

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 $S = \langle (\text{Gene1})(\text{Gene2 Gene4})(\text{Gene6}) \rangle_{[100\%]}$ 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