

Projet *Dickeya* : Guide d'utilisateur



Table des matières

1) Comment lancer l'interface.....	3
2) Page d'accueil	3
3) Page Requêtes	4
a. Bloc 1 : sélection des souches d'intérêt	4
b. Bloc 2 : sélection d'une fonction d'intérêt	5
c. Bloc 3 : sélection d'une fonction d'intérêt	6
d. Bloc 1 et 2 : sélection des souches d'intérêt présentant une fonction sélectionnée.....	6
e. Bloc 1 et 3 : sélection des souches d'intérêt présentant certaines contraintes 6	
f. Bloc 2 et 3 : sélection d'une fonction et de contraintes	6
g. Bloc 1, 2 et 3 : sélection des souches d'intérêt présentant une fonction spécifique, ainsi que des contraintes	6
4) Page de résultat	7

1) Comment lancer l'interface

Tout d'abord, lancer xampp :

- Linux : `sudo ./opt/lampp/xampp start`
- Windows: lancer `xampp.control`. Ensuite il faut cliquer sur « start » pour Apache et MySQL
- Mac : `SUDO ./Applications/XAMPP/xamppfiles/xampp start`

Aller sur le navigateur web (e.g. Firefox, Chrome) et taper dans la barre d'adresse « localhost/Dickeya ».

2) Page d'accueil

Cette page permet à l'utilisateur de sélectionner le projet sur lequel il souhaite travailler. En l'état, seul le projet « Dickeya » peut être étudié.



Figure 1 : Page d'accueil

3) Page Requêtes

A droite vous trouverez un résumé des données présentes dans ce projet.

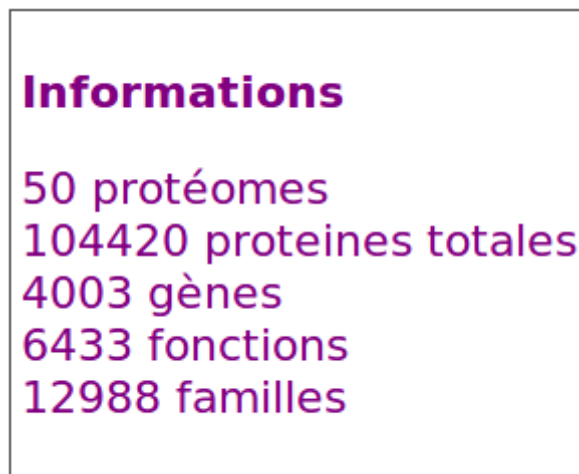


Figure 2 : Rappel des informations

Sur la page de requêtes se trouvent également 3 blocs permettant d'effectuer des requêtes. Il est possible d'exécuter chaque requête une à une (a, b, c), mais également de les combiner (d, e, f, g). L'utilisateur doit cocher les blocs correspondant à la requête qu'il souhaite effectuer.

a. Bloc 1 : sélection des souches d'intérêt

Ce premier bloc permet de visualiser la liste des protéines contenues dans une ou plusieurs souches, en cochant les souches d'intérêt dans la première zone de cases à cocher.

Il est également possible de choisir de visualiser les protéines présentes dans un set de protéomes (Figure 2 : zone bleue), mais pas dans un autre (Figure 2 : zone rouge).

Description des boutons :

- « Tout cocher » (1) : permet de cocher toutes les souches qui ne sont pas cochées dans « absentes dans » (zone rouge).
- « Tout décocher » (2) : permet de décocher toutes les souches cochées dans la zone bleue.
- « Cocher tous les autres » (3) : permet de cocher toutes les souches qui ne sont pas cochées dans « présentes dans » (zone bleue).
- « Tout décocher » (4) : permet de décocher toutes les souches cochées dans la zone rouge.

Requêtes

✓ Protéines présentes dans ces protéomes :

- ☐ Cedecea_neteri_ND14b
- ☒ Dickeya_aquatica
- ☒ Dickeya_aquatica_DW_0440
- ☒ Dickeya_chrysanthemi_Ech1591
- ☐ Dickeya_chrysanthemi_L11
- ☒ Dickeya_chrysanthemi_M074
- ☐ Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533

1

Tout cocher

Tout décocher

2

Mais absentes dans ceux-ci:

- ☒ Cedecea_neteri_ND14b
- ☐ Dickeya_aquatica
- ☐ Dickeya_aquatica_DW_0440
- ☐ Dickeya_chrysanthemi_Ech1591
- ☒ Dickeya_chrysanthemi_L11
- ☐ Dickeya_chrysanthemi_M074
- ☒ Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533

3

Cocher tous les autres

Tout décocher

4

Figure 3 : Bloc 1 de requêtes

b. Bloc 2 : sélection d'une fonction d'intérêt

Le deuxième bloc permet de visualiser la liste des protéines impliquées dans une fonction sélectionnée grâce à la liste déroulante.

✓ Protéines impliquées dans la fonction

1,3-propanediol dehydrogenase
 (+)-neomenthol dehydrogenase
 (2,3-dihydroxybenzoyl)adenylate synthase
 (2E,6E)-farnesyl diphosphate synthase
 (2E,6E)-farnesyl diphosphate-specific ditrans,polycis-undecaprenyl-diphosphate synthase
 (2Fe-2S) ferredoxin
 (2Fe-2S)-binding protein
 (4Fe-4S)-binding protein
 (alpha)-aspartyl dipeptidase
 (Fe-S)-cluster assembly protein
 (p)ppGpp synthetase
 1,3-beta-glucan synthase regulator
 1,3-propanediol dehydrogenase
 1,4-alpha-glucan branching enzyme
 1,4-beta-xylanase
 1,4-dihydroxy-2-naphthoate octaprenyltransferase
 1,4-dihydroxy-2-naphthoate polyprenyltransferase
 1,4-dihydroxy-2-naphthoyl-CoA synthase
 1-(5-phosphoribosyl)-5-[(5-phosphoribosylamino)methylideneamino]imidazole-4-carboxamide isomerase
 1-(5-phosphoribosyl)-5-[(5-phosphoribosylamino)methylideneamino]imidazole-4-carboxamide isomerase
 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase

Figure 4 : Bloc 2 de requêtes

c. Bloc 3 : sélection d'une fonction d'intérêt

Le troisième bloc permet de filtrer le résultat des requêtes selon 3 paramètres :

- Le pourcentage d'identité supérieur à un certain seuil (par défaut 0%)
- Le pourcentage de gap inférieur à un certain seuil (par défaut 100%)
- La taille de l'alignement en acides aminés, supérieure à un certain seuil (par défaut 0)

☒ **Paires de protéines telles que:**

Pourcentage identité supérieur à : %

Pourcentage de gap inférieur à : %


Taille alignement plus grand que :  acides aminés

Figure 5 : Bloc 3 de requêtes

d. Bloc 1 et 2 : sélection des souches d'intérêt présentant une fonction sélectionnée

Cette combinaison permet ainsi de sélectionner les protéomes possédant des protéines impliquées dans une fonction spécifique. Comme pour la requête 1 simple, il est possible d'exclure des souches.

e. Bloc 1 et 3 : sélection des souches d'intérêt présentant certaines contraintes

Cette combinaison permet de retourner les paires protéines présentes dans un set de souches, et correspondant aux paramètres renseignés.

f. Bloc 2 et 3 : sélection d'une fonction et de contraintes

Cette combinaison permet de renvoyer les paires de protéines possédant la fonction choisie, ainsi que les paramètres renseignés.

g. Bloc 1, 2 et 3 : sélection des souches d'intérêt présentant une fonction spécifique, ainsi que des contraintes

Cette requête permet de sélectionner les paires de protéines présentes dans un set de souches (possibilité d'exclure un autre set), possédant une fonction choisie, et respectant les contraintes indiquées.

4) Page de résultat

Sur cette page vous trouverez un rappel de la requête envoyée dans la page précédente.

Ensuite sont affichés les 1000 premiers résultats de la requête. Ces derniers sont ordonnés dans un ordre spécifique selon la requête :

- Alphabétique de protéines et de souches pour les requêtes 1 et 2.
- Si la requête est impliquée, l'ordre est le suivant :
 - o Pour les protéines identiques : nom de la protéine, puis de la souche 1, et enfin la souche 2.
 - o Pour les protéines similaires : pourcentage d'identité, pourcentage de gap, nom de la souche 1, nom de la protéine 1, puis nom de la souche 2 et de la protéine 2.

Si la requête 3 n'est pas cochée, les résultats s'affichent dans un seul tableau :

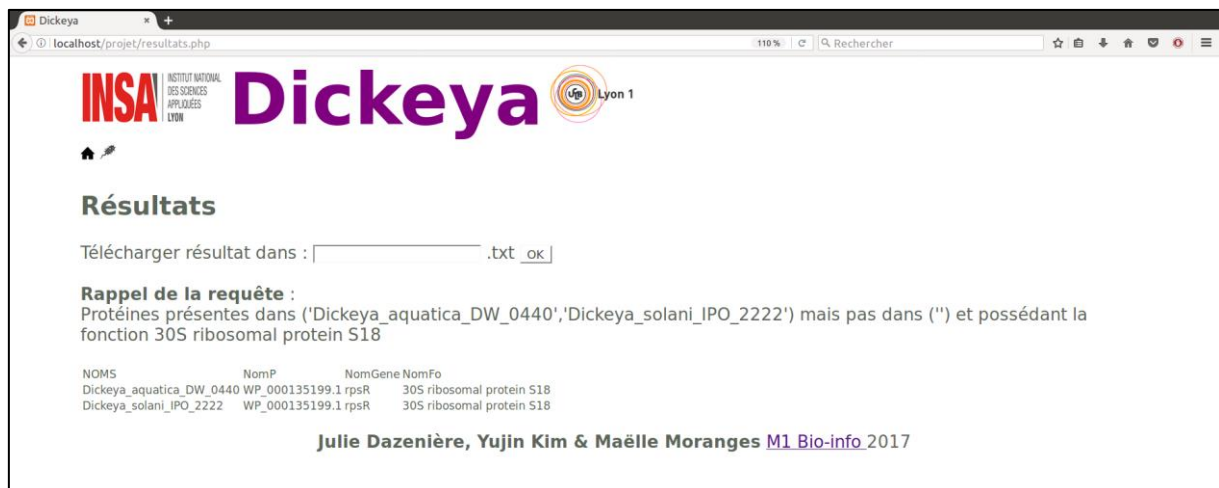


Figure 6 : Page de résultats

Si elle est cochée, les résultats sont dans deux tables :

- La première correspond aux protéines identiques, c'est-à-dire qu'une ligne correspond à une même protéine partagée par deux souches différentes. Du coup les pourcentages d'identité, de gap, et la taille de l'alignement ne sont pas affichés car ils possèdent toujours les valeurs suivantes : 100% d'identité, 0% de gap et taille de l'alignement correspondant à la longueur de la protéine.
- La deuxième table correspond aux protéines similaires : il s'agit donc de protéines différentes, respectant les conditions indiquées dans la requête.

Rappel de la requête : Protéines présentes dans ('Dickeya_chrysanthemi_Ech1591','Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533') mais pas dans (") et présentant les contraintes suivantes :

- %gap < 100
- %id > 75
- taille de l'alignement > 0 acides aminés

Protéines identiques :

NomSouche1	NomProteine1	NomSouche2	NomProteine2	Gene	Fonction
Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533	WP_000135199.1	Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_000135199.1	rpsR	30S ribosomal protein S18
Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533	WP_001144069.1	Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_001144069.1	rpsU	30S ribosomal protein S21
Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533	WP_001157747.1	Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_001157747.1		DNA-binding response regulator
Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533	WP_001181005.1	Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_001181005.1	rpsJ	30S ribosomal protein S10
Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533	WP_002208627.1	Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_002208627.1	glnK	nitrogen regulatory protein P-II 2
Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533	WP_002211347.1	Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_002211347.1	infA	translation initiation factor IF-1
Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533	WP_002919257.1	Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_002919257.1	rpsK	30S ribosomal protein S11
Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533	WP_004093904.1	Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_004093904.1	atpE	ATP synthase subunit C
Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533	WP_004846568.1	Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_004846568.1	rpmD	50S ribosomal protein L30
Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533	WP_005972168.1	Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_005972168.1	rsmA	carbon storage regulator

Protéines similaires :

Souche1	Proteine1	Gene1	Fonction1	Souche2	Proteine2	Gen2	Fonction2	PourcentageId	PourcentageGap	TailleAli
Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_009113827.1	cspE	cold-shock protein	Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_012768004.1		cold-shock protein	75	0	68
Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_009113827.1	cspE	cold-shock protein	Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533	WP_012768004.1		cold-shock protein	75	0	68
Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_012768184.1		transcriptional regulator	Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_015848023.1		transcriptional regulator	75	0	76
Dickeya_chrysanthemi_Ech1591	WP_012768184.1		transcriptional	Dickeya_chrysanthemi_NCPPB_3533	WP_015848023.1		transcriptional	75	0	76

Figure 7 : Page de résultats si la requête 3 est impliquée

Il est également possible d'enregistrer la totalité des résultats dans un fichier tabulé au format .txt. Ce fichier peut ensuite être ouvert avec un tableur (ex : Excel, Classeur de LibreOffice), de manière à obtenir un tableau. L'utilisateur doit renseigner le nom du fichier, appuyer sur « ok ». Un lien vers le ou les fichiers générés est alors affiché.

Si la requête 3 n'est pas cochée, tous les résultats sont présents dans un seul fichier.

Résultats

Télécharger résultat dans : .txt [example2.txt](#)

Figure 8 : Enregistrement des résultats dans un fichier .txt

Dans le cas contraire, vous trouverez deux fichiers : l'un contenant les protéines identiques, et l'autre les protéines similaires.

Résultats

Télécharger résultat dans : .txt [example_similaires.txt](#) [example_identiques.txt](#)

Figure 9 : Enregistrement des résultats dans un fichier .txt si la requête 3 est impliquée