HAL
open science

DEMON-Visualisation : Un outil pour la visualisation des motifs séquentiels extraits à partir de données biologiques

Wei Xing, Paola Salle, Sandra Bringay, Maguelonne Teisseire

To cite this version:

Wei Xing, Paola Salle, Sandra Bringay, Maguelonne Teisseire. DEMON-Visualisation : Un outil pour la visualisation des motifs séquentiels extraits à partir de données biologiques. EGC: Extraction et Gestion des Connaissances, Jan 2009, Strasbourg, France. pp.491-492. lirmm-00373594

HAL Id: lirmm-00373594

https://hal-lirmm.ccsd.cnrs.fr/lirmm-00373594

Submitted on 2 Oct 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

DEMON-Visualisation : un outil pour la visualisation des motifs séquentiels extraits à partir de données biologiques

Wei Xing* Paola Salle* Sandra Bringay *,** Maguelonne Teisseire *

* LIRMM, Univ. Montpellier 2, CNRS, 161 rue Ada, 34392 Montpellier, France
prenom.nom@lirmm.fr,
** Dpt MIAP, Université de Montpellier 3, Route de Mende, 34199 Montpellier Cedex 5

Présentation

Les puces ADN sont une biotechnologie récente utilisée par les biologistes pour quantifier les niveaux d'expression de gènes et ainsi étudier la structure, le fonctionnement et l'évolution du génome. Nous avons proposé d'en extraire des connaissances sous la forme de motifs séquentiels. Un exemple de motif séquentiel obtenu est S = <(Gene1)(Gene2 Gene4)(Gene6)>[100%] ce qui signifie "fréquemment, l'expression de Gene1 est strictement inférieure aux expressions de Gene2 et Gene4 qui sont similaires mais strictement inférieures à l'expression de Gene6". Les motifs séquentiels sont des informations nouvelles pour les experts biologistes.

Pour faciliter l'interprétation des motifs extraits, nous proposons un outil de navigation et de visualisation pour soutenir les utilisateurs dans le processus de découverte, en guidant leur recherche d'un point de vue général vers des ensembles limités de motifs spécifiques.

Dans un premier temps, nous faisons un premier tri des motifs en les regroupant selon des caractéristiques communes. Ensuite, nous proposons à l'utilisateur de naviguer entre les groupes ou au sein d'un groupe (visualisation "nuages") et/ou de visualiser les groupes obtenus (visualisation "briques").

FIG. 1 – *Navigation sous la forme de nuages*