

Fonctionnement

Description Générale

La description du fonctionnement du site est spécifiée comme une liste d'états et actions possibles, détaillées ci-dessous. NB : La barre de navigation au dessus de la page principale est présente dans toutes les pages du site.

1. Arrivée sur le site

- Sans importer quel *url* est utilisée, le serveur redirige toutes les requêtes vers la page de connexion.
- Si l'utilisateur n'a pas encore créé un compte, il remplit le formulaire et sa demande d'adhésion est envoyée à l'administrateur.
- Il pourra se connecter seulement après la validation de la demande de création de compte.
- Une fois connecté, l'utilisateur arrive sur la page principale.

2. Arrivée sur la page principale

- À droite de la page, des statistiques sur les entrées de la base de données seront affichées. On aura par exemple le nombre total d'espèces/souches, gènes annotés, etc.
- À gauche, une section permettant d'interroger la base de données est toujours présente. On peut cliquer sur l'une des trois options : **Genomes**, **Genes** et **Proteins**.
- Si et seulement si l'utilisateur est un annotateur, la deuxième section **Annotate** sera cliquable. Il peut accéder aux séquences qui lui ont été attribuées, et il peut en demander d'autres.
- Description du fonctionnement des éléments de la barre de navigation :
 - Home : permet de revenir à la page principale
 - Logout : permet de se déconnecter; redirection vers la page de connexion.
 - Support : redirige vers une page qui permet de remplir un formulaire avec un **Topic** et **Question**. Le serveur envoie un mail à un validateur pour traiter la demande de l'utilisateur.
 - Documentation : Une page contenant une guide simplifiée et puis de la documentation détaillée des fonctionnalités de l'application.

3. Arrivé sur l'espace d'interrogation de la base (*Browse*)

- Un formulaire est affiché, l'utilisateur peut interroger la base.
- Il peut sélectionner un résultat pour voir plus d'informations ainsi que lancer des requêtes vers d'autres bases (ex. faire un BLAST, géré en arrière plan par le serveur qui utilise l'API du NCBI). Toute requête sur une base externe est ouverte sur un nouvel onglet.
- Il peut cliquer sur un bouton pour télécharger les résultats de sa recherche.

4. Arrivée sur l'espace d'annotation

- L'annotateur voit la liste de séquences qu'il doit annoter, il a une liste d'outils à sa disposition ainsi qu'un formulaire où il devrait faire l'annotation.
- Il peut sauvegarder une annotation autant de fois qu'il veut, avant de l'envoyer pour qu'elle soit validée.