

1 - Documentation technique décrivant sur quelles installations l'outil repose :

Pour lancer le site web que nous avons conçu il faut compléter plusieurs critères techniques que nous allons détailler ci-dessous .

Notre site a été fait en utilisant le framework Django version 4.1.4 et python version 3.9.12, cette application permet aux utilisateurs de créer et de visualiser des annotations du génome bactérien, pour lancer le serveur nous devons installer tous les packages qui sont dans "requirement.txt" qui se retrouvent dans le répertoire projet_web , pour créer la base de données vous pouvez le faire à partir de votre terminal, après vous être déplacé dans le dossier projet_web il suffit de lancer la commande suivant : **python source/manage.py initialize-server** mais avant vous devez mettre le dossier de données "data" à la racine du projet. Maintenant si vous voyez le contenu du répertoire vous verrez qu'un fichier de base de données a été créé, appelé db.sqlite3 c'est la base de données qui contient toutes les données de notre application que nous avons ajouté sur le fichier .gitignore de notre Github

vous pouvez lancer via le terminal : **python source/manage.py create-groups** et **python source/manage.py create-users** afin de créer un ensemble d'exemples d'utilisateurs, de groupes et d'autorisations ,pour avoir des utilisateurs sans devoir passer par la page Account.

Pour lancer le site web il suffit d'exécuter : **python source/manage.py runserver** L'utilitaire nous indique que le serveur de développement a démarré à l'adresse : <http://127.0.0.1:8000/> .

2 -Documentation orienté utilisateurs :

Nous allons dans ce document détailler les étapes pour utiliser notre site.

Sur chaque page on peut voir le nom du site, LDNA, en en-tête qui correspond à la première lettre de prénom des membres du groupe.

1- Pages de connexion:

The screenshot shows the LADN website's login interface. A blue sidebar on the left contains a 'Menu' section with links to 'Features', 'Connexion' (which includes 'Sign In' and 'Sign Up'), 'About us', and 'Help'. The main content area has a blue header with 'LADN' and a 'Log In' section with input fields for 'Email address' and 'Password', and a 'Log In' button. In the top right corner of the main area, there are links: 'Annotate', 'Add', 'Parse', and 'Search'.

Sign in :

L'accès au site se fait par la page de connexion login.html . Comme son nom l'indique, la page Login sert à se connecter à son compte sur le site, ce qui est nécessaire pour accéder à toutes ses fonctionnalités. Il faut remplir le formulaire avec deux champs, l'adresse email et le mot de passe, puis cliquer sur le bouton Log in . Si l'adresse email est invalide ou ne correspond pas à un utilisateur de la base ou mot de passe est erroné, un message d'erreur s'affiche. Si les informations sont correctes, l'utilisateur est alors envoyé vers la page de recherche (search.html), qui est la page par défaut du site une fois connecté.

Sign up:

Sur cette page, l'utilisateur peut créer un compte sur le site. Il doit remplir le formulaire avec tous les champs. Le nom, le prénom ,le numéro de téléphone, adresse email,mot de passe. L'adresse email doit être valide, le mot de passe doit contenir au moins 8 caractères , le mot de passe ne peut pas être un mot de passe couramment utilisé et ne peut pas être entièrement numérique.Toutes ces informations seront stockées dans notre base de données et accessibles par les autres membres de notre site Web.Le rôle par défaut qui vous sera attribué est lecteur et peut être mis à niveau par tout utilisateur ayant un statut supérieur. Cela signifie qu'un annotateur peut passer de lecteur à annotateur, puis un validateur peut vous faire valider et enfin, vous pourrez obtenir le rang d'administrateur si un utilisateur root vous nomme administrateur.

Depuis cette page, l'utilisateur peut cliquer sur le lien “sign up” pour revenir à la page de connexion.

Log out : déconnecte l'utilisateur et le renvoie à la page de connexion.

2- Features :

Les pages suivantes : Search , Annotate, Add Genome, Members , parse ne peuvent être accédées que si l'utilisateur est connecté à son compte. Si quelqu'un essaie d'accéder sans s'être connecté il sera redirigé vers la page de connexion.

Add Genome : Cette page uniquement accessible par l'administrateur permet d'ajouter un génome à annoter à la base de données. Pour cela, il doit entrer un identifiant .Ensuite, il doit charger le fichier du génome contenant la séquence du génome, le fichier détaillant les CDS et le fichier détaillant les peptides.

Puis il clique sur Add génome pour l'ajouter.

Cette page est destinée à envoyer des fichiers fasta entrés par l'utilisateur avec l'identifiant du génome, un fichier de description de la séquence codante du génome et un fichier de description du peptide résultant.

Page de recherche : Pour faire une recherche, l'utilisateur à la possibilité de remplir un ou plusieurs champs :

- Le type : nucléique, peptidique , ou tous le génome
- Le nom de la bactérie par exemple : “Escherichia_coli_cft073” qui comporte le nom de l'espèce et la souche.
- La séquence
- Le nom de gène
- Le nom de transcrit
- Description

Par exemple, si on fait la recherche avec “Escherichia_coli_cft073” ces résultats sont présentés sous forme de liste d'identifiants (de transcrits ou de génome).

Type: peptidic

Bacterial name:

Sequence:

Gene name:

Transcript name:

Description:

Query
AAN78501_pep - Escherichia coli cft073
AAN78502_pep - Escherichia coli cft073
AAN78503_pep - Escherichia coli cft073
AAN78504_pep - Escherichia coli cft073
AAN78505_pep - Escherichia coli cft073
AAN78506_pep - Escherichia coli cft073
AAN78507_pep - Escherichia coli cft073
AAN78508_pep - Escherichia coli cft073
AAN78509_pep - Escherichia coli cft073
AAN78510_pep - Escherichia coli cft073
AAN78511_pep - Escherichia coli cft073

Page d'annotation : cette page est accessible uniquement aux annotateurs ou aux utilisateurs les mieux classés. Le but de cette page pour l'utilisateur est de lui donner la possibilité d'annoter des génomes grâce à un formulaire de base que nous avons mis en place. Pour ce faire, l'utilisateur doit sélectionner l'identifiant du génome qu'il annote, puis saisir le nom, le biotype, le biotype transcrit et le symbole du gène. Enfin, il peut saisir une brève description (200 caractères) de l'information du gène.

Une fois toutes les informations fournies, un relecteur vérifiera l'annotation avant de la publier sur le site.

Page parse : Le but de la page d'analyse est d'aligner une séquence d'entrée donnée par l'utilisateur sur notre base de données. Il retourne tous les génomes contenant la requête donnée par l'utilisateur.

3 - About us :

Page de contact : Sur cette page, l'utilisateur peut envoyer un message à l'administrateur du site. Il doit remplir le formulaire avec au moins son email, son nom et le message qu'il veut envoyer. En cliquant sur Submit, un mail sera envoyé à l'administrateur du site, nous avons utilisé le serveur free mailtrap pour tester si on reçoit bien les emails.

Depuis cette page, l'utilisateur ne peut plus avancer dans le site, il faut revenir en arrière, retourner au début du site ou avoir ouvert cette page dans un nouvel onglet.

Who we are : sert à présenter les membres de groupes, leurs rôles avec leurs email.

4-Guide : donne des guides et les réponses aux questions les plus fréquemment posées.

3 - Retour d'expérience

L'organisation pour ce projet s'est reposée sur des outils de partage de travail collaboratifs. Nous avons d'une part utilisé discord et la messagerie de Facebook pour communiquer et s'informer des modifications au fur et à mesure ,nous avons utilisé Google Docs pour le rendu écrit. Le site GitHub nous a permis de partager nos scripts. Pour ce projet nous avons contribué les quatres globalement dans toutes les tâches.Pour le développement du site nous avons réparti les pages pour chaque membre de groupe.

Au cours de ce projet nous avons compris que la communication était très importante .nous avons réalisé qu'il fallait organiser une mise au point régulière dans le groupe de discussion pour rester informé de l'avancement de l'équipe pour pouvoir se comprendre et être synchronisés.

Nous avons aussi remarqué que chaque personne avance à son propre rythme ce qui crée des décalages dans la progression du projet. Puisque les pages sont inter-connectées cela nous oblige à communiquer entre nous, même si certains voudraient avancer plus rapidement. La répartition des tâches reste quand même difficile.