

Fonctionnement du site web

Connexion et rôle d'utilisateur

Trois rôles différents sont disponibles, viewer, annotator, reviewer avec des permissions comme décrit dans le sujet du projet. En arrivant sur le site vous pouvez vous connecter avec vos identifiant ou créer un compte en spécifiant le rôle que vous souhaitez qui, lorsqu'il sera activé par l'administrateur, vous permettra de vous connecter au site. Si vous n'êtes pas connecté, le site vous montre une page d'accueil avec plusieurs informations présentant le site et vous proposant de créer un compte.

Page d'accueil et barre de navigation

Une fois connecté, vous arrivez sur la page d'accueil où se présente un tableau de bord avec des informations pertinentes avec le rôle de votre compte. Par exemple un compte avec le rôle "viewer" aura un tableau de bord avec l'outil de recherche, tandis qu'un compte avec le rôle "annotateur" aura un tableau de bord avec les annotations, les "reviews" et les attributions le concernant et pouvant depuis ces sous-fenêtres interagir et effectuer des actions. Voici la visibilité des sous-fenêtres en fonction des différents rôles :

Sous-fenêtres	Rôle ayant accès	Informations	Action Possibles
Annotation	Annotator Reviewer	Les annotations que l'utilisateur a écrit et qui ne sont pas encore validées	Modifier l'annotation et voir ses reviews (si existante)
Attribution	Annotator Reviewer	Les positions qui lui sont attribuées et qu'il n'a pas encore annoté	Commencer l'annotation des positions
Review	Reviewer	Les annotations qu'il a attribuée et qu'il doit review	Démarrer une review / voir les review précédentes

Une barre de navigation est possible en haut de la page et reste la même partout dans le site web. Plusieurs actions sont possible depuis cette page :

Onglet	Rôle ayant accès	Action
Home	Annotator Reviewer Viewer	Retour à la page principale du site

Annotation	Annotator Reviewer	Vu plus complète de la sous-fenêtre “annotation”
Attribution	Reviewer	Vu plus complète de la sous-fenêtre “attribution”
Reviews	Reviewer	Vu plus complète de la sous-fenêtre “review”
Create > Peptide	Reviewer	Accéder au formulaire pour ajouter un peptide dans la base de donnée
Create > Attribution	Reviewer	Accéder au formulaire pour ajouter une attribution dans la base de donnée
DataBase	Annotator Reviewer Viewer	Accéder au formulaire de recherche dans des bases de données extérieures
Search	Annotator Reviewer Viewer	Accéder au formulaire de recherche dans notre base de donnée
AddFile	Admin	Permet d'ajouter des instances à l'aide de fichier

Il est aussi possible d'accéder à ses informations de connexion, sa messagerie et se déconnecter grâce aux boutons à droite de la barre de navigation.

Les informations de connexions permettent de modifier les attributs à caractères informatifs (numéro de téléphone par exemple) et de modifier son mot de passe. Il permet aussi de demander à l'administrateur de changer son rôle, en envoyant une notification sur le panel d'administration django. Il est aussi possible d'accéder au forum des annotateurs.

Interrogation de la base de donnée

Les utilisateurs connectés peuvent chercher des informations dans la base de donnée à partir de l'onglet “search”. Il devront alors rentrer le type d'entité (puis confirmer leurs choix) qu'ils veulent chercher et ajouter des conditions de requête, il est possible de choisir parmi les conditions (et leurs contraires avec “HASN'T”) disponible pour une entité cherchée.

Plusieurs conditions sont ajoutables avec le bouton “+” et elles sont conjugables par un “AND” ou un “OR”. On peut préciser la valeur pour une condition donnée, si une recherche sur la séquence s'applique alors il est possible d'écrire la commande en expression régulière. Pour les conditions où des nombres sont attendus, il est possible de mettre des “>” et “<” avant le nombre.

Les conditions avec une valeur rentré vide seront ignorées.

Après avoir lancé la recherche, les entités remplissant les conditions seront affichées dans une table par page de 100 avec différentes informations qui pourront

être utilisées pour trier les résultats en cliquant sur les titres de colonnes. On peut cliquer sur les différentes informations ce qui nous conduit sur une page d'informations plus exhaustive sur l'entité en question:

Annotation

L'accession, l'auteur et le statut de l'annotation sont affichés en haut de la page, un commentaire ainsi que les positions sont affichés ensuite (avec un lien vers le chromosome de chaque position). Une liste de tags est affichée ainsi que les peptides qui sont liés à cette annotation (ces deux éléments sont aussi cliquables pour voir leurs pages dédiées). On peut aussi blaster la séquence en un clic.

Chromosome

La page détaillée du chromosome permet d'afficher son génome correspondant ainsi que sa position relative de début et de fin sur ce génome. Il permet aussi une visualisation de toutes ses annotations avec un plugin IGV.

Génome

La page détaillée du génome comporte son espèce, savoir si le génome est annotable ou non ainsi qu'une liste de tous ses chromosomes.

Peptide

La page détaillée du peptide permet d'obtenir sa séquence, un commentaire, la composition en acide aminé. Elle permet aussi de voir les tags et les annotations qui lui sont liés, de BLAST la séquence et de visualiser (lorsqu'il y en a) les domaines protéiques identifiés par PFAM dans la séquence.

Une page sommaire pour les tags, qui sont des étiquettes permettant de catégoriser les différentes annotations et peptides, est aussi mise en place ce qui permet d'avoir un texte explicatif du tag en question. Dans chacune des pages, il est possible de télécharger un fichier FASTA de l'objet tout en pouvant choisir les champs qui seront mis dans l'entête du fichier.

Interrogation d'autres bases de données et BLAST

Il est possible de BLAST la séquence d'une entité choisie, en précisant le type de blast souhaité (blastp, blastn etc.), la base de donnée que l'on souhaite interroger, le nombre de hit maximum souhaité et la e-value seuil.

La base de donnée est alors interrogée et les résultats récapitulatifs de chaque hits sont affichés avec un lien vers la page du résultat dans la base de donnée en question.

On peut aussi accéder aux informations de différentes espèces dans d'autres bases de données grâce à l'onglet "DataBase" qui nous redirige vers le site de la base sélectionnée.

Enrichissement de la base de donnée

Il est possible de rajouter des informations à la base de données. Pour cela, un reviewer attribue une position à annoter à un autre utilisateur (un annotateur par exemple) via une attribution. L'annotateur verra cette attribution sur son dashboard et pourra depuis cette attribution, créer une annotation aux positions de l'attribution. Cette nouvelle annotation créée a le statut "unreviewed" et va alors pouvoir être review par un reviewer, qui va dire si elle est validée ou rejetée (en ajoutant un commentaire justificatif). L'annotateur pourra alors modifier son annotation (ce qui lui redonnera un statut 'unreviewed') et elle pourra alors de nouveau être revue. Le but est de créer une succession d'aller-retour constructifs entre les annotateurs et les reviewers afin de créer un ensemble d'annotations sur les génomes de la base de données.

Création d'un peptide

La création d'un peptide est plutôt indépendante, on doit rentrer un numéro d'accèsion unique, une séquence, choisir potentiellement des tags et ajouter un commentaire sur le peptide. Comme un processus de vérification sur les peptides n'a pas été mis en place, nous avons considéré que seul des personnes de confiance (les reviewers) peuvent créer un peptide.

Attribution d'annotation

Un reviewer peut créer des attributions manuellement via le formulaire en précisant l'adresse de l'annotateur ainsi que les positions, il peut aussi créer plusieurs attributions à la fois en envoyant un fichier tsv (du même format que l'exemple téléchargeable sur la page).

Création et modification d'une annotation

A partir d'une attribution, les annotateurs peuvent créer une annotation via un formulaire où les positions et le rôle sont déjà remplis, ils doivent choisir une clé d'accèsion, potentiellement un commentaire ainsi que des tags et des peptides qu'il souhaite lier à l'annotation. La modification d'une annotation se fait sur le même principe à l'exception que les informations déjà existantes de l'annotation sont pré-remplies sur le formulaire de la page. Le site a été construit pour que les annotations ait plusieurs positions potentiellement, ceci permet d'annoter plus que des CDS (on peut imaginer une annotation sur un ensemble de transcription factor d'un gène le long du génome ou bien les gènes utiles dans une voie métabolique par exemple). Ceci permet entre autres de rendre le site compatible avec l'annotation de génome eucaryotes (avec les exons et les introns).

Processus de review

La review d'une annotation (unreviewed) peut être faite par n'importe qu'elle reviewer mais est encouragée par le site d'être faite par le reviewer assigné (en lui affichant explicitement l'annotation à review). Il peut alors voir les reviews précédentes qui ont été faites sur l'annotation et choisir son nouveau statut (rejected, validated) avec un commentaire. Les reviews rejected et validated ne peuvent pas être review et il faut attendre une modification de la notation entraînant un changement de statut pour pouvoir la review de nouveau.

Système de messagerie

Un système de messagerie est inclus dans le site est accessible depuis la barre de navigation, elle permet de consulter et supprimer ces messages et d'envoyer des messages aux différents utilisateurs, et de recevoir des notifications lorsqu'un événement intéressant pour l'utilisateur ce produit (recevoir une review sur une annotation, une nouvelle annotation a review ou encore une nouvelle attribution).

Forum des annotateurs

Il est possible d'accéder à un forum d'annotation afin de voir les différents topics créés par la communauté (et de créer un nouveau topic). En cliquant sur le nom des topics on peut accéder à ce topic spécifique où les messages sont affichés par date de publication croissante. Il est possible de publier son propre message et de liker ou disliker les messages envoyés (pour une raison inconnue, la fonction de liker les messages ne fonctionne pas sur FIREFOX).