

Fonctionnalités du logiciel : IHM et 3D

1. Généralités

L'objectif de la création d'un IHM au logiciel Endosim et plus généralement à ReISCOP est de permettre à l'utilisateur de choisir les substances dont il veut voir les concentrations :

- Soit directement sur le viewer 3D
- Soit sur un graphique 2D en temps réel

Le logiciel doit reconnaître les espèces spécifiques présentes dans le cube ciblé par un pointeur virtuel dirigeable à la souris par l'utilisateur. Après ce « scan », l'interface doit prévoir un menu contenant l'ensemble des espèces présente et 2 boutons par entités afin de choisir le ou les types de visualisation voulues (la visualisation 2D et 3D devant être possible en même temps).

Le pointeur virtuel est un objet 3D inclus dans le viewer, à la manière de l'application deme.

2. Les fonctionnalités de l'interface

L'interface se présentera comme une fenêtre annexe du viewer. Elle ressemble à ceci :

View species

1 Espèces présentes	2 Concentrations	3 2D	4 3D
ACh_cytoplasme	<input type="text" value="21"/>	<input type="text" value="NONE"/>	<input type="checkbox"/>
O2_milieu	<input type="text" value="43"/>	<input type="text" value="1"/>	<input type="checkbox"/>
canaux_calciques_membrane	<input type="text" value="12"/>	<input type="text" value="2"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
CaM_caveole	<input type="text" value="17"/>	<input type="text" value="NONE"/>	<input type="checkbox"/>
canaux_O2_membrane	<input type="text" value="66"/>	<input type="text" value="NONE"/>	<input type="checkbox"/>
Ca_milieu	<input type="text" value="100"/>	<input type="text" value="1"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
recpeteurs_ACh_membrane	<input type="text" value="24"/>	<input type="text" value="2"/>	<input type="checkbox"/>

5
 6
 7

Endothélium Virtuel

L'interface est composée de trois parties. Seule la partie centrale est dynamique. En effet à chaque scan du compartiment où se trouve le curseur, la liste des éléments présents est effectués. Dès lors, la mise à jour de l'interface s'effectue en créant un container comportant le nom de l'espèce chimique, sa concentration en temps réel et les options de vision possible (voir après).

Cette mise à jour se fera uniquement si le système repère que le curseur 3D à changé de compartiment (boucle de détection), afin de ne pas sur-charger le processus.

2.1 Les options de visualisations

Les listes de la colonne 3 permettront d'afficher les espèces chimiques voulue sur le graphique demandé. Au lancement la valeur par défaut est « NONE ». Cette valeur est la seule possible tant qu'un graphique n'a pas été créer (cf. bouton 5). Il y a autant de choix possible que de graphiques instanciés.

Plusieurs espèces pourront être visualisé sur un même graphique, il est donc nécessaire que les couleurs associés aux espèces (lors du scan) soit retranscrites sur le graphique.

Les cases à cocher de la colonne 4 permettront de sélectionner les espèces à visualisé sous forme d'un nuage de point. Les couleurs devront être respectés. La visualisation se fera sur l'ensemble des compartiments et non que sur le compartiment contenant le curseur 3D afin de pouvoir visualiser les phénomène de diffusion.

2.2 Les boutons

Trois boutons sont proposés dans l'interface :

Le bouton 5 permettra de créer une nouvelle fenêtre gnuplot. Cela aura pour conséquence de rajouter le choix de ce graphique dans les listes de la colonne 3. Un clique sur le bouton 5 permettra de rajouter le choix « 1 » qui signifiera que l'on veut afficher l'évolution des concentrations sur le gnuplot 1. Un second clique permettra de rajouter le choix 2 et ainsi de suite.

Le bouton 6 permet de décocher toutes les cases de la colonne 4 et de mettre la valeur NONE à tous les champs de la colonne 3.

Le bouton 7 permet de mettre fin à la simulation en fermants toutes les fenêtres (viewver compris).

3. La visualisation en nuage de point

La représentation 3D de la concentration des espèces chimiques devra se faire grâce à un nuage de point dynamique (la densité de point étant proportionnel à la concentration de l'espèce).

Le nuage de point sera modélisé par un ensemble de boules dont le diamètre est proportionnel à la taille des compartiments et/ou de la distance de visionnage.

Le nuage de point doit se faire sur l'ensemble des compartiments. La répartition des boules doit se faire de manière homogène dans le compartiment. Pour cela une fonction aléatoire est prévue, permettant le placement des boules.

4. La visualisation en graphique gnuplot

Par défaut une fenêtre comportera comme dans la version actuelle, une liste des espèces en cours de visualisation. La fermeture d'une fenêtre gnuplot permettra de supprimer un choix dans les listes de la colonne 3. Les fenêtres gnuplot créer devront avoir comme titre « Gnuplot » + le numéro attribuée lors de leur création. La première se nomera « Gnuplot 1 » par exemple.

5. Le pointeur 3D

Il se présentera sous la forme d'un cône. Le point chaud sera le sommet de celui-ci. Une fonction permettra de connaître le compartiment dans lequel il se situe. Ce cône pourra être bouger comme un objet AreVi grâce à un cliquer/glisser. Si le cône sort de la zone d'étude, un message apparaîtra afin d'inviter l'utilisateur à replacer son curseur.

6. Les couleurs

Les couleurs sont définis lors du scan des espèces. Ces couleurs devront être respectés aussi bien dans les graphiques gnuplot et dans la visualisation des nuages de points.