



(12)

CERERE DE BREVET DE INVENȚIE

(21) Nr. cerere: a 2020 00205

(22) Data de depozit: 16/04/2020

(41) Data publicării cererii:
26/02/2021 BOPI nr. 2/2021

(71) Solicitant:
• INSTITUTUL DE BIOCHIMIE AL
ACADEMIEI ROMÂNE,
SPLAIUL INDEPENDENȚEI 296,
SECTOR 6, BUCUREȘTI, B, RO

(72) Inventatori:

• TACUTU ROBI MARCEL,
BD.CAMIL RESSU, NR.39, BL.Z5, SC.4,
ET.3, AP.55, SECTORUL 3, BUCUREȘTI, B,
RO;
• VOINEA OANA - ALEXANDRA,
STR.VIITORULUI, NR.11B, SAT ROȘU,
COM.CHIAJNA, IF, RO

(54) **METODE DE AUGMENTARE VIRTUALĂ ÎN INSPECTAREA
REȚELELOR BIOLOGICE**

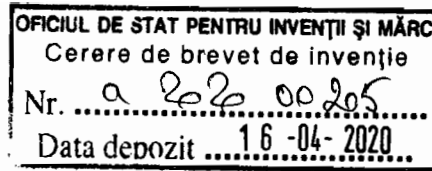
(57) Rezumat:

Invenția se referă la o metodă de vizualizare a rețelelor biologice folosind tehnici 3D și de augmentare virtuală, cu ajutorul dispozitivelor mobile. Metoda conform invenției constă în utilizarea, concomitent, într-un singur produs software, a unui număr de trei tehnici complementare de lucru, și anume: reprezentare în spațiu 3D, realitate augmentată cu marcaj și realitate augmentată fără marcaj, iar navigarea în spațiul tridimensional/realitatea augmentată se face cu ajutorul unui set de gesturi

personalizate pentru interacția cu rețele biologice ca, de exemplu, "apăsare dublă" pentru focalizarea într-o regiune a rețelei, "apăsare simplă" pentru selectarea și editarea poziției, "tragere" cu două degete pentru amplasarea în spațiu a rețelei.

Revendicări: 4
Figuri: 5





57

METODE DE AUGMENTARE VIRTUALĂ ÎN INSPECTAREA REȚELOR BIOLOGICE

Această invenție propune o metodă de vizualizare a rețelilor biologice (ex: rețele de co-expresie genică, interacții proteină-proteină, etc), folosind tehnici 3D și de augmentare virtuală, cu ajutorul dispozitivelor mobile. Metoda propusă este gândită astfel încât să maximizeze imersiunea utilizatorului, oferind posibilitatea folosirii intuitive a resurselor disponibile. Invenția presupune posibilitatea vizualizării datelor în trei scenarii diferite: 1) 3D simplu, 2) Realitate Augmentată (RA) fără folosirea marcajelor suplimentare și 3) RA prin folosirea unei imagini țintă ca marcaj. De asemenea, în cazul RA, invenția propune și folosirea gesturilor pentru navigare. În funcție de limitările dispozitivului mobil disponibil, utilizatorul are posibilitatea să folosească oricare dintre cele trei scenarii.

Folosirea tehnologiilor specifice RA ajută utilizatorul să poată folosi mediul înconjurător pentru poziționarea obiectelor în mediul 3D. Astfel, utilizatorul poate naviga prin cameră pentru observarea mai îndeaproape a componentelor într-un mod cât se poate de natural. Metoda de vizualizare propusă are avantaje față de cele deja cunoscute, bazate în general doar pe renderizare 3D și afișare pe monitoare de calculator. Astfel, metoda extinde modurile de vizualizare și interacțiune cu rețele biologice, oferind o nouă dimensiune pentru investigarea datelor afișate.

Dispozitivele mobile inteligente propuse pentru a fi folosite (de exemplu, telefoane inteligente sau tablete) au un rol dublu. Pe lângă afișarea datelor, acestea oferă și posibilitatea investigării adiționale a resurselor, prin gesturi simple, folosind ecranul pe post de touchpad. Această modalitate de lucru are rolul de a structura interacțiunile utilizatorului, astfel încât investigarea componentelor rețelilor cât și a datelor conținute de către acestea să se facă într-un mod foarte eficient.

Trei criterii sunt necesare pentru afișarea în RA. Dispozitivul trebuie să poată combina mediul real cu cel virtual, să transmită informații în timp real și să poată modifica în mediul 3D intern locația obiectelor afișate pe baza noilor date de poziție a dispozitivului. Aceste dispozitive pot fi de mai multe feluri, mai jos fiind oferite trei exemple de tipuri de dispozitiv:

- A. HMD ("Head Mounted Display") - un dispozitiv ce se poate purta pe cap și care conține un ecran ce redă imagini virtuale. În mod uzual aceste dispozitive sunt numite ochelari de realitate virtuală. Mai nou, unele dispozitive de acest tip

conțin și camere speciale pentru înregistrarea datelor reale, iar utilizatorul poate vedea în timp real o combinație dintre cele două medii.

- B. OHMD ("Optical Head Mounted Display") - un dispozitiv care, la fel ca HMD, poate fi purtat pe cap, și care, pe lângă capacitatea de a proiecta imagini oferă și posibilitatea de a vedea prin el (ex: Microsoft HoloLens).
- C. Dispozitive mobile (ex: telefoane inteligente) cu unități de procesare suficient de puternice și care își pot detecta schimbările de poziție în timp real folosind date GPS sau date legate de accelerație și inerție.

Solutii si brevete existente

Nu au fost identificate metode de vizualizare a datelor din rețele biologice, combinând atât o vizualizare într-un mediu renderizat 3D, pe calculator, cât și prin RA. Mai jos, prezentăm o serie de invenții pentru folosirea, în general, a RA, precum și invenții pentru vizualizarea rețelelor în spațiul 3D.

US20170132806A1 descrie un sistem pentru aplicații de RA și realitate virtuală (RV) pentru vizualizarea unui spațiu 3D generic. Înregistrarea datelor și redarea acestora este făcută cu ajutorul unui HMD purtat de către utilizator în mediul fizic. Metodele disponibile de redare a mediului în sistemul propus înregistrează imagini ale mediului înconjurător din câmpul său vizual, iar procesorul dispozitivului detectează sau selectează un marcaj din mediul vizualizat pe baza unor imagini detectate. Procesorul dispozitivului determină sau urmărește poziția și orientarea dispozitivului pe baza procesării imaginilor marcajului înregistrat.

US10203762B2, obținut de către firma Magic Leap, prezintă configurații speciale pentru a arăta utilizatorilor experiențe de RA și RV. O revendicare a acestei invenții este legată de gesturi și implementarea eficientă a recunoașterii gesturilor în timp real. Metoda presupune stocarea într-o bază de date a unor gesturi predeterminate pentru a eficientiza recunoașterea acestora în timp real. Sistemul de RV construit conține o interfață virtuală pentru a înregistra datele de intrare și interacțiunea cu utilizatorul.

Invenția US20110029903A1 prezintă un sistem ce oferă unui observator o experiență, în timp real, de realitate mixtă a unui spațiu fizic de muncă suprapus cu un mediu ce conține obiecte virtuale. Utilizatorul are posibilitatea să manipuleze aceste obiecte pe baza acțiunilor efectuate în spațiul fizic. Realitatea mixtă reprezintă o altă metodă de interacțiune pe lângă RA și RV. Spre deosebire de RA, unde în timp real se face o suprapunere a elementelor virtuale peste vizualizarea mediului real, în cazul realității



mixte, utilizatorul poate interacționa cu aceste elemente ca și cum ar fi cufundat acolo. Un alt caz particular în definirea realității mixte este atunci când un utilizator de RV este văzut din exterior în același timp cu spațiul virtual [ex: <https://www.vrstudio.ro>]. În continuare, menționăm o serie de inovații din domeniu ce au ca scop vizualizarea rețelelor în spațiul 3D, dar care nu conțin și o componentă de augmentare virtuală, cum ar fi: US7224362B2, KR101842681B1, EP0935210A2.

US7224362B2 revendică o metodă de vizualizare, prin suprapunerea mai multor rețele în mediul 2D. În această metodă, în primul rand se afișează diagrama unei rețele ce conține o serie de noduri interconectate prin muchii. Peste aceasta, sunt suprapuse alte diagrame, ale unor rețele ce au cel puțin un nod comun cu diagrama inițială. Pentru a evidenția rețeaua principală, aceasta este desenată clar, pe când cele secundare sunt desenate încețoșat.

Invenția prezentată în KR101842681B1 descrie o nouă metodă pentru vizualizarea automată a rețelelor biologice la scara mare. Etapele metodei sunt: 1) determinarea unei stări de conectare a nodurilor, bazată pe o lista de muchii introdusă ca date de intrare de către utilizator, 2) recunoașterea caracteristicilor biologice ale nodurilor, bazată pe informațiile conținute în lista de noduri, 3) calcularea similarității biologice dintre noduri având ca bază caracteristicile biologice ale fiecărui nod, 4) calcularea informațiilor de coordonate bazându-se pe valorile obținute la pasul anterior și 5) vizualizarea rețelei biologice în spațiu 3D.

EP0935210A2 prezintă sisteme și metode de vizualizare a informațiilor obținute din analiza de expresie a unor seturi de date din diverse surse cum ar fi: acizi nucleici, proteine sau alți polimeri. Sistemul descris în acest brevet poate afișa nivelul de expresie a mai multor gene simultan pentru a facilita identificarea de către utilizator a genelor a căror expresie este semnificativă pentru o anumită caracteristică cum ar fi o boală sau rezistența la o anumită boală.

Dezavantajele metodelor existente

La modul general, metodele de augmentare virtuală oferă utilizatorului posibilitatea de a adăuga informații adiționale peste mediul real, cu scopul de a observa mai ușor diferite elemente de interes. Pe de altă parte, metodele de vizualizare a rețelelor biologice folosesc diverse tehnici pentru inspectarea eficientă a datelor. Până în acest moment nu a fost identificat niciun brevet care să utilizeze capacitatea de augmentare

a dispozitivelor mobile, pentru îmbunătățirea soluțiilor de vizualizare și analiză a rețelelor biologice.

Sistemele descrise în US20170132806A1, US20110029903A1 și US10203762B2 folosesc dispozitive de tip HMD pentru vizualizarea datelor augmentate. Folosirea unui asemenea dispozitiv este incomodă, iar imersiunea utilizatorului pentru inspectarea unei rețele biologice mari este limitată deoarece câmpul vizual este mult restrâns față de mediul natural (90-120 grade față de ~180 în mediu natural)¹. De asemenea, în timpul vizualizării datelor augmentate, dispozitivele HMD nu beneficiază de un un grad de mobilitate ridicat care să ajute la evitarea stării de rău de mișcare, așa cum este cazul pentru telefoanele inteligente sau pentru tablete².

US20170132806A1 conține o metodă de RA, în care se folosesc marcaje ce sunt recunoscute de programul rulat pentru a determina locația și a ancora conținutul augmentat în spațiul 3D. Pentru folosirea acestei metode este necesar ca utilizatorul să dețină tot timpul la îndemână un set de imagini țintă, printate, pentru a putea afișa conținutul dorit. Metoda este limitată deoarece fără a avea acele marcaje, utilizatorul nu poate să afișeze sau să inspecteze datele de interes. O soluție este posibilitatea de a alege diferite metode de augmentare sau virtualizare care să ofere utilizatorului o libertate mai mare în inspectarea datelor în funcție de situație sau de datele de intrare. De asemenea, niciuna dintre metodele de mai sus nu este construită personalizat pentru vizualizarea rețelelor biologice.

US7224362B2 folosește multiple rețele desenate în mod suprapus, dar nodurile acestor rețele sunt plasate de fapt într-un spațiu 2D, utilizarea modului 3D fiind folosită doar pentru vizualizarea mai multor modele în același timp. Astfel, această metodă nu profită complet de avantajele modului 3D. De asemenea, tehnicile propuse în acest caz sunt limitate deoarece datele de interes sunt desenate în mod clar pe cand cele secundare sunt desenate în mod difuz, limitând folosirea metodei la un tip particular de analize. Această separare în două categorii, poate fi utilă în anumite cazuri, dar este departe de a fi generală și este insuficientă atunci când un set complex de date trebuie interpretat pe baza unui număr mai mare de criterii.

¹ Voinea A, Moldoveanu A, Moldoveanu A. *ICERI2016 Proceedings*, 2016, 8757-8764

² Rebenitsch L, Quinby B. Cybersickness and Postural Sway Using HMD Orientation. In: Chen J., Fragomeni G. (2019) *Virtual, Augmented and Mixed Reality. Multimodal Interaction. HCI 2019. Lecture Notes in Computer Science*, vol 11574. Springer, Cham.

Avantajele metodei propuse

Noutatea metodei propuse în acest brevet este în primul rând legată de folosirea spațiului 3D real ca mediu de exploatare a rețelelor utilizate în biologie, rețelele fiind disponibile atât în mediul 3D virtual cât și în mediul augmentat. Este de menționat că vizualizarea în mai mult de două dimensiuni crește semnificativ capacitatea utilizatorului de a investiga topologia și proprietățile rețelelor. De asemenea, prin îmbinarea metodelor de vizualizare în mod 3D (pe ecranul dispozitivului) cu metode de augmentare virtuală, într-un singur produs, se poate îmbunătăți modul de analiză și vizualizare a unor seturi complexe de date.

Prin opțiunea de vizualizare cu RA, un alt avantaj al metodei propuse este și posibilitatea proiectării și dezvoltării unei aplicații cu un grad ridicat de disponibilitate pentru utilizatori, datorită numărului foarte mare de dispozitive compatibile. Astfel, în funcție de modul de vizualizare ales, metoda poate fi disponibilă: 1) în mod pur virtual (3D) pentru o gamă foarte extinsă de dispozitive inteligente (de exemplu, metoda poate fi folosită pentru o aplicație compatibilă cu dispozitive care folosesc sistemul Android), 2) în mediul virtual cu marcaj, folosind drept marcaj un set de imagini țintă pentru dispozitive capabile să detecteze și să clarifice imaginile în timp real, numărul dispozitivelor compatibile fiind ceva mai mic comparativ cu primul caz, și 3) într-un mediu augmentat fără marcaje, bazându-se în special pe tehnologia de "Ground Plane Detection", numărul dispozitivelor suportate fiind mult mai mic dar impactul și rezultatul obținut fiind net superior.

Metoda propusă acordă, de asemenea, o atenție specială și interacției dintre utilizator și mediu 3D în care sunt reprezentate rețelele, prin propunerea unui set de gesturi ce pot fi utilizate pentru investigarea facilă a datelor afișate. Scopul acestor gesturi este de a mari imersiunea utilizatorului cu mediul afișat oferind posibilitatea de a analiza rețelele folosind mișcări cât mai naturale pentru utilizator. Gesturile propuse au rolul de a ușura munca utilizatorului în inspectarea diverselor elemente disponibile conform datelor de intrare.

Descrierea Metodei

În contextul acestei cereri de brevet, o rețea este considerată a fi un set de date de tip graf, a cărei structură conține entități interconectate. Aceste entități sunt numite noduri iar conexiunile dintre ele sunt numite legături sau muchii. Soluția propusă implică încărcarea datelor de intrare a rețelelor biologice fie într-un format propriu, fie ca date

exportate după procesare din programe terțe, cum ar fi de exemplu Cytoscape (la acest moment Cytoscape fiind cea mai folosită soluție pentru construirea și vizualizarea rețelelor și a seturilor complexe de date 2D³), și reprezentarea datelor în spațiul 3D. Metoda include posibilitatea de a explora medii diferite de desenare: 3D, RA fără marcaj și RA cu marcaj în funcție de capabilitățile dispozitivului inteligent folosit.

Navigarea în cadrul spațiului 3D/RA se face cu ajutorul unui set de gesturi adaptate tipului de date și reprezentării acestora. Gesturile folosesc mișcări naturale și orientate către îmbunătățirea experienței utilizatorului și eficientizarea navigării. Folosind "Drag" (Trage) cu 2 degete, rețeaua se poate mișca în spațiu, pe axele X și Y conform datelor înregistrate pe ecranul tactil. Folosind sistemul de rotație cu 2 degete, "Rotate", rețeaua se poate roti în spațiul 3D. De asemenea, tot cu 2 degete se poate mări sau micșora rețeaua folosind un sistem de prindere "Pinch Grip". Dacă se apasă de 2 ori pe un nod, "Dublu tap", acesta este focalizat automat, iar camera face o mișcare de tranziție (lină sau abruptă) în proximitatea nodului selectat. Dacă se folosește o singură atingere ("Single tap"), nodul poate fi selectat și mutat în spațiu (în mod de editare), muchiile adiacente fiind ajustate conform noilor coordonate. De asemenea, utilizatorul poate seta ca parametri editabili doar noduri sau noduri și primii vecini conectați. Posibilitatea de a edita și de a mișca nodurile conținute de rețea oferă utilizatorului posibilitatea de a așeza datele și de a le potrivi astfel încât să poată observa mai ușor datele de interes, sau pentru a elibera anumite zone pentru a oferi o vizibilitate mai bună în anumite regiuni ale rețelei. Aceste gesturi sunt disponibile pe toate cele 3 medii de desenare.

Descrierea figurilor

Fig. 1. Diagrama de activități cu opțiunile utilizatorului și pașii necesari ce trebuie a fi urmați pentru utilizarea metodelor de augmentare virtuală.

Fig. 2. Exemplu de încărcare a datelor de intrare cu ajutorul altor programe (ex: Cytoscape).

Fig. 3. Exemplu de diagramă cu structura claselor necesare pentru importarea datelor de intrare (ex: din Cytoscape).

³ A. Pavlopoulos et. Al. 2015 –"Visualizing genome and systems biology: technologies, tools, implementation techniques and trends, past, present and future"

51

Fig. 4. Exemplu de structură a componentelor logice ale unei potențiale aplicații bazată pe metoda descrisă în acest brevet.

Fig. 5. Corelarea simbolurilor de reprezentare a nodurilor din mediul 2D în 3D.

Descrierea metodei cu referire la figuri

În **Fig. 1** este afișată o diagramă de activități disponibile pentru o aplicație ce ar încorpora metodele de investigare a rețelelor biologice propuse aici. Mai întâi, utilizatorul poate selecta setările preferate (putând exista și valori generice predefinite). Toate setările modificate vor fi păstrate în dispozitivul inteligent, astfel încât, la fiecare rulare, configurația preferată să fie încărcată. Mai departe, utilizatorul are acces la următoarele acțiuni: 1) selectarea rețelei, 2) selectarea mediului și 3) selectarea schemei.

Selectarea rețelei oferă posibilitatea de a încărca și citi o rețea de date. Datele de intrare pot proveni din diferite surse de date biologice. Pentru exemplificare, în **Fig. 1**, au fost menționate: date de sinergism precum cele din baza de date SynergyAge⁴, date de tip interacții microRNA - proteină, sau date de tip interacții proteină - proteină exportate din Cytoscape. Aceste exemple demonstrează extensibilitatea metodei către o varietate de rețele folosite în domeniu.

Utilizatorul poate selecta modul de afișare: 3D simplu, RA cu marcaj și RA fără marcaj. Metoda poate presupune și existența unei valori de start folosită implicit (de ex: mediul 3D simplu), celelalte opțiuni fiind disponibile în funcție de capabilitățile dispozitivului inteligent folosit.

De asemenea, utilizatorul poate selecta și o schemă de poziționare topologică pentru afișarea nodurilor. Datele, fie într-un format propriu sau importate de la alte programe, pot conține informații despre pozițiile nodurilor (în general pentru axele X și Y), dar și informații despre muchiile ce vor fi afișate în 3D. Pentru desenare, propunem două exemple de poziționare topologică: 1) coordonatele sunt calculate pe baza datelor importate (de exemplu, sunt preluate pozițiile din exportul Cytoscape, iar în cazul în care lipsește coordonata Z aceasta se inițializează cu 0 - creând o schemă 2.5D cu un singur plan), și 2) o schemă în care nodurile sunt așezate la poziții noi (de exemplu, în sferă față de centrul rețelei). De asemenea, intern propunem și crearea unei rețele ce poate fi scalată cu un factor de mărire pentru a genera vizual aceleași configurații ca cele setate în programele de preprocesare a datelor (acest element poate mări sau

⁴ SynergyAge: <http://synergistic.aging-research.group/>

micșora rețeaua, păstrând pozițiile nodurilor relativ în aceleași poziții față de celelalte noduri). Acestea sunt doar două exemple de scheme, alte scheme (layout-uri) putând fi de asemenea folosite de metoda noastră (de exemplu, așezarea nodurilor copii în spații sferice determinate de conectivitatea, sau mai general, importanța nodului părinte). În timpul rulării, la orice moment, utilizatorul are posibilitatea de a păstra schema curentă sau de a genera o nouă schemă, unde nodurile să fie așezate pe mai multe planuri cu ajutorul unui algoritm de distribuire. Mai jos, prezentăm un exemplu de setare a schemei 3D:

Funcție SetareSchema3D(valoareExtindereGraf)

{valoareaExtindereGraf este setată în momentul construirii setului de date pe baza setărilor folosite; de exemplu medii de vizualizare diferite necesita o valoare distinctă - în mediul de RA, pentru o buna vizualizare, fiind necesara o rețea mult mai mare pentru evitarea măririi la fiecare rulare a nodurilor}

razaGenericaNodCentral ← 1200;

{Un Nod Central are cu siguranță multe noduri adiacente și din acest motiv are nevoie de mult mai mult spațiu pentru a le afișa pe toate}

razaGenericaNodNonCentral ← 800;

{Un Nod ce nu este Central are mult mai puține noduri adiacente (chiar si 0) și din acest motiv are nevoie de mai puțin spațiu pentru a se încadra în noua schema}

nodCentralAnterior ← 0;

Pentru $i \leftarrow 0, i < \text{nr. de noduri}, +1$ **executa**

Dacă nodul i nu a fost vazut și nodul i este un nod central **Atunci**

razaPreferata ← razaGenericaNodCentral * valoareaExtindereGraf;

pozitiaNodului ← pozitiaNoduluiDinCytoscape(2D) * valoareaUnitaraDinSfera * razaPreferata;

{valoareaUnitaraDinSfera returnează un număr între 0 si 1 care reprezintă o poziție arbitrară într-o sferă de raza 1, această valoare este folosită pentru a poziționa arbitrar nodurile adiacente în jurul unui nod părinte}

Nodul $i \leftarrow$ vizitat;

SfDacă

Pentru $j \leftarrow 0, j < \text{nr. de noduri}, +1$ **execută**

Dacă matricea de adiacență pentru nodul i și j există și nodul j nu a fost vizitat

Atunci:

{Verifică dacă există o muchie între nodurile i și j iar nodul j nu a fost vizitat până acum pentru a suprascrive poziția anterioară și a denatura forma rețelei}

razaPreferata ← razaGenericaNodNonCentral * **valoareExtindereGraf**;

pozitiaNodului j ← pozitiaNodului i * **valoareUnitaraDinSfera** *
razaPreferata;

nodul j ← vizitat;

SfDacă

SfPentru

SfPentru

SfFuncție

După ce au fost selectate opțiunile dorite, utilizatorul are posibilitatea de a vizualiza datele, cărora le poate aplica mai întâi diverse operații pentru a aduce focusul pe o anumită zonă de interes a rețelei. Utilizatorul poate inspecta datele folosind diverse gesturi, și poate selecta sau interacționa cu nodurile/datele afișate. Utilizatorul are și posibilitatea de a afișa și de a ascunde, atât datele generice ale rețelei cât și cele definite de el.

În **Fig. 2**, se poate vedea care este structura datelor de intrare și modul lor de obținere. Datele pot fi obținute folosind de exemplu Cytoscape sau alte programe similare ca funcție. În **Fig. 2**, Cytoscape este folosit ca exemplu datorită popularității sale și deoarece permite folosirea unor formate de date foarte răspândite și flexibile (ex: .json). Metoda curentă propune folosirea unor astfel de formate, pentru a oferi un suport sporit potențialilor utilizatori cu tipuri similare de date. În general, o rețea poate fi definită prin 2 fișiere cu date de intrare: unul cu date având o listă de noduri și una de muchii care fac referire la nodurile care interacționează, și un fișier care conține date despre stilul ce trebuie folosit pentru reprezentarea grafică a rețelei (ex: forma nodurilor, dimensiunea nodurilor, culoarea și opacitatea textului, culoarea de fundal etc). Dacă fișierul care face referire la stilul rețelei nu este disponibil, rețeaua poate fi desenată folosind un stil generic. În Cytoscape de exemplu, sunt disponibile 10 forme 2D pentru reprezentarea nodurilor, iar metoda propusă în această cerere urmărește o paritate cât mai aproape de 1:1 între reprezentările 2D și cele 3D. Astfel în **Fig. 3**, sunt propuse următoarele forme corespondente: (diamant, cub la 45 de grade pe Z), (elipsă - sferă), (hexagon, dodecaedru), (paralelogram, paralelogram 3D), (octagon,

icosaedru), (dreptunghi, paralelogram), (dreptunghi rotunjit, paralelogram rotunjit), (triunghi, tetraedru), (săgeată V, model 3D în formă de V), iar dacă nicio setare nu este identificată, atunci nodurile vor fi desenate în mod implicit sub formă de cuburi sau paralelograme rotunjite.

Pentru importarea datelor, după cum se poate observa în exemplul din **Fig. 4** datele folosite pot fi atât generice cum ar fi: id, nume, selected (boolean care ne spune dacă nodurile sau muchiile sunt selectate), cât și definite de utilizator precum: simbolul afișat (symbol), diferența în valoarea expresiei (up_down_regulated) sau tipul celulei în care a fost găsită în mod diferențiat (cell_type). Unele clase generice pot avea tipuri de date fixate clar, în funcție de programul din care sunt importate - De exemplu, pentru Cytoscape, SUID (integer), shared_name (string), name (string), selected (boolean), pe când alte clase definite de utilizator pot fi create în mod distinct permițând o acoperire foarte largă a câmpurilor definite (și având o listă cu lungime arbitrară de attribute personalizabile - CustomAttributes).

Dezvoltarea unui produs care să conțină toate cele trei medii (3D, RA cu marcaj și RA fără marcaj), disponibile într-o singură scenă, folosind de exemplu Unity, nu este trivială. În **Fig. 5** este exemplificată o posibilă structură a componentelor logice din cadrul unei potențiale aplicații, bazată pe metoda descrisă în acest brevet. Sunt afișate cu font italic scripturi deja implementate în alte surse externe (ex: framework-uri), iar cu font normal scripturi necesare pentru implementarea funcționalităților menționate în această metodă. De asemenea, propunem o abordare în care toate scenariile se bazează pe o singură scenă dar activarea și dezactivarea lor se face într-un mod bine stabilit. O clasă TrackingManager, de tip Singleton, poate oferi managementul resurselor active și inactive în timpul rulării, pe baza opțiunilor setate. Sunt necesare de asemenea: o clasă responsabilă cu managementul gesturilor (GestureManager.cs) și încă o clasă pentru citirea și generarea rețelei (Network3D.cs). Componentele principale (GameManager, ARCamera, MainCamera, UIManager și NetworkManager) ale scenei sunt considerate copii direcți ai scenei vizate, iar aplicația are în total două scene pentru optimizarea dezvoltării: 1) meniul/scena dedicată selectării opțiunilor dorite și 2) meniul/scena dedicată vizualizării și investigării rețelei dorite în mediile setate.

Exemple de aplicare a metodei propuse

Metoda poate fi folosită în domeniul biologiei sistemelor, cu aplicații multiple - analiza rețelelor de interacțiune proteină - proteină, medicament - proteină, microRNA - proteină etc, analiză rețelelor de co-expresie, pentru evidențierea diferențelor de expresie a genelor în contextul interacției cu alte gene, etc. În continuare, exemplificăm utilitatea metodei dezvoltate, considerând ca intrare, datele importate din baza de date SynergyAge, pentru organismul *C. elegans*⁵. În acest caz, nodurile reprezintă mutații cu una sau mai multe intervenții genetice, în timp ce interacțiile reprezintă tranzițiile între mutații cu n intervenții și cei cu $n+1$ intervenții. La momentul scrierii acestei cereri, rețeaua ce trebuie vizualizată conține peste 1000 de noduri. În cazul în care aceste noduri sunt afișate într-un spațiu 2D, iar mărimea ferestrei afișate și gradul de scalare sunt stabilite, axele X și Y pot oferi pentru desenarea directă a celor 1000 de noduri un spațiu de aproximativ 33x33 noduri (dacă considerăm o foarte improbabilă distribuție uniformă). Dacă am desena în schimb rețeaua de interes direct în mediul 3D, și am considera noua dimensiune Z similară cu X și Y din punct de vedere al granularității ar putea fi reprezentate rețele până la de 33 de ori mai mari, păstrând aceeași calitate vizuală (mărime noduri, fonturi, etc). În practică, algoritmul folosit poate fi unul simplu care plasează nodurile în volumul unei sfere, luând în considerare importanța nodului părinte (de exemplu după numărul de conexiuni). Datele menționate mai sus conțin informații despre longevitatea tulpinilor folosite în experimente și deoarece sunt exportate din Cytoscape.js în format .json, conțin adnotări definite de utilizator putând îmbogăți cu ușurință informația afișată.

O astfel de aplicație a fost dezvoltată⁶ și testată pe 3 dispozitive Android diferite:

1. Clasa 1 - Samsung S8
2. Clasa 2 - NVidia Shield
3. Clasa 3 - Nokia HMD 2

Deși primele două dispozitive suportă librăria Vuforia, cel de-al treilea dispozitiv (Nokia HMD 2) este incompatibil cu Vuforia datorită sistemului de operare și a senzorilor încorporați (de exemplu lipsește giroscopul, necesar argumentării în spațiul 3D). În astfel de cazuri, modul de desenare 3D simplu este singurul disponibil pentru desenarea și investigarea datelor citite. De asemenea, NVIDIA Shield suportă librăria Vuforia, dar nu poate folosi RA fără marcaj ci doar RA cu marcaj. Samsung S8, cel

⁵ <http://synergistic.aging-research.group/roundworm/>

⁶ Acces aplicație versiune Apha: <https://play.google.com/apps/testing/com.ibar.demonetworksAR>

mai puternic dintre cele 3 dispozitive testate, suportă toate cele 3 medii de desenare și augmentare propuse de metodă, fiind compatibil și cu funcționalitatea de detecție a podelei (Ground Plane Detection). În Tabelul 1 se găsesc specificațiile celor 3 dispozitive și caracteristicile celor 3 clase de dispozitive.

Tabel 1. Specificațiile dispozitivelor testate⁷

Dispozitiv	Unitate Centrala de Procesare	Senzori	Suport Vuforia/ Vuforia Fusion	Versiune Android	Rezolutie
Samsung S8	Exynos: Octa-core (4×2.3 GHz M2 Mongoose & 4×1.7 GHz) Cortex-A53 (GTS)	Accelerometru Barometru Scanner Amprente Scanner Iris Magnetometru Giroscop Senzor de Proximitate Busola	DA / DA	9.0	2960x1440 pixeli
NVidia Shield	Quad-core 2.2 GHz Cortex-A15	Accelerometru Giroscop Busola Post HDMI	DA / NU	5.0	1920x1200 pixeli
Nokia 2	Quad-core 1.3 GHz Cortex-A7	Accelerometru Senzor de Proximitate Busola	NU / NU	7.2	1280x720 pixeli

⁷ Sursa: gsmarena.com



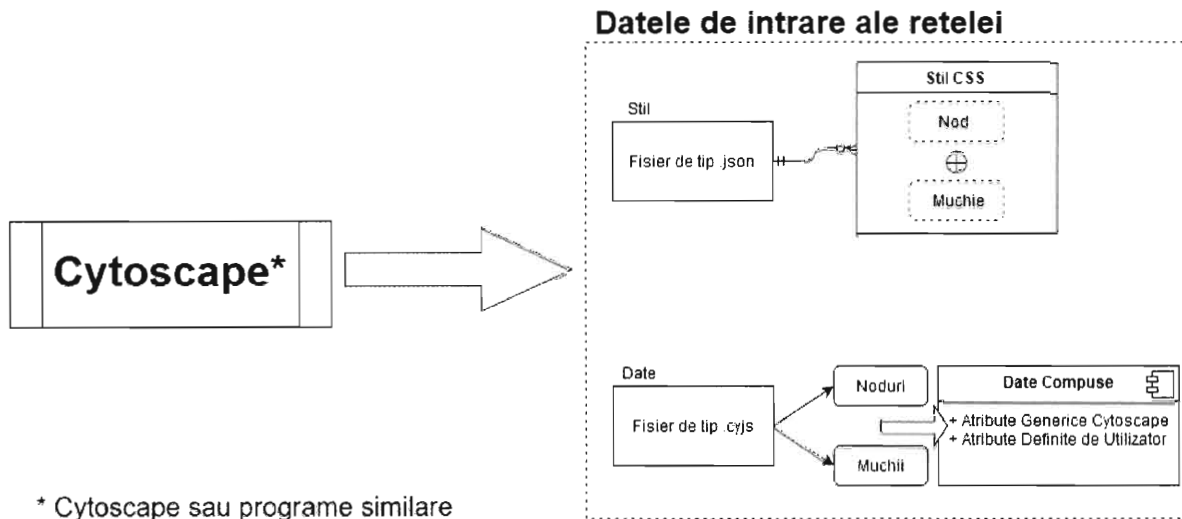
REVEDICĂRI

1. O metodă de vizualizare, inspecție și analiză a rețelelor biologice, utilizând concomitent, într-un singur produs software, 3 tehnici complementare de lucru:
 - a. Reprezentare în spațiu 3D
 - b. Realitate augmentată cu marcaj
 - c. Realitate augmentată fără marcaj
2. Modul de construcție a elementelor dependente pentru a putea implementa aceste scenarii în cadrul unei singure scene de tip Unity pentru o dezvoltare facilă. Această revendicare constă în modul de structurare a datelor și de activare/dezactivare a elementelor din scenă în timpul rulării, pentru obținerea rezultatelor dorite.
3. Folosirea unor gesturi personalizate pentru interacția cu rețele biologice, așa cum au fost descrise în metoda (aceste gesturi pot fi combinate cu gesturi uzuale pentru scalare și rotație):
 - a. "Dublu tap" pentru focus într-o regiune a rețelei.
 - b. "Single tap" pentru selectare și editare a poziției.
 - c. "Drag" cu 2 degete pentru amplasarea în spațiu a rețelei.
4. Un mod de corelare a reprezentărilor vizuale pentru nodurile dintr-o rețea (sau graf) între mediul 2D și mediul 3D, conform Fig. 3.

DESENE EXPLICATIVE



Fig. 1. Diagrama de activități cu opțiunile utilizatorului și pașii necesari ce trebuie a fi urmați pentru utilizarea metodelor de augmentare virtuala.



* Cytoscape sau programe similare

Fig. 2. Exemplu de încărcare a datelor de intrare cu ajutorul altor programe (ex: Cytoscape).

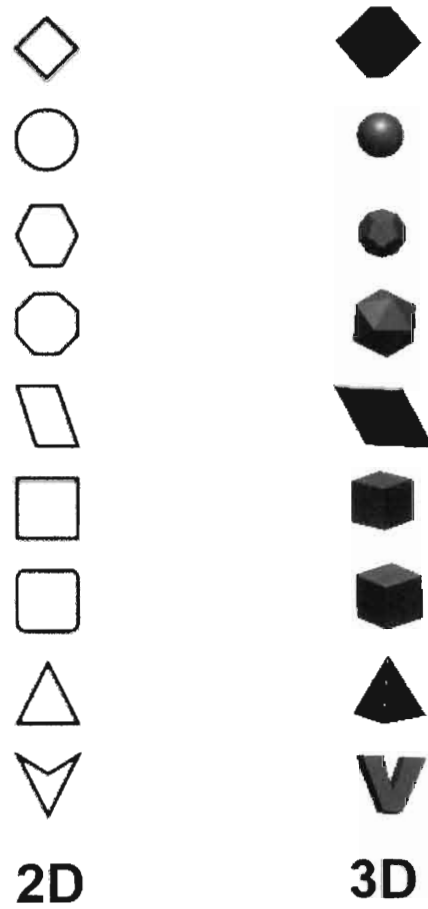


Fig. 3. Corelarea simbolurilor de reprezentare a nodurilor din mediul 2D în 3D.

hc

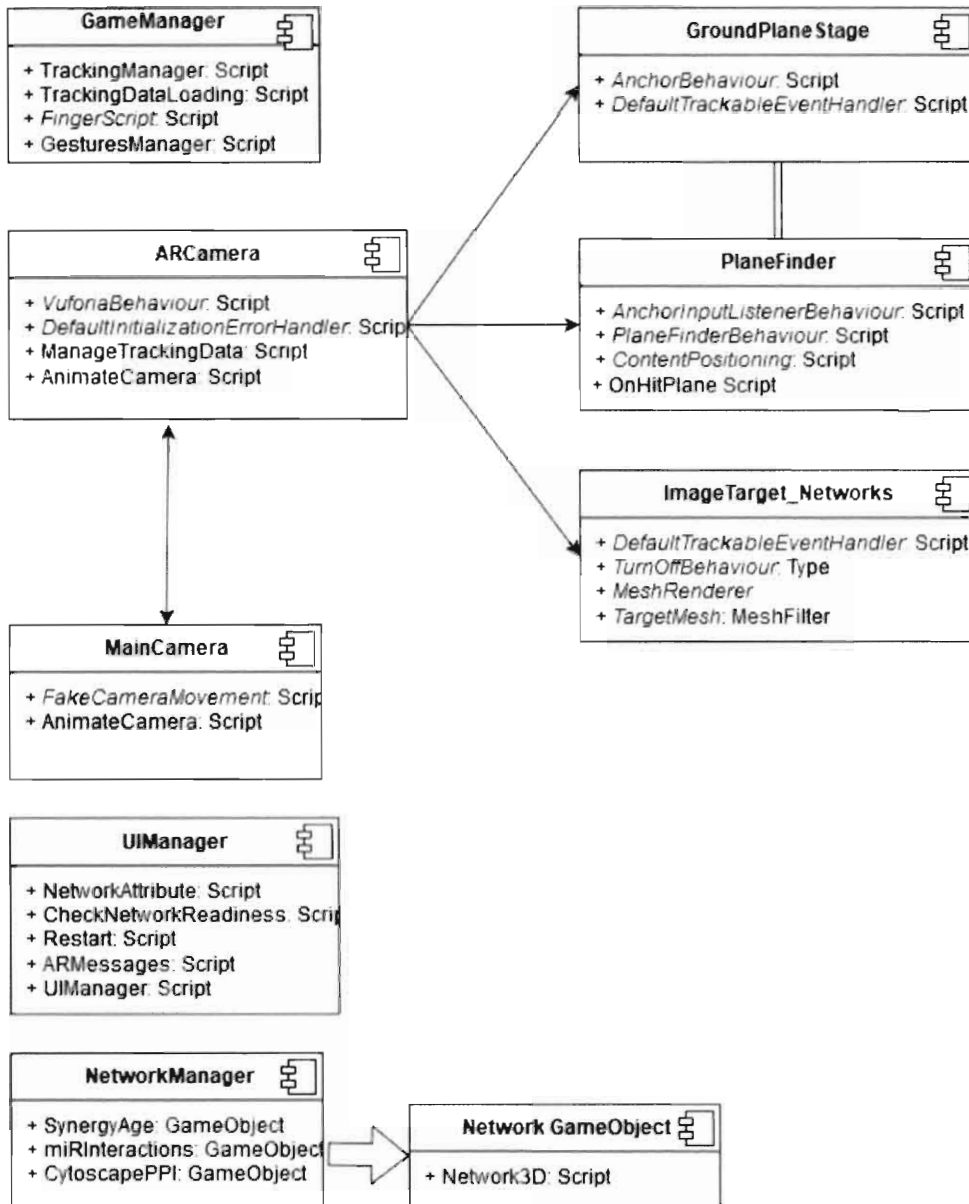


Fig. 5. Exemplu de structura a componentelor logice ale unei potențiale aplicații bazată pe metoda descrisă în acest brevet.