

Documentation du serveur IntraclonalDiversity

Installation

Les fichiers fournis par l'utilisateur dépassent 2Mo qui est la limite imposée par php. Pour modifier le maximum de chargement accepté, il faut changer deux paramètres dans le fichier *php.ini* se trouvant dans le répertoire *etc/php/7.2/apache2/php.ini* :

`upload_max_filesize = 200M`

`post_max_size = 200M`

Pour le regroupement clonal fait par GTM, il est nécessaire de créer un environnement Anaconda dans laquelle on installe les packages ci-dessous :

- python-levenshtein : `conda install -c conda-forge python-levenshtein`

- scikit-bio : `conda install conda-forge scikit-bio`

Le chemin pour accéder à Anaconda doit être modifié à la ligne 3 (source) dans le fichier `run_GTM.sh` (contenu dans le répertoire `pipeline/GTM`).

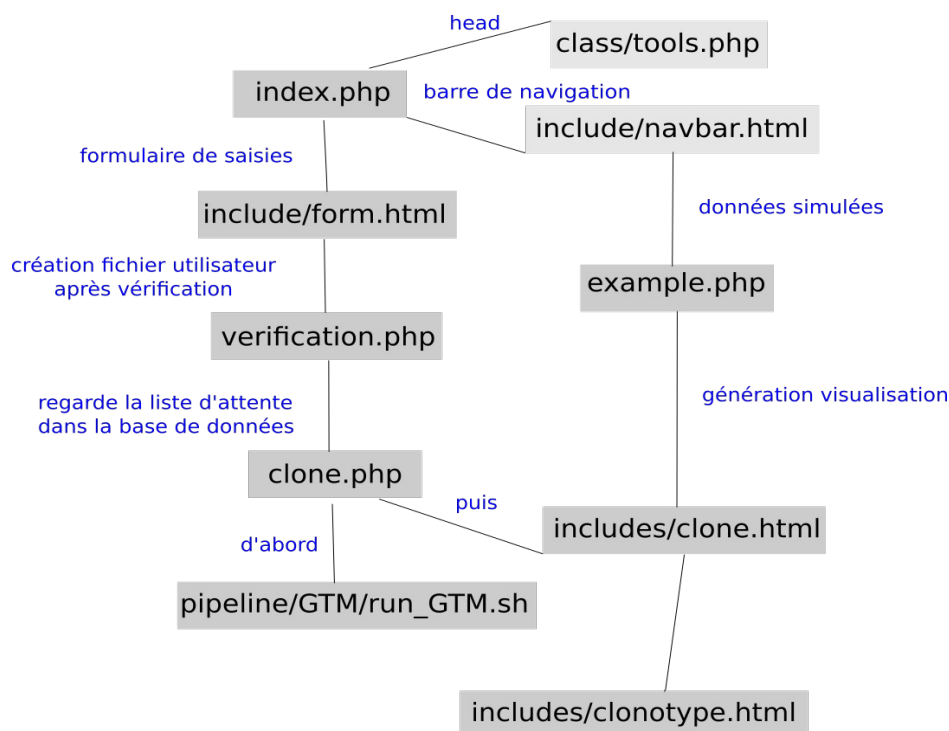


Illustration 1: Schéma de l'appel des fichiers

Description des fichiers :

- `index.php` : il fait appel à deux fichiers html (`navbar.html` et `form.html`) et au fichier `tools.php` qui contient la partie head. La page affichée correspond au formulaire permettant à aux utilisateurs de charger leurs fichiers.
- `verification.php` : le script vérifie le nombre de fichiers fournis par l'utilisateur ainsi que leurs formats. Si c'est le bon format il crée un répertoire avec un numéro aléatoire pour l'utilisateur.
- `clone.php` : ajoute l'utilisateur à la base de données contenant l'ensemble des utilisateurs. Il gère la liste des utilisateurs en les mettant en file d'attente.
- `run_GTM.sh` : script appelant plusieurs scripts python permettant le regroupant les données de l'utilisateur en clones et clonotypes
- `clone.html` : script permettant la visualisation des données générées par `run_GTM.sh`
- `exemple.php` : contient des données simulées

Base de données

La base de données a été nommée BCRVisualization elle contient une table appelée users. Cette table contient 4 colonnes : userID, creationDate, firstStep, secondStep. FirstStep et secondStep stock l'état du traitement des données (waiting, in progress, done) pour les étapes de regroupement des clones et de l'analyse de l'hétérogénéité clonale.

Requêtes utilisées pour la création de la base et la table :

```
CREATE DATABASE BCRVisualization ;
```

```
CREATE TABLE users ( userID INT, creationDate DATE, firstStep varchar2(20), secondStep  
varchar2(20)) ;
```