

# Évaluation des logiciels de « Gestion des connaissances » : Mapman, Cytoscape et Visant

Marion Verdenaud et Jérôme Gouzy

Version 1.0

Octobre 2007

[Marion.verdenaud@toulouse.inra.fr](mailto:Marion.verdenaud@toulouse.inra.fr)  
[Jerome.Gouzy@toulouse.inra.fr](mailto:Jerome.Gouzy@toulouse.inra.fr)

Laboratoire des Interactions Plantes Microorganismes INRA/CNRS  
ANR Genoplante 2006

## Table des matières

<a href="#">I.Objectif.....</a>	<a href="#">2</a>
<a href="#">II.Méthode QSOS.....</a>	<a href="#">2</a>
<a href="#">III.Grille d'évaluation.....</a>	<a href="#">3</a>
<a href="#">IV.Résultats.....</a>	<a href="#">6</a>
<a href="#">Cytoscape.....</a>	<a href="#">6</a>
<a href="#">Visant.....</a>	<a href="#">10</a>
<a href="#">MapMan.....</a>	<a href="#">14</a>
<a href="#">V.Conclusion.....</a>	<a href="#">18</a>
<a href="#">Bibliographie.....</a>	<a href="#">18</a>
<a href="#">Référence sites.....</a>	<a href="#">19</a>

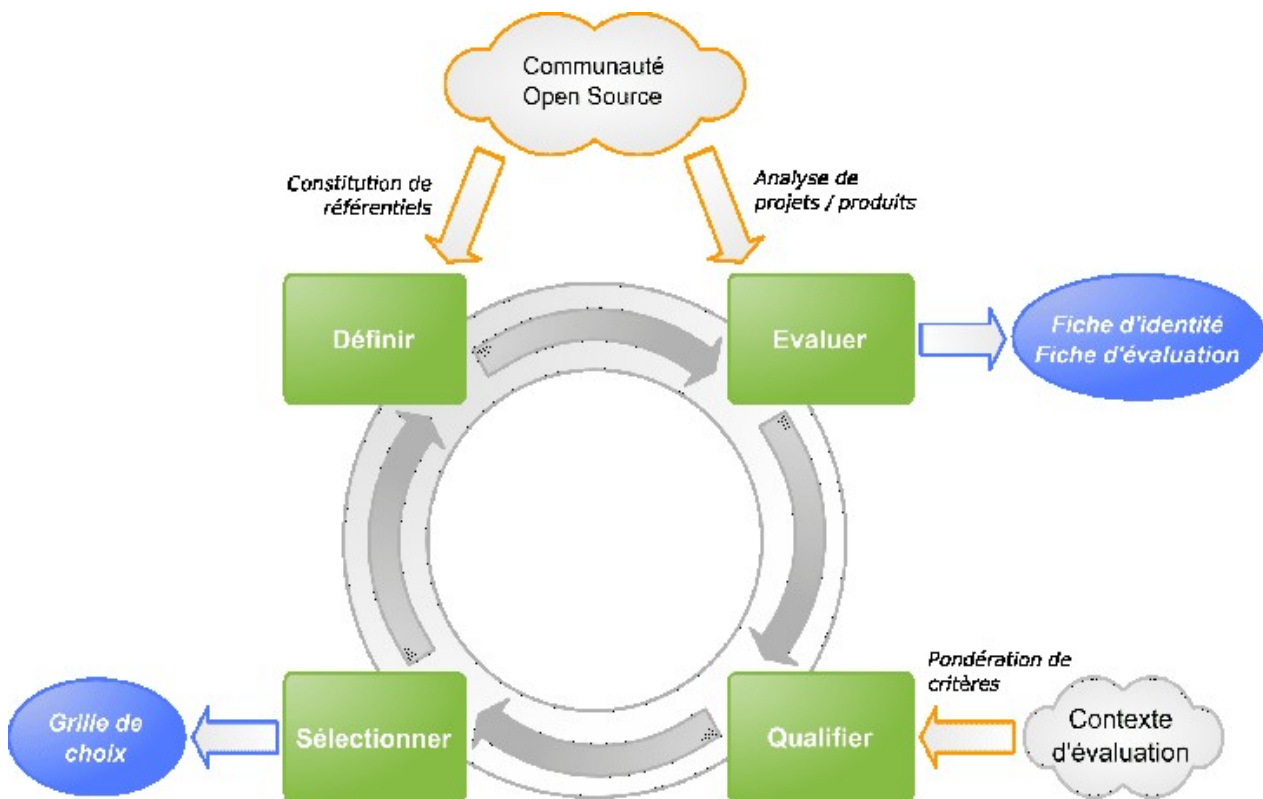
# I. Objectif

Nous visons à établir lequel de Mapman, Visant ou Cytoscape est le mieux adapté pour la représentation des réseaux d'interactions entre objets biologiques mais aussi pour l'intégration des données d'expressions dans des modèles prédéfinis (ex : voie métabolique KEGG) ou construit à façon par le biologiste. Pour comparer ces trois logiciels, nous avons utilisé une méthode libre appelée QSOS. L'utilisation d'une telle méthode permet de formaliser la comparaison et donc d'objectiver le choix du logiciel retenu. Elle permet également de partager l'effort de l'évaluation avec toute autre personne intéressée par le même problème qui devra seulement modifier les coefficients du présent document si ses priorités ne sont pas les mêmes que les nôtres.

# II. Méthode QSOS

La méthode QSOS est un moyen standardisé de comparer et d'évaluer des logiciels open source. Le principe est d'itérer sur les 4 étapes principales. En premier il faut définir les critères d'évaluation, ensuite il faut les évaluer, puis définir une pondération en fonction de l'importance que l'on veut accorder à chacun des éléments pour finir par l'étape de sélection.

Voici un schéma résumant la démarche :



Pour pouvoir évaluer un logiciel il faut disposer de la fiche d'évaluation de son domaine logiciel (type de logiciel). Le site QSOS met à disposition un certain nombre de grilles.

Cependant pour notre domaine, c'est à dire les logiciels de visualisation de données biologique, il n'en existe pas. La première étape de notre travail a donc été de concevoir notre propre fiche.

Pour plus d'information sur le méthode QSOS voir le site Web : <http://www.qsos.org/>

### **III. Grille d'évaluation**

Une fiche d'évaluation est composée de deux grilles. La première est commune à toutes les évaluations et caractérise les critères généraux. La seconde est spécifique au domaine logiciel et jauge les points techniques et fonctionnels.

Dans un premier temps, il faut isoler les principaux éléments fonctionnels de l'application. Cela nous a conduit à définir cinq catégories d'étude :

- l'interopérabilité (gestion des entrées / sorties)
- l'adaptabilité fonctionnelle (extensibilité du logiciel, plugin)
- la visualisation (les différents types de données que l'on peut visualiser)
- l'analyse (les différents outils d'analyse mis à disposition)
- l'utilisabilité (le côté « pratique » du logiciel)

On a tout particulièrement fait attention à la visualisation et l'analyse car il nous semble que ce sont les catégories qui ont le plus d'importance.

Ensuite il faut détailler chaque catégorie pour définir les critères qui seront examinés par la suite. Chaque élément sera noté (0, 1 ou 2) suivant le barème défini dans la grille.

Voici notre grille fonctionnelle :

## Propriétés spécifiques pour le domaine fonctionnel considéré : interopérabilité

### Fichier d'entrée

Nombre de formats de fichiers disponibles	0 : Un seul format disponible, 1 : entre 1 et 5 formats disponibles, 2 : Plus de 5 formats disponibles	
Fichier tabulé	0 : Pas supporté, 1 : partiellement supporté, 2 : totalement supporté	le format est totalement supporté si on peut ouvrir tous les types de données dans ce format.
Fichier XML spécifique	0 : Pas supporté, 1 : partiellement supporté, 2 : totalement supporté	
Fichier XML standard	0 : Pas supporté, 1 : partiellement supporté, 2 : totalement supporté	

### Fichier de sortie

Nombre de formats de fichiers disponibles	0 : Un seul format disponible, 1 : entre 1 et 5 formats disponibles, 2 : Plus de 5 formats disponibles	
Fichier tabulé	0 : Pas supporté, 1 : partiellement supporté, 2 : totalement supporté	le format est totalement supporté si on peut enregistrer tous les types de données dans ce format.
Fichier XML spécifique	0 : Pas supporté, 1 : partiellement supporté, 2 : totalement supporté	
Fichier XML standard	0 : Pas supporté, 1 : partiellement supporté, 2 : totalement supporté	
Format image	0 : pas supporté, 1 : un seul format image proposé, 2 : plusieurs formats images proposés	

### Import/Export

Granularité	0 : aucun import/export, 1 : import/export mais pas sur la totalité des éléments, 2 : import/export pour tous les éléments	Un élément peut être un type de données, une image, la configuration, un fichier de propriétés...
-------------	--	---

### Exécution

Ligne de commande	0 : pas supporté, 1 : partiel (on ne peut pas charger des données), 2 : possible avec différentes options (plug-in, data...)	
Web Start	0 : pas supporté, 1 : supporté mais limité, 2 : totalement supporté	

## Propriétés spécifiques pour le domaine fonctionnel considéré : adaptabilité fonctionnelle

### plug-in

Adaptabilité	0 : possible, 1 : possible en modifiant le code source, 2 : possible via des plug_in	Est-ce que le logiciel permet d'intégrer de nouvelles fonctionnalités ?
Plug-in	0 : pas de plug-in disponibles, 1 : quelques plug-in disponibles, 2 : de nombreux plug-in disponibles	A évaluer si le logiciel intègre les plug-in
Documentation	0 : pas de documentation sur les plug-in, 1 : une documentation succincte disponible, 2 : une documentation et un tutoriel sont disponibles utiliser le plug-in	A évaluer si le logiciel intègre les plug-in

## Propriétés spécifiques pour le domaine fonctionnel considéré : visualisation

### données

Données d'expression	0 : pas de prise en charge, 1 : prise en charge limitée, 2 : prise en charge totale	
Annotation	0 : pas de prise en charge, 1 : prise en charge limitée, 2 : prise en charge totale	
Données d'interaction	0 : pas de prise en charge, 1 : prise en charge limitée, 2 : prise en charge totale	
Pathway	0 : pas de prise en charge des pathways, 1 : prise en charge de certains pathways prédéfinis, 2 : possibilité d'intégrer des pathways et/ou de les charger à partir de base de données	
Intégration des données	0 : pas d'intégration, 1 : intégration de seulement 2 éléments, 2 : intégration de plusieurs types de données	Permet de « superposer » sur un même espace de travail plusieurs types de données
Création de modèles	0 : pas possible, 1 : possible mais limité ou demandant des efforts conséquents, 2 : possible et facile	Possibilité pour l'utilisateur de rajouter ces propres modèles (pathways, interaction...)

### Espèces

Espèces disponibles	0 : logiciel limité à quelques espèces (- de 5), 1 : logiciel limité pas un nombre prédéfini d'espèces (+ de 5), 2 : pas de contraintes d'espèces	
Rajout	0 : rajout d'espèce impossible, 1 : rajout possible mais difficile (long calcul, difficulté technique...), 2 : rajout possible et facile (demande des efforts raisonnables)	

### Espace de travail

Layout	0 : pas de layout, 1 : moins de 10 layouts, 2 : au moins 10 layouts	Gestion de la disposition des types de données sur l'espace de travail
Qualité du layout	0 : mauvaise qualité, l'espace de travail n'est pas mieux organisé, 1 : qualité moyenne, 2 : bonne qualité	La qualité du layout est basée sur sa capacité à mieux organiser l'espace de travail, que celui-ci offre une meilleure disposition. Pour un score de 2 il faut que la majorité des layouts disponibles soient de bonne qualité.
Zoom	0 : pas de zoom, 1 : out/in si sélection d'un mode, 2 : out/in avec la souris	Voir si le zoom se fait via la sélection d'un mode de zoom, ou alors directement avec la souris
Déplacement des éléments	0 : pas de déplacement, 1 : déplacement possible si sélection d'un mode, 2 : déplacement avec la souris	Voir si le déplacement des entités peut se faire directement avec la souris, ou si il faut sélectionner un mode particulier avant
Édition	0 : pas d'édition possible, 1 : édition limitée à quelques éléments, 2 : édition complète possible	
Sauvegarde	0 : pas de sauvegarde de la session, 1 : sauvegarde partielle de la session, 2 : sauvegarde totale	Possibilité de sauvegarder l'espace de travail en entier.

## Propriétés spécifiques pour le domaine fonctionnel considéré : analyse

### Outils

Filtre	0 : pas de filtres disponibles, 1 : filtres prédéfinis, 2 : filtres prédéfinis et possibilité d'en créer	Outil permettant de filtrer l'espace de travail sur une interaction particulière, une annotation...
Statistiques	0 : pas d'outils statistiques, 1 : outils prédéfini, 2 : outils prédéfini et possibilité d'en créer	Outil permettant d'appliquer de faire des statistiques sur les éléments de l'espace de travail.
Recherche	0 : pas de recherche possible, 1 : recherche sur un critère, 2 : recherche sur plusieurs critères simultanés	Outil permettant de rechercher un ou plusieurs éléments dans l'espace de travail (critères : interaction, identifiant, annotation)
Coloration expression	0 : pas de coloration, 1 : coloration si configurée, 2 : coloration automatique	
Fenêtre de travail	0 : une seule fenêtre à la fois, plusieurs fenêtres mais nombre limité au départ, 2 : illimité	Possibilité d'avoir plusieurs espaces de travail ouvert en même temps
Undo	0 : pas de undo possible, 1 : undo d'un pas, 2 : undo de plusieurs pas	
Recherche de structure	0 : pas d'outil de recherche de structure, 1 : outils simples, 2 : plusieurs outils « riches » disponibles (recherche du plus court chemin, recherche de cycles...)	Un outil de recherche de structure permet de rechercher dans un graphe des structure particulière.
Sélection	0 : pas de sélection possible, 1 : sélection limitée, 2 : sélection complète (possibilité d'appliquer des outils d'analyse sur cette sélection)	Sélection d'un certain nombre d'éléments de l'espace de travail.

## Propriétés spécifiques pour le domaine fonctionnel considéré : utilisabilité

Utilisation		
Prise en main	0 : très lente, quelques jours, 1 : moyenne, quelques heures, 2 : rapide (- d'une heure)	
Ergonomie	0 : on ne s'y retrouve pas sans mode d'emploi, 1 : correcte, 2 : très intuitif, quasi aucune documentation nécessaire	
IHM (Interface Homme Machine)	0 : peu esthétique, fouillis, 1 : correcte, 2 : claire, belle plusieurs thèmes disponibles	
Enregistrement	0 : enregistrement obligatoire, 1 : enregistrement nécessaire pour utiliser toutes les options du logiciel, 2 : pas d'enregistrement ou enregistrement facultatif	
Utilisation on-line	0 : pas d'utilisation, 1 : utilisation limitée, 2 : utilisation complète	
Fréquence de plantage	0 : constamment, utilisation difficile, 1 : quelques fois 2 : presque jamais (voir jamais)	
Problème de mémoire	0 : constamment, utilisation difficile, 1 : quelques fois 2 : presque jamais (voir jamais)	

Après avoir spécifié les critères que nous allons prendre en compte, il faut définir leur poids dans l'évaluation. C'est ce qui va donner plus ou moins d'importance à la note attribuée à chaque élément. Cette pondération est à faire en fonction des attentes que l'on a vis à vis des logiciels que l'on compare. Cette étape est indépendante de la conception de la grille fonctionnelle. Les valeurs sont comprises entre zéro et trois (0 pour un critère non évalué, 1 pour un critère optionnel, 2 pour un critère non requis mais intéressant et 3 pour un critère requis). On doit aussi établir le poids de chaque élément pour la grille d'évaluation des critères généraux.

Dans notre cas, nous avons voulu privilégié l'analyse, la visualisation des données et l'adaptabilité, ce sont donc aux éléments de ces catégories que nous avons accordé le plus de poids.

## IV. Résultats

Nous avons procédé à une évaluation des trois logiciels en utilisant la grille définie ci-dessus, la grille d'identité et de la grille d'évaluation des critères généraux fournis par QSOS.

Pour chacun des logiciels nous avons donc la grille de présentation, la grille qui est commune à toutes les évaluation QSOS (grille jaune et rouge) et enfin la grille spécifique à notre type de logiciel (la grille bleu). Il y a aussi un diagramme résumant les résultats, qui permet facilement d'identifier les différences entre logiciels.

### **Cytoscape**

Description	Propriété	Commentaire
<b>Propriétés génériques</b>		
<i>Cartouche</i>		
Référence	Bioinformatique-Cytoscape-2.50	
Date d'évaluation	20/08/07	
Auteur	Marion Verdenaud	
<i>Informations générales</i>		
Nom du logiciel Open Source	<b>Cytoscape</b>	
Domaine fonctionnel du logiciel	<b>bio-informatique</b>	
Description succincte du logiciel	Cytoscape est un outil de visualisation graphique et d'analyse d'interaction biomoléculaire.	
Version évaluée	<b>2.5.0</b>	
Licence(s) auxquelles/à laquelle est soumis le logiciel	GNU LGPL	GNU LESSER GENERAL PUBLIC LICENSE Version 2.1, February 1999
Site principal du projet Open Source	<a href="http://cytoscape.org/">http://cytoscape.org/</a>	
Systèmes d'exploitation compatibles	Linux, Windows, et Mac OS X	
Démonstrations du logiciel		Par exemple, portail de démonstration pour un produit de portail
<i>Services existants</i>		
Documentation	documentation complète et tutoriaux	
Nombre d'offres de support contractuel	0	
Nombre d'offres de prestations de formation	0	
Nombre d'offres de prestations de conseil	0	
<i>Aspects fonctionnels et techniques</i>		
Technologie(s) d'implémentation	Java	
Pré-requis techniques	Java SE 5 or 6	
Fonctionnalités détaillées	Cytoscape is an open source software project for integrating biomolecular interaction networks with high-throughput expression data and other molecular states into a unified conceptual framework. Although applicable to any system of molecular components and interactions, Cytoscape is most powerful when used in conjunction with large databases of protein-protein, protein-DNA, and genetic interactions that are increasingly available for humans and model organisms. Cytoscape's software Core provides basic functionality to layout and query the network; to visually integrate the network with expression profiles, phenotypes, and other molecular states; and to link the network to databases of functional annotations. The Core is extensible through a straightforward plug-in architecture, allowing rapid development of additional computational analyses and features	
Plan de développement ("roadmap")	oui	
configuration de la machine de test	RAM : 1G, processeur : Intel(R) Pentium (R) 4 CPU 3.00GHz, mémoire allouée a Java : 512 Mo	

Description	Note	Valeur / Commentaire	Poids	Notes globales
<b>Pérennité</b>				<b>1,97</b>
<i>Maturité</i>	<b>1,83</b>		<b>6</b>	
Âge	2	publication date de 2003, donc 4 ans	1	
Stabilité	2	logiciel stabilisé	3	
Historique, problèmes connus	1	pas de problème majeur connu	1	
Probabilité de <i>fork</i> , provenance d'un <i>fork</i>	2	<i>fork</i> peu probable	1	
<i>Adoption</i>	<b>2</b>		<b>12</b>	
Popularité	2	logiciel populaire dans la bio-informatique	3	
Références	2	logiciel souvent mis en oeuvre (cité 90 fois dans Pubmed Center)	3	
Communauté des contributeurs	2	activité de la communauté importante	3	
Publications	2	de nombreuses publications	3	
<i>Direction des développements</i>	<b>2</b>		<b>2</b>	
Équipe dirigeante	2	10 personnes identifiées clairement	1	
Mode de direction	2	évolution du logiciel discutée dans la « retraite » cytoscape tout les ans	1	
<i>Activité</i>	<b>2</b>		<b>11</b>	
Nombre de développeurs, identification, turnover	2	une quinzaine de développeurs	2	
Activité autour des bugs	2	un bug tracker sur le site	3	
Activité autour des fonctionnalités	2	une roadmap qui est étudiée tous les ans lors de la « retraite » cytoscape	3	
Activité sur les releases	2	la version 2.5.0 intègre un bon nombre de nouvelles fonctionnalités	3	
<i>Indépendance des développements</i>	<b>2</b>		<b>1</b>	
Indépendance des développements	2	universitaires	1	
<b>Industrialisation</b>				<b>1,27</b>
<i>Services</i>	<b>0,67</b>		<b>3</b>	
Formation	0	pas d'offre de formation	1	
Support	1	pas de support hormis la mailing liste et le forum	1	
Conseil	1	pas de support de conseil hormis le forum et la mailing liste	1	
<i>Documentation</i>	<b>2</b>		<b>3</b>	
Documentation	2	documentation uniquement en anglais mais à jour	3	
<i>Méthode qualité</i>	<b>1</b>		<b>2</b>	
Assurance qualité	0	pas d'assurance qualité	1	
Outillage	2	un bug tracker actif	1	
<i>Exploitabilité</i>	<b>1,29</b>		<b>7</b>	
Installation, déploiement	2	logiciel facile à installer, peu de dépendances	3	
Facilité d'utilisation, ergonomie	1	une aide utilisateur	3	
Administration / Supervision	0	pas d'aspect d'administration	1	
<b>Intégration</b>				<b>2</b>
<i>Respect des standards</i>	<b>2</b>		<b>3</b>	
Respect des standards	2	respect des formats standards de fichiers	3	
<i>Interfaçage</i>	<b>2</b>		<b>2</b>	
Interfaçage avec produits tiers	2	possibilité de charger une URL et plug-in qui permet un interfaçage (Cyto Talk)	2	
<b>Adaptabilité</b>				<b>2</b>
<i>Modularité</i>	<b>2</b>		<b>3</b>	
Modularité	2	plug-in disponibles avec API.	3	
<i>Travaux dérivés</i>	<b>2</b>		<b>6</b>	
Facilité technique de modification du code existant	2	code disponible librement, code commenté et clair	3	
Facilité d'extension du code	2	principe de plug-in	3	
<b>Stratégie</b>				<b>1,5</b>
<i>Licence</i>	<b>1,5</b>		<b>4</b>	
Permissivité	2	licence LGPL	3	
Protection contre des forks commerciaux	0	licence LGPL	1	
<i>Détenteur des droits</i>	<b>1</b>		<b>1</b>	
Détenteur des droits	1	droits détenus par les auteurs	1	
<i>Modification du code</i>	<b>1</b>		<b>3</b>	
Modification du code	1	possibilité de modifier le code	3	
<i>Roadmap</i>	<b>2</b>		<b>2</b>	
Roadmap	2	roadmap avec plan prévisionnel	2	
<i>Sponsor</i>	<b>0</b>		<b>0</b>	
Sponsor	0		1	
<i>Indépendance stratégique</i>	<b>2</b>		<b>1</b>	
Indépendance stratégique	2	licence permissive	1	
<i>Maintenabilité</i>	<b>1,57</b>		<b>7</b>	
Qualité code	2	code de bonne qualité, clair et lisible	2	
Dispersion technologique	2	peu de dépendances	2	
Complexité intrinsèque	1	nécessite une bonne connaissance de Java	2	
Documentation technique	1	documentation existante mais peu fourni	1	
<i>Maîtrise du code</i>	<b>0</b>		<b>0</b>	

## Interopérabilité

1,52

Fichiers d'entrée		1,25	8
Nombre de formats de fichiers disponibles	2	8 formats différents proposés	1
Fichier tabulé	2	fichier tabulé totalement supporté	3
XML spécifique	2	format XML spécifique totalement supporté	1
Fichier XML standard	0	format XML standard pas supporté	3
Fichiers de sortie		1,63	11
Nombre de formats de fichiers disponibles	2	7 formats différents proposés	1
Fichier tabulé	1	permet l'enregistrement juste des interactions	3
XML spécifique	2	permet un enregistrement total	1
Fichier XML standard	0	pas supporté	3
Format image	2	plusieurs formats (bmp, jpg, pdf, svg, png) disponibles	3
Import/Export		2	2
Granularité	2	import/export disponibles sur tous les éléments	2
Exécution		1,5	4
Ligne de commande	2	exécution possible avec chargement d'un espace de travail	3
Web Start	0	pas de possibilité de lancement en Web start	1

## Adaptabilité fonctionnelle

1,67

Plug-in		1,67	6
Adaptabilité	2	plugin disponibles	3
Plug-in	2	de nombreux plug-in disponibles sur le site du logiciel	2
Documentation	0	documentation à chercher chez les développeurs des plug-in, pas toujours présente	1

## Visualisation

1,56

données		1,5	18
données d'expression	2		3
annotation	2		3
données d'interaction	2		3
pathway	0	pas de prise en charge des pathways	3
Intégration des données	2	on peut visualiser sur le même espace de travail, plusieurs types de données	3
Création de modèles	1	possible mais limité par exemple au niveau des méthodes de découverte d'interaction	3
Espèces		1	6
Espèces disponibles	2	illimité	3
Rajout	0		3
Espace de travail		2	10
Layout	2	25 layouts proposés	2
Qualité du layout	2	layouts de bonne qualité, permettent de nombreuses visualisations intéressantes	1
Zoom	2		2
Pan	2		2
Édition	2	un outil particulier vizm apper qui permet d'éditer entièrement l'espace de travail	2
Sauvegarde	2	sauvegarde totale de la session possible	1

## Analyse

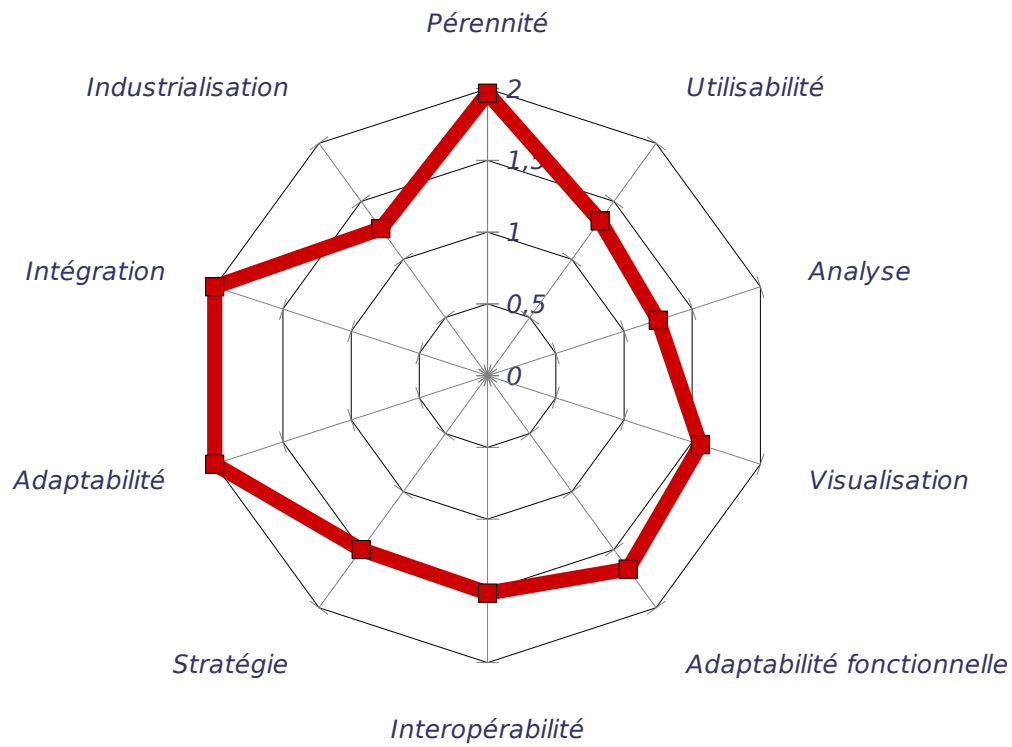
1,25

Outils		1,25	8
Filtre	1	outil permettant de créer des filtres (mais pas de filtres pré-définis)	1
Statistiques	1	certaines plug-in propose des outils statistiques	1
Recherche	1	recherche par le nom pour cytoscape, certains plug-in propose des recherches sur d'autres critères	3
Coloration expression	1	coloration via une configuration de l'espace de travail. Un plug-in est dédié à la coloration de l'expression	3
Fenêtre de travail	2	plusieurs espaces de travail peuvent être ouverts en même temps	1
Undo	2	undo de plusieurs pas	1
Recherche de structure	1	quelques plug-in propose des algorithmes de recherche de structure (plus court chemin...). Pas d'algorithme dans la distribution de départ de cytoscape	1
Sélection	2	sélection complète	1

## Utilisabilité

1,33

Utilisation		1,33	13
Prise en main	1	prise en main nécessitant quelques efforts	3
Ergonomie	1	correcte	2
IHM (Interface Homme Machine)	1	interface correcte	2
Enregistrement	2	aucun enregistrement nécessaire	1
Utilisation on-line	2	utilisation on-line complète	1
Fréquence de plantage	1	quelques fois, dans le chargement de certains plug-in, ou dans l'exécution de layouts	3
Problème de mémoire	2	presque jamais	1



### Synthèse

Tendance générale

Commentaire

Logiciel complet qui peut être étendu facilement.

Ce qui séduit le plus avec Cytoscape est la capacité à rajouter de nouvelles fonctionnalités grâce au plug-in. De plus il offre de nombreux outils d'analyse

**Visant**

Description	Propriété	Commentaire
<i>Cartouche</i>		
Référence	Bioinformatique-Visant-3.04	
Date d'évaluation	20/08/07	
Auteur	Marion Verdenaud	
<i>Informations générales</i>		
Nom du logiciel Open Source	<b>Visant</b>	
Domaine fonctionnel du logiciel	<b>Bio-informatique</b>	
Description succincte du logiciel	Logiciel permettant de visualiser différents types de données biologiques (interaction, expression, pathway)	
Version évaluée	<b>3.04</b>	
Licence(s) auxquelles/à laquelle est soumis le logiciel	Pas clair	la version 1.0 est open source, pour la version 2.0 et plus il faut faire parti des collaborateurs pour avoir accès au code source
Site principal du projet Open Source	<a href="http://visant.bu.edu/">http://visant.bu.edu/</a>	
Systèmes d'exploitation compatibles	Linux, Windows (Mac ?)	
Démonstrations du logiciel		Par exemple, portail de démonstration pour un produit de portail
<i>Services existants</i>		
Documentation	documentation, exemple et tutoriaux	
Nombre d'offres de support contractuel	0	
Nombre d'offres de prestations de formation	0	
Nombre d'offres de prestations de conseil	0	
<i>Aspects fonctionnels et techniques</i>		
Technologie(s) d'implémentation	Java	
Pré-requis techniques	Java Runtime Environnement version 1.5.0_10	
Fonctionnalités détaillées	VisANT has been developed to provide interactive visual mining of biological interaction data sets. The new software provides a general tool for mining and visualizing such data in the context of sequence, pathway, structure, and associated annotations. Interaction and predicted association data can be combined, overlaid, manipulated and analyzed using a variety of built-in functions	
Plan de développement ("roadmap")	non	
configuration de la machine de test	RAM : 1G, processeur : Intel(R) Pentium(R) 4 CPU 3.00GHz, mémoire allouée a Java : 512 Mo	La mémoire allouée à la machine virtuelle Java peut être moins élevée si on ne manipule pas de trop grands jeux de données

Description	Note	Valeur / Commentaire	Poids	Notes globales
<b>Pérennité</b>				<b>0,78</b>
<b>Maturité</b>			<b>1,83</b>	<b>6</b>
Âge	2	3 ans (2004)	1	
Stabilité	2	logiciel stable	3	
Historique, problèmes connus	1	pas de problèmes majeurs connus	1	
Probabilité de <i>for</i> , provenance d'un <i>for</i>	2	Fork très peu probable car le code n'est pas mis à disposition et qu'il y peu d'utilisateurs	1	
<b>Adoption</b>			<b>0</b>	<b>12</b>
Popularité	0	très peu d'utilisateurs	3	
Références	0	très peu cité	3	
Communauté des contributeurs	0	pas de forum, juste une mailing liste peu active	3	
Publications	0	peu de publications	3	
<b>Direction des développements</b>			<b>1</b>	<b>2</b>
Équipe dirigeante	1	4 personnes	1	
Mode de direction	1	indication sur les futures fonctionnalités	1	
<b>Activité</b>			<b>0,91</b>	<b>11</b>
Nombre de développeurs, identification, turnover	2	9 développeurs clairement identifié	2	
Activité autour des bugs	0	pas d'outil de gestion des bugs	3	
Activité autour des fonctionnalités	1	pas de démarches clairement exposée	3	
Activité sur les releases	1	mise à jour fréquente de correction de bugs ou ajout fonctionnalité à la demande de l'utilisateur	3	
<b>Indépendance des développements</b>			<b>2</b>	<b>1</b>
Indépendance des développements	2	universitaires	1	
<b>Industrialisation</b>				<b>1,2</b>
<b>Services</b>			<b>0,67</b>	<b>3</b>
Formation	0	pas de formation proposées	1	
Support	1	support par mail, mailing liste	1	
Conseil	1	conseil par mail	1	
<b>Documentation</b>			<b>2</b>	<b>3</b>
Documentation	2	documentation uniquement en anglais mais mise à jour	3	
<b>Méthode qualité</b>			<b>0,5</b>	<b>2</b>
Assurance qualité	0	pas d'assurance qualité	1	
Outils	1	gestion des bugs par mail	1	
<b>Exploitabilité</b>			<b>1,29</b>	<b>7</b>
Installation, déploiement	2	facile d'installation	3	
Facilité d'utilisation, ergonomie	1	utilisation facilitée par l'aide à l'utilisateur, mais reste quand même un peu technique	3	
Administration / Supervision	0	pas d'outils d'administration	1	
<b>Intégration</b>				<b>1,6</b>
<b>Respect des standards</b>			<b>2</b>	<b>3</b>
Respect des standards	2	respecte les formats standards	3	
<b>Interfaçage</b>			<b>1</b>	<b>2</b>
Interfaçage avec produits tiers	1	possibilité de charger une URL	2	
<b>Adaptabilité</b>				<b>1,33</b>
<b>Modularité</b>			<b>2</b>	<b>3</b>
Modularité	2	plug-in disponibles avec API	3	
<b>Travaux dérivés</b>			<b>1</b>	<b>6</b>
Facilité technique de modification du code existant	0	code source non disponible	3	
Facilité d'extension du code	2	plug-in disponibles	3	
<b>Stratégie</b>				<b>0,17</b>
<b>Licence</b>			<b>0</b>	<b>0</b>
Permissivité	0	? je connais pas la licence	3	
Protection contre des forks commerciaux	0	? je connais pas la licence	1	
<b>Détenteur des droits</b>			<b>1</b>	<b>1</b>
Détenteur des droits	1	les auteurs détiennent les droits	1	
<b>Modification du code</b>			<b>0</b>	<b>3</b>
Modification du code	0	rien de mis en place qui permettrait de proposer une modification du code	3	
<b>Roadmap</b>			<b>0</b>	<b>2</b>
Roadmap	0	pas de roadmap	2	
<b>Sponsor</b>			<b>0</b>	<b>0</b>
Sponsor	0	boston université : <a href="http://www.bu.edu/">http://www.bu.edu/</a>	1	
<b>Indépendance stratégique</b>			<b>0</b>	<b>0</b>
Indépendance stratégique	0		1	
<b>Maintenabilité</b>			<b>0</b>	<b>0</b>
Qualité code	0		2	
Dispersion technologique	0		2	
Complexité intrinsèque	0		2	
Documentation technique	0		1	
<b>Maîtrise du code</b>			<b>0</b>	<b>0</b>
Directe	0		1	
Indirecte	0		1	

## Interopérabilité 1,8

<i>Fichiers d'entrée</i>		2		8
Nombre de formats de fichiers disponibles	2	6 formats disponibles en entrée (PSI-MI, BioPAX, Edge-List, KGML, ID-Mapping, visML)	1	
Fichier tabulé	2	Tous les types de données peuvent être ouverts dans ce format	3	
XML spécifique	2	XML spécifique contenant toutes les informations	1	
Fichier XML standard	2	VisML est un format XML qui prend en charge toutes les informations d'une session	3	
<i>Fichiers de sortie</i>		2		11
Nombre de formats de fichiers disponibles	2	6 formats disponibles (PSI-MI/VisML, BioPAX, SVG, JPEG, text)	1	
Fichier tabulé	1	prend en charge que les interactions	3	
XML spécifique	2	prend toutes les informations en charge	1	
Fichier XML standard	2	prend en charge toutes les informations	3	
Format image	1	un seul format (.jpg)	3	
<i>Import/Export</i>		1		2
Granularité	1	ne permet pas d'exporter tous les éléments (annotations ou expression)	2	
<i>Exécution</i>		1, 2, 5		4
Ligne de commande	1	ne permet pas de d'ouvrir un espace de travail	3	
Web Start	2	possibilité de lancer l'application en Web Start	1	

## Adaptabilité fonctionnelle 1

<i>Plug-in</i>		1		6
Adaptabilité	2	plug-in possibles	3	
Plug-in	0	pas de plug-in disponibles	2	
Documentation	0		1	

## Visualisation 1,38

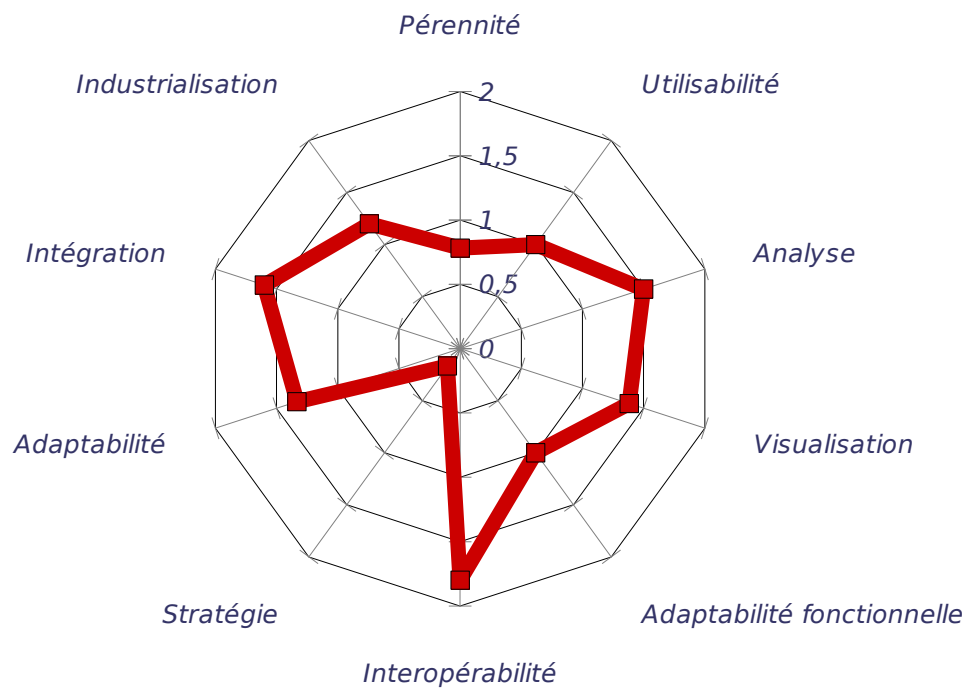
<i>données d'expression</i>		1, 3, 3		18
données d'expression	2	prend totalement en charge	3	
annotation	1	ne prend pas en charge les annotations de l'utilisateur	3	
données d'interaction	2	prend en charge les interactions	3	
pathway	1	ne prend pas en charge des pathways de l'utilisateur	3	
Intégration des données	2	possibilité de « superposer » des types de données	3	
Création de modèles	0	pas de possibilité de créer des modèles	3	
<i>Espèces</i>		0, 5		6
Espèces disponibles	1	103 espèces disponibles	3	
Rajout	0	pas de possibilité de rajouter une espèce	3	
<i>Espace de travail</i>		2		10
Layout	2	14 layouts disponibles	2	
Qualité du layout	2	layouts disponibles de bonne qualité	1	
Zoom	2		2	
Déplacements des éléments	2		2	
Édition	2	permet d'éditer la majorité des éléments de l'espace de travail	2	
Sauvegarde	2	sauvegarde complète de la session	1	

## Analyse 1,5

<i>Outils</i>		1, 5		8
Filtre	1	des filtres disponibles mais pas la possibilité d'en créer	1	
Statistiques	1	outils statistiques fournis, mais pas de possibilité d'en créer	1	
Recherche	2	recherche de plusieurs éléments en même temps	3	
Coloration expression	2	automatique	3	
Fenêtres de travail	0	une seule fenêtre à la fois	1	
Undo	0	pas de undo	1	
Recherche de structure	2	plusieurs outils de recherche de motif intégré	1	
Sélection	2	sélection complète	1	

## Utilisabilité 1

<i>Utilisation</i>		1		13
Prise en main	0	lente quelques jours avant de pouvoir manier correctement le logiciel	3	
Ergonomie	1	correcte	2	
IHM (Interface Homme Machine)	1	correcte	2	
Enregistrement	1	enregistrement permet d'accéder aux fonctionnalités on-line (enregistrement sur un serveur des espaces de travail) et donne accès à quelques fonctionnalités de plus	1	
Utilisation on-line	2	possible et offre même des fonctionnalités supplémentaires	1	
Fréquence de plantage	1	plantage sur quelques layouts et lors de chargement de gros espaces de travail	3	
Problème de mémoire	2	presque jamais	1	



### Synthèse

Tendance générale

Logiciel très complet, pouvant être adapté

Commentaire

Aucun plug-in disponible, bien que possible d'en développer. Le logiciel propose beaucoup de fonctionnalités mais il n'est pas toujours aisé de les mettre en oeuvre. Au final c'est un logiciel qui est peu utilisé

## MapMan

Description	Propriété	Commentaire
<b>Propriétés génériques</b>		
<i>Cartouche</i>		
Référence	Bioinformatique-Mapman-2.0	
Date d'évaluation	20/08/07	
Auteur	Marion Verdenaud	
<i>Informations générales</i>		
Nom du logiciel Open Source	<b>Mapman</b>	
Domaine fonctionnel du logiciel	<b>Bio-informatique</b>	
Description succincte du logiciel	Logiciel qui permet de visualiser des données d'expressions	
Version évaluée	<b>2.0.0</b>	
Licence(s) auxquelles/à laquelle est soumis le logiciel	MPIMPP/RZPD	Max-Planck-Institute for Molecular Plant Physiology and the RZPD German Resource Center for Genome Research
Site principal du projet Open Source	<a href="http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/">http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/</a>	
Systèmes d'exploitation compatibles	Linux, Unix, Windows et Mac	
Démonstrations du logiciel		Par exemple, portail de démonstration pour un produit de portail
<i>Services existants</i>		
Documentation	documentation utilisateur	
Nombre d'offres de support contractuel	0	
Nombre d'offres de prestations de formation	0	
Nombre d'offres de prestations de conseil	0	
<i>Aspects fonctionnels et techniques</i>		
Technologie(s) d'implémentation	Java	
Pré-requis techniques	Java Runtime Environnement	
Fonctionnalités détaillées	MapMan is a user-driven tool that displays large genomics datasets onto diagrams of metabolic pathways or other processes. Here, we present new developments, including improvements of the gene assignments and the user interface, a strategy to visualize multilayered datasets, the incorporation of statistics packages, and extensions of the software to incorporate more biological information including visualization of corresponding genes and horizontal searches for similar global responses across large numbers of arrays	
Plan de développement ("roadmap")	non	
configuration de la machine de test	RAM : 1G, processeur : Intel(R) Pentium (R) 4 CPU 3.00GHz	

Description	Note	Valeur / Commentaire	Poids	Notes globales
<b>Pérennité</b>				<b>0,91</b>
<i>Maturité</i>	<b>1,83</b>		<b>6</b>	
Âge	2	3 ans (2004)	1	
Stabilité	2	logiciel stabilisé	3	
Historique, problèmes connus	1	pas de problème majeur connu	1	
Probabilité de <i>fork</i> , provenance d'un <i>fork</i>	2	<i>fork</i> peu probable car code non disponible	1	
<i>Adoption</i>	<b>1</b>		<b>12</b>	
Popularité	1	logiciel assez populaire dans le domaine végétal	3	
Références	2	beaucoup de références, cité 58 fois dans Pub Med Center	3	
Communauté des contributeurs	0	communauté peu active sur le site de mapman	3	
Publications	1	une dizaines de publications relatives à l'utilisation de mapman	3	
<i>Direction des développements</i>	<b>0,5</b>		<b>2</b>	
Équipe dirigeante	1	deux personnes clairement identifiée	1	
Mode de direction	0	pas de prévisions claires des futurs développements	1	
<i>Activité</i>	<b>0,27</b>		<b>11</b>	
Nombre de développeurs, identification, turnover	0	2 développeurs identifiés	2	
Activité autour des bugs	1	peu de messages dans le forum, mais réponse rapide	3	
Activité autour des fonctionnalités	0	peu de nouvelles fonctionnalités	3	
Activité sur les releases	0	pas de mise à jour fréquentes	3	
<i>Indépendance des développements</i>	<b>2</b>		<b>1</b>	
Indépendance des développements	2	académiques	1	
<b>Industrialisation</b>				<b>1</b>
<i>Services</i>	<b>0,67</b>		<b>3</b>	
Formation	0	pas de formation	1	
Support	1	support mail / forum	1	
Conseil	1	support mail /forum	1	
<i>Documentation</i>	<b>1</b>		<b>3</b>	
Documentation	1	documentation uniquement disponible en anglais et non mise à jour pour les dernières fonctionnalités	3	
<i>Méthode qualité</i>	<b>0,5</b>		<b>2</b>	
Assurance qualité	0	pas d'assurance qualité	1	
Outillage	1	pas d'outil pour la gestion des bugs, juste un forum	1	
<i>Exploitabilité</i>	<b>1,29</b>		<b>7</b>	
Installation, déploiement	2	installation facile	3	
Facilité d'utilisation, ergonomie	1	Utilisation facile grâce à la documentation	3	
Administration / Supervision	0	pas de supervision	1	
<b>Intégration</b>				<b>0,6</b>
<i>Respect des standards</i>	<b>1</b>		<b>3</b>	
Respect des standards	1	respecte le format standard tabulé et excel (.xls)	3	
<i>Interfaçage</i>	<b>0</b>		<b>2</b>	
Interfaçage avec produits tiers	0	propose peu de format de fichiers différents pour interagir avec d'autres applications	2	
<b>Adaptabilité</b>				<b>0</b>
<i>Modularité</i>	<b>0</b>		<b>3</b>	
Modularité	0	pas de plug-in	3	
<i>Travaux dérivés</i>	<b>0</b>		<b>6</b>	
Facilité technique de modification du code existant	0	code source non disponible sur le site	3	
Facilité d'extension du code	0	pas de plug-in	3	
<b>Stratégie</b>				<b>0,27</b>
<i>Licence</i>	<b>0,5</b>		<b>4</b>	
Permissivité	0	licence peu permissive	3	
Protection contre des forks commerciaux	2	licence peu permissive	1	
<i>Détenteur des droits</i>	<b>1</b>		<b>1</b>	
Détenteur des droits	1	Max-Planck-Institute for Molecular Plant Physiology and the RZPD German Resource Center for Genome Research	1	
<i>Modification du code</i>	<b>0</b>		<b>3</b>	
Modification du code	0	pas de possibilité de proposer une modification du code	3	
<i>Roadmap</i>	<b>0</b>		<b>2</b>	
Roadmap	0	pas de roadmap	2	
<i>Sponsor</i>	<b>0</b>		<b>0</b>	
Sponsor	0	<a href="http://gabi.rzpd.de/">http://gabi.rzpd.de/</a> et <a href="http://www.mpimp-golm.mpg.de/">http://www.mpimp-golm.mpg.de/</a>	1	
<i>Indépendance stratégique</i>	<b>0</b>		<b>1</b>	
Indépendance stratégique	0	licence peu permissive	1	
<i>Maintenabilité</i>	<b>0</b>		<b>0</b>	
Qualité code	0		2	
Dispersion technologique	0		2	
Complexité intrinsèque	0		2	
Documentation technique	0		1	
<i>Maîtrise du code</i>	<b>0</b>		<b>0</b>	
Directe	0		1	
Indirecte	0		1	

## Interopérabilité 0,53

<b>Fichiers d'entrée</b>			<b>0,88</b>	<b>8</b>
Nombre de formats de fichiers disponibles	1	2 formats disponibles, texte tabulé et excel (.xls)		1
Fichier tabulé	2			3
XML spécifique	0	pas pris en charge		1
Fichier XML standard	0	pas pris en charge		3
<b>Fichiers de sortie</b>			<b>0,38</b>	<b>11</b>
Nombre de formats de fichiers disponibles	0	un seul format disponible		1
Fichier tabulé	0	pas pris en charge		3
XML spécifique	0	pas pris en charge		1
Fichier XML standard	0	pas pris en charge		3
Format image	1	2 formats proposés : .png et .jpg		3
<b>Import/Export</b>			<b>1</b>	<b>2</b>
Granularité	1	possibilité d'export des fichiers de statistiques générés sur les données		2
<b>Exécution</b>			<b>0</b>	<b>4</b>
Ligne de commande	0	pas de démarrage en ligne de commande		3
Web Start	0	pas de Web Start		1

## Adaptabilité fonctionnelle 0

<b>Plug-in</b>			<b>0</b>	<b>6</b>
Adaptabilité	0	pas de plug-in		3
Plug-in	0			2
Documentation	0			1

## Visualisation 1,09

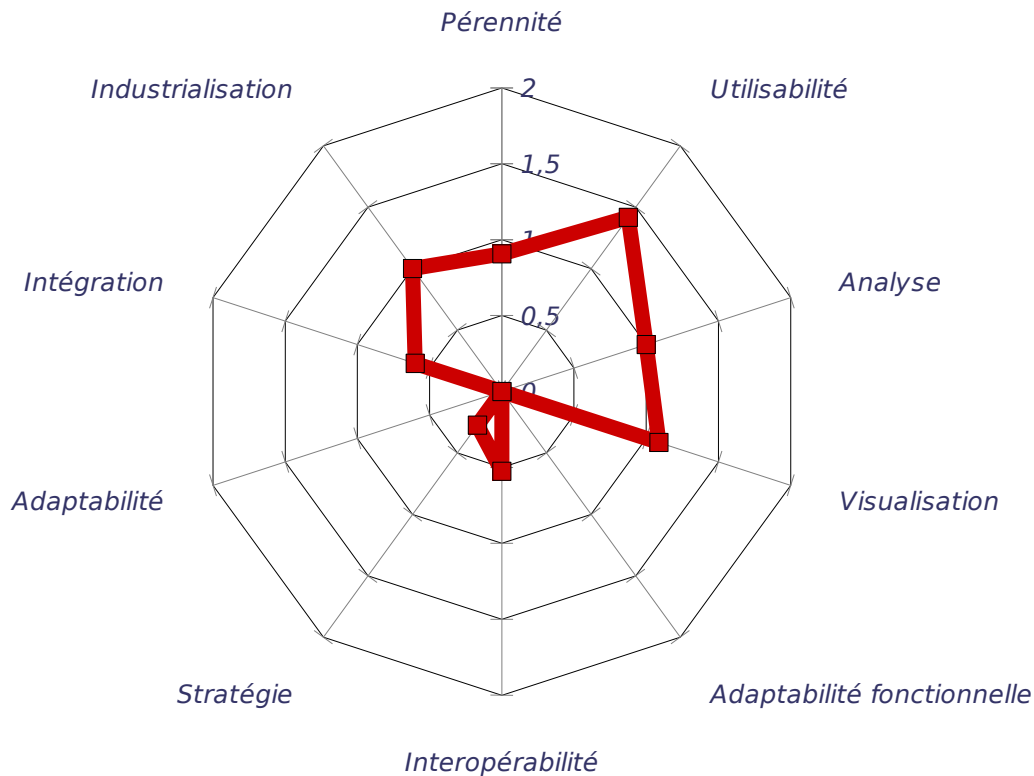
<b>données d'expression</b>			<b>1,5</b>	<b>18</b>
données d'expression	2	prise en charge totale		3
annotation	1	annotation (commentaire sur le gène) intégrer dans les mapping, l'utilisateur ne peut pas proposer les siennes. Ces annotations ne sont pas mises à jour.		3
données d'interaction	0	pas de prise en charge		3
pathway	2	prise en charge totale des pathways. L'utilisateur peut charger ces propres images de pathways		3
Intégration des données	2	permet de visualiser les 2 types de données simultanément		3
Création de modèles	2	possibilité de créer ces propres modèles, pathway + expression		3
<b>Espèces</b>			<b>0,5</b>	<b>6</b>
Espèces disponibles	0	2 espèces disponibles (avec restriction à des puces d'expression particulières)		3
Rajout	1	rajout possible mais demanderai un effort conséquent (long temps de calcul non triviaux)		3
<b>Espace de travail</b>			<b>0,7</b>	<b>10</b>
Layout	0			2
Qualité du layout	0			1
Zoom	0			2
Déplacements des éléments	1	possibilité de déplacer les éléments en mode édition		2
Édition	2	possibilité d'éditer tous les éléments de l'espace de travail		2
Sauvegarde	1	pas de sauvegarde autre qu'au format image		1

## Analyse 1

<b>Outils</b>			<b>1</b>	<b>8</b>
Filtre	0	pas de filtres		1
Statistiques	1	outils statistiques disponibles (outil de correction)		1
Recherche	1	recherche possible sur un seul critère à la fois		3
Coloration expression	2	coloration automatique		3
Fenêtre de travail	2	plusieurs fenêtres de travail peuvent être ouvertes en même temps		1
Undo	0	pas de undo (pas nécessaire)		1
Recherche de structure	0			1
Sélection	0			1

## Utilisabilité 1,42

<b>Utilisation</b>			<b>1,42</b>	<b>13</b>
Prise en main	2	prise en main rapide		3
Ergonomie	1	correcte		2
IHM (Interface Homme Machine)	1	correcte		2
Enregistrement	2	pas d'enregistrement		1
Utilisation on-line	0	pas d'utilisation on-line		1
Fréquence de plantage	1	quelques fois lors du chargement des mappings		3
Problème de mémoire	2	jamais		1



## Synthèse

Tendance générale

logiciel qui n'évolue pas mais qui propose une représentation des données d'expression intéressante

Commentaire

La possibilité de créer ces propres modèles est la fonctionnalité la plus intéressante de ce logiciel

## V. Conclusion

Les résultats de notre étude, montrent que Cytoscape est le mieux placé pour répondre à un maximum de nos besoins. De plus, bien que MapMan ne soit pas bien noté nous l'utiliserons quand même car il dispose de fonctionnalités spécifiques et complémentaires à Cytoscape.

## Bibliographie

Paul Shannon, Andrew Markiel, Owen Ozier, Nitin S. Baliga, Jonathan T. Wang, Daniel Ramage, Nada Amin, Benno Schwikowski, Trey Ideker (2003) **Cytoscape : A Software Environment for Integrated Models of Biomolecular Interaction Networks**. *Genome Res*, **13**, 2498-2504.

Zhenjun Hu, Joseph Mellor, Jie Wu, Charles DeLisi (2004) **VisANT : an online visualization and analysis tool for biological interaction data**. *BMC Bioinformatics*, **5**:17.

Zhenjun Hu, Joe Mellor, Jie Wu, Takuji Yamada, Dustin Holloway, Charles DeLisi (2005) **VisANT : data-integrating visual framework for biological networks and modules**. *Nucleic Acids Research*, **33**, 352-357.

Olivier Thimm, Olivier Bläsing, Yves Gibon, Axel Nagel, Svenja Meyer, Peter Krüger, Joachim Selbig, Lukas A.Müller, Seung Y. Rhee, Mark Stitt (2004) **MAPMAN : a user-driven tool to display genomics data sets onto diagrams of metabolic pathway and other biological processes**. *The Plant Journal*, **37**, 914-939.

Björn Usadel, Axel Nagel, Olivier Thimm, Henning Redestig, Olivier E. Bläsing, Natalia Palacios-Rojas, Joachim Selbig, Jan Hannemann, Maria Conceição Piques, Dirk Steinhauser, Wolf-μRüdiger Scheible, Yves Gibon, Rosa Morcuende, Daniel Weicht, Svenja Meyer, Mark Stitt (2005) **Extension of the Visualization Tool MapMan to Allow Statistical Analysis of Arrays, Display of Corresponding Genes , and Comparison with Known Responses**. *Plant Physiology*, **138**, 1195-1204.

Nicolas Goffard , Georg Weilller (2006) **Extending MapMan : application to legume genome arrays**. *Bioinformatics*, **22(23)**, 2958-2959

Nicolas Goffard , Georg Weilller (2007) **GeneBins : a database for classifying gene expression data, with application to plant genome arrays**. *BMC Bioinformatics*, **8**:87.

Matthew Suderman, Michel Hallet (2007) **Tools for Visually Exploring Biological Networks**. *Bioinformatics*.

## **Référence sites**

<http://visant.bu.edu/>

<http://cytoscape.org/>

<http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/>

<http://www.qsos.org/>