Le questionnaire soumis aux sujets est exposé dans la section C.2 page 168.

B.2.4 Procédure

25 L'expérimentation débute par une étape d'entraînement avec la molécule Prion. 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
30 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 façon alternée. De la même façon, l'application s'arrête automatiquement lorsque le seuil `RMSD` désiré est atteint ou
5 lorsque 10 mn de déformation sont dépassées.

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

10 B.3.1 Hypothèses

Lors de cette nouvelle étude, nous souhaitons observer les dynamiques de groupe. Nos hypothèses concerneront principalement l'évolution des groupes durant la réalisation de la tâche.

\mathcal{H}_1 Amélioration des performances en quadrinôme Nous émettons
15 l'hypothèse que les performances des `quadrinômes` seront meilleures que les performances des `binômes`. Cette hypothèse a pour objectif de confirmer les conclusions obtenues dans l'étude sur l'entreprise *Hawthorne Works*. Cependant, nous nous plaçons dans un contexte de collaboration étroite.

\mathcal{H}_2 Le *brainstorming* structure le `quadrinôme` Dans cette nouvelle
20 expérimentation, nous allons étudier la mise en place d'une période de réflexion, également appelée *brainstorming*, avant le début de la tâche. Nous émettons l'hypothèse que cette période de réflexion sera principalement utile pour les `quadrinômes`.

B.3.2 Sujets

25 16 sujets (4 femmes et 12 hommes) avec une moyenne d'âge de $\mu = 26.1$, $\sigma = 5.3$ 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 ;
- 30 – 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. Tous les participants de cette expérimentation ont été choisis car ils ont déjà une
5 expérience sur la plate-forme : les participants connaissent déjà les outils de déformation et l'environnement virtuel. Ceci doit permettre d'observer les évolutions de la dynamique de groupe tout en limitant les effets de l'apprentissage.

Chaque participant est complètement naïf concernant les détails de l'expéri-
10 mentation. 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

15 \mathcal{V}_{i1} **Nombre de sujets** La première variable indépendante est une variable intra-sujets. \mathcal{V}_{i1} possède deux valeurs possibles : « 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** La seconde variable indépendante est une
20 variable intra-sujets. Deux tâches de déformation sont proposées et décrites dans la section 5.3.1 page 92.

\mathcal{V}_{i3} **Temps alloué pour le *brainstorming*** La troisième variable indépen-
dante est une variable inter-sujets. \mathcal{V}_{i3} possède deux valeurs possibles : « pas de *brainstorming* » ou « 1 mn de *brainstorming* ». Cette période de *brains-*
25 *torming* est allouée avant le début de chaque tâche et permet une réflexion préalable sur la tâche.

Variables dépendantes

\mathcal{V}_{d1} **Temps de réalisation** C'est le temps total que les sujets ont mis 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** \mathcal{V}_{d2} représente la fréquence des sélections réalisées durant chaque tâche à réaliser. Une sélection est comptabilisée lorsqu'un atome est sélectionné par un des effecteur terminal. Un compteur est affecté pour chacun des effecteurs terminaux qui lui-même est associé à un sujet. C'est l'information de fréquence qui est conservée puisqu'elle ne dépend pas du temps total de réalisation de la tâche.

\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 appliquée par les sujets** La force appliquée sur les atomes durant la simulation est mesurée pour chaque sujet. Elle ne concerne que la force appliquée lors d'une sélection. C'est la valeur moyenne sur l'ensemble d'une tâche qui est conservée.

\mathcal{V}_{d5} **Communications verbales** L'enregistrement des communications permet de mesurer le nombre d'interventions verbales de chacun des sujets. Deux catégories d'interventions sont classifiées :

Les observations destinées à renseigner les autres sujets d'un état actuel de l'environnement, d'une information nécessaire ou bien d'une intention concernant une action ;

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 la molécule TRP-CAGE. Pendant cette phase, les outils sont introduits et expliqués un par un. Les sujets ayant déjà eu une expérience sur la plate-forme, cette phase est effectuée pour se 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 désiré est atteint. L'ordre de ces deux scénarios n'est pas contre-balané 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 afin d'éviter les biais d'apprentissage.

L'enregistrement vidéo est démarré au début de la phase d'apprentissage pour chaque groupe. Il est arrêté à la fin du second scénario. La phase d'apprentissage est filmée pour des questions de simplicité logistique mais n'est pas utilisée dans les analyses.

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 l'assistance haptique sera mise à disposition des utilisateurs. Les performances principalement basées sur la qualité de la solution. En effet, dans un cadre de déformation moléculaire avec des experts, le résultat final prend une place plus importante que le temps mis pour l'atteindre.

\mathcal{H}_2 L'assistance haptique améliore la communication Dans cette dernière expérimentation, nous introduisons de nouveaux outils pour aider la communication entre les utilisateurs en utilisant la modalité haptique. Nous émettons l'hypothèse que la communication sera améliorée grâce à ces outils.

\mathcal{H}_3 La plate-forme est appréciée des experts Lors de cette expérimentation, nous effectuons une analyse de l'utilisabilité du système. Nous émettons l'hypothèse que cette plate-forme répondra à des critères minimum d'utilisabilité. Le test d'utilisabilité est basé sur l'échelle de notation proposée par BROOKE [1996].

B.4.2 Sujets

Nombre de sujets

Remplir toutes les informations statistiques concernant les sujets

<000 sujets (000 femmes et 000 hommes)> avec une moyenne d'âge de < $\mu = 00.0$ ($\sigma = 0.00$)> ont participé à cette expérimentation. Ils ont été recrutés au sein <laboratoire> et sont <statuts, métier>. Ils ont tous le français

comme langue principale. Aucun participant n'a de déficience visuelle (ou corrigée le cas échéant) ni de déficience audio.

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 l'objectif de l'étude n'est pas révélé.

B.4.3 Variables

Variables indépendantes

\mathcal{V}_{i1} **Présence de l'assistance** La première variable indépendante est une variable intra-sujets. \mathcal{V}_{i1} possède deux valeurs possibles : « sans assistance » ou « avec assistance ». L'assistance haptique est ajoutée aux différents 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** La seconde variable indépendante 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 tâches expérimentales. Les autres molécules sont simplement utilisés au cours de l'entraînement sur la plate-forme.

Variables dépendantes

\mathcal{V}_{d1} **Score de ressemblance 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 enregistré : 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. Cependant, c'est le temps mis pour atteindre ce score minimum qui est enregistré.

\mathcal{V}_{d3} **Nombre de sélections** \mathcal{V}_{d2} représente le nombre de sélections réalisées durant chaque tâche à réaliser. Une sélection est comptabilisée lorsque un atome est sélectionné par un des deux effecteur terminal. Un compteur est affecté pour chacun des effecteurs terminaux.

\mathcal{V}_{d4} **Communications verbales et gestuelles** L'enregistrement audio permet de mesurer la quantité de temps de parole pendant chaque tâche de l'expérimentation. De plus, la vidéo permet de mettre en relation les différentes phases de l'expérimentation (déformation, désignation, modification
5 du point de vue de la scène, *etc.*) avec la quantité de temps de parole.

\mathcal{V}_{d5} **Test d'utilisabilité de la plate-forme** Un questionnaire est proposé à tous les sujets. Ce questionnaire est une traduction en français du questionnaire SUS (*System Usability Scale*) proposé par BROOKE [1996]. La
10 traduction soumise aux sujets est disponible dans la section C.3 page 169. Il nous permet d'obtenir un score d'utilisabilité de la plate-forme compris entre 0 et 100.

B.4.4 Procédure

La procédure expérimentale se déroule en neuf phases bien distinctes.

15 **Phase 1 : répartition des rôles** Pour commencer, avant de pénétrer dans la salle d'expérimentation, il va être demandé aux sujets de choisir leurs rôles. Nous nous plaçons dans le cadre d'une structure informelle dans laquelle un des sujets sera le coordinateur et les deux autres seront les opérateurs. Chaque rôle est important et il est nécessaire de l'expliquer aux sujets pour qu'aucun
20 des rôles ne soit choisi par dépit. Durant cette première phase, l'expérimentateur explique de façon claire et concise les deux rôles possibles. 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
25 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 premier de présenter les outils de désignation et de déformation. De plus, les sujets sont amenés à se
30 familiariser avec l'interface, la tâche à effectuer, les différentes informations disponibles ainsi que le moyen d'évaluation. La tâche peut être recommencée autant de fois que nécessaire pour un apprentissage correct des outils de désignation et de déformation. L'enregistrement vidéo est mis en marche au début de cette phase.

Phase 3 : introduction de l’haptique Cette troisième phase est également une phase d’entraînement sur la molécule Prion. L’entraînement porte sur l’introduction des assistances haptiques (présentées dans la section 6.3.1 page 115) sur les outils de désignation et de déformation. De plus, cette seconde molécule d’entraînement permet de familiariser les sujets avec une molécule de taille importante. La tâche peut être recommencée autant de fois que nécessaire pour une bonne compréhension des assistances haptiques proposées.

Phase 4 : outil de manipulation Cette nouvelle phase d’entraînement sur la molécule TRP-ZIPPER est destinée à introduire l’outil de manipulation. La tâche peut être recommencée autant de fois que nécessaire afin que le coordinateur assimile correctement ce nouvel outil.

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. L’évaluation s’effectue en deux étapes, avec et sans assistance haptique. En fonction des groupes et afin de contrebalancer la variable \mathcal{V}_{i1} , la première étape d’évaluation s’effectue avec ou sans haptique.

On présente le scénario 1 puis le scénario 2 toujours dans cet ordre. Pour le scénario 1, seuls les outils de désignation et de déformation sont présents. Tous les outils disponibles sont proposés pour le scénario 2.

Au début de chaque scénario, une période de 1 mn de *brainstorming* est laissée aux sujets pendant laquelle ils peuvent visualiser et explorer la molécule non soumise à la simulation. Ensuite, la phase de déformation est proposée. 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 169). 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
5 que les sujets connaissent déjà la molécule. Seules les deux phases de déformations de 8 mn, Ubiquitin puis NUSE:NUSG, sont proposées.

Phase 8 : deuxième partie du questionnaire La seconde partie du questionnaire est complémentaire à la première (voir [section C.3 page 169](#)). Les mêmes questions sont abordées mais pour cette deuxième étape de l'éva-
10 luation donc avec une condition différente concernant l'assistance haptique. 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 169](#)). Durant cette phase, il est demandé aux sujets de ne pas
15 communiquer entre eux. Des informations concernant les caractéristiques du sujet sont également demandée à la fin du questionnaire. L'enregistrement vidéo est arrêté à la fin de cette phase.

Bibliographie

[BROOKE 1996]

- 5 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 154, 156).

Bibliographie

Annexe C

Questionnaires

Sommaire

5	C.1 Première expérimentation	162
	C.2 Seconde expérimentation	168
	C.2.1 Questionnaire pour les monômes	168
	C.2.2 Questionnaire pour les binômes	168
10	C.3 Quatrième expérimentation	169
	C.3.1 Le questionnaire SUS	169
	C.3.2 Évaluation du score SUS	170
15	Bibliographie	171

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
5 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.

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

Quel 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.

- 5 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 :

- 10 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 ?

15 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 ?
- 20 2. Comment évalueriez-vous votre taux de communication...
– verbale ?
– gestuelle ?
– virtuelle ?
3. Vous sentez-vous utile dans le groupe (par opposition à pénalisant) ?
- 25 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
5 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

- 10 Le questionnaire proposé durant la quatrième et dernière expérimentation est une traduction en français du questionnaire SUS proposé par BROOKE [1996]. Il 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.

15 C.3.1 Le questionnaire SUS

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 :

- 20 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
25 Q5. J'ai trouvé que les différentes fonctions de la plate-forme étaient bien intégrées
Q6. J'ai trouvé qu'il y avait trop d'incohérences dans cette plate-forme
Q7. Je pense que la plupart des gens apprendraient rapidement à utiliser cette plate-forme
30 Q8. J'ai trouvé le système très lourd à utiliser
Q9. Je me sentais très confiant en utilisant cette plate-forme
Q10. J'aurai besoin d'apprendre beaucoup de choses avant de pouvoir utiliser cette plate-forme

C.3.2 Évaluation du score SUS

Pour évaluer le score SUS à partir du questionnaire, il faut des score entre 0 et 4 pour chacune des questions. 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

10 Imaginons un questionnaire rempli de la façon suivante :

- Q1. réponse 5 \Rightarrow score $5 - 1 = 4$
- Q2. réponse 4 \Rightarrow score $5 - 4 = 1$
- Q3. réponse 2 \Rightarrow score $2 - 1 = 1$
- Q4. réponse 1 \Rightarrow score $5 - 1 = 4$
- 15 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 $5 - 1 = 4$
- 20 Q10. réponse 2 \Rightarrow score $5 - 2 = 3$

Le score total peut maintenant être calculé.

$$(4 + 1 + 1 + 4 + 1 + 2 + 1 + 1 + 4 + 3) \times 2.5 = 22 \times 2.5 = 55$$

Bibliographie

[BROOKE 1996]

- 5 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. page 169).

[LIKERT 1932]

- LIKERT, Rensis (1932). « A technique for the measurement of attitudes ». Anglais. Dans *Archives of Psychology* 22.140 (cf. pages 162, 168, 169).