

# Web et Fonctionnement

La première page auquel l'utilisateur aura accès sera la page d'accueil. Ce sera la page où l'utilisateur pourra effectuer des recherches en renseignant des informations. Il pourra spécifier si sa recherche concerne un génome ou des gènes/protéines. Pour finaliser sa recherche, il devra cliquer sur le bouton recherche ce qui l'amènera à une nouvelle page qui contiendra les résultats de sa recherche. Sur cette page l'utilisateur devra se connecter (via le bouton en haut à droite) pour pouvoir faire une recherche.

←

↻

Fichier | C:/Users/zhang/Documents/M2/web/progWeb/progWeb/projet/templates/projet/accueil.html

🔍

🌟

OFF

⚙️

🔖

🔒

👤

## Recherche

Sequence :

Especie :

Résultats souhaités :  
☒ genome  
☐ gene/proteine

A répondre seulement si recherche gene/proteine :

Nom gene :

Nom transcrit :

Description :

Sequence proteique :

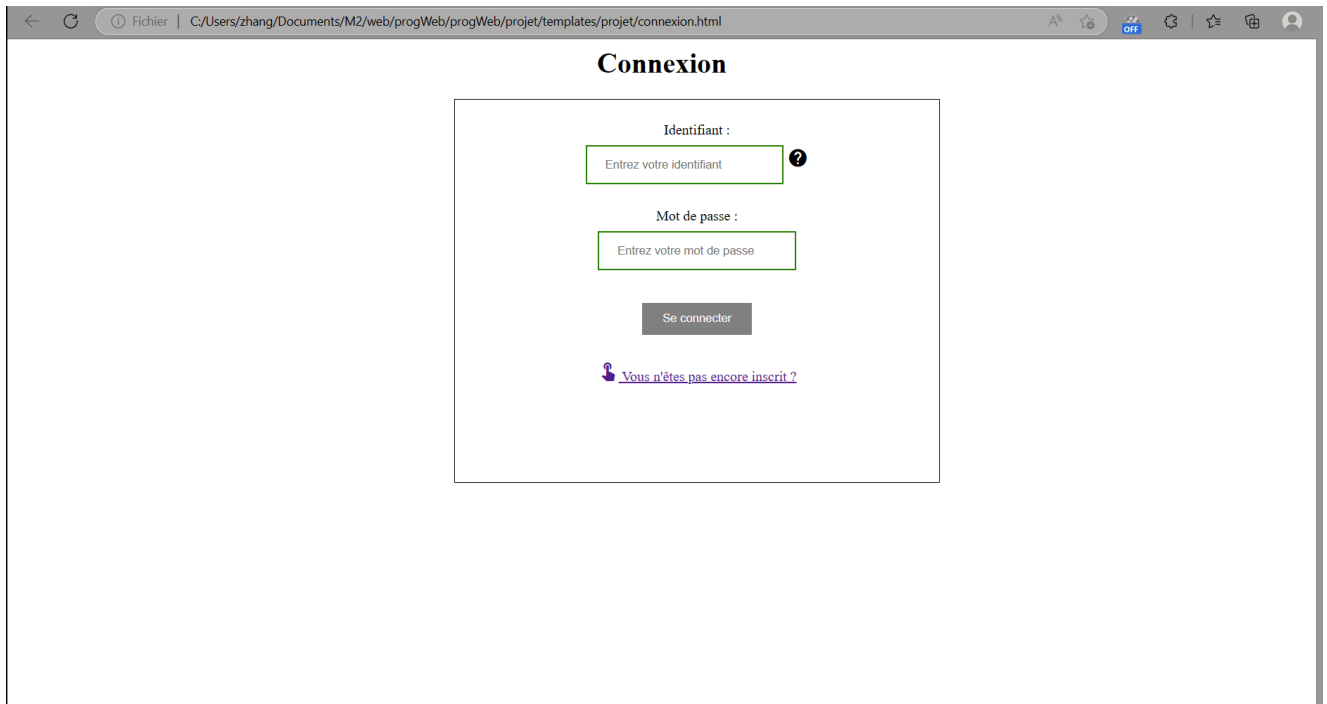
Résultat

Connexion

Inscription

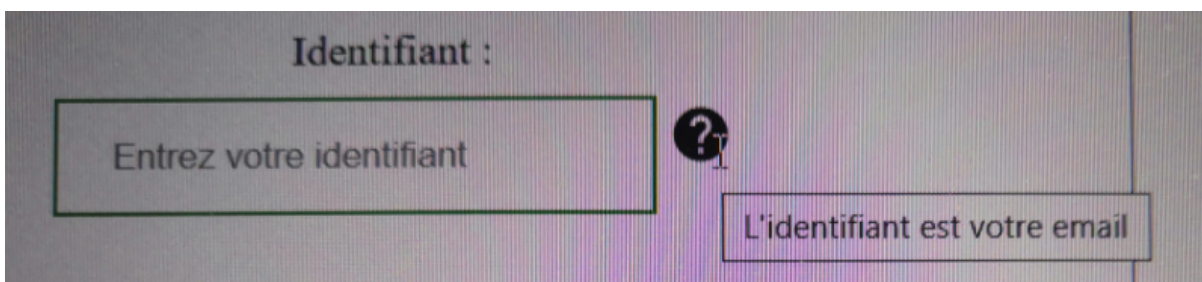
Annotation

Une page de connexion ou inscription: pour s'inscrire, l'utilisateur devra remplir un formulaire et choisira son rôle.




The screenshot shows a web browser window with the address bar displaying the file path: C:/Users/zhang/Documents/M2/web/progWeb/progWeb/projet/templates/projet/connexion.html. The page title is "Connexion". The form contains the following elements:

- Identifiant :** A label above a text input field containing the placeholder text "Entrez votre identifiant". To the right of the input field is a small black circle with a white question mark.
- Mot de passe :** A label above a text input field containing the placeholder text "Entrez votre mot de passe".
- Se connecter** : A dark gray button with white text.
- [Vous n'êtes pas encore inscrit ?](#) : A purple link with a hand cursor icon.



A droite de la case identifiant il y a une aide qui permet à l'utilisateur d'avoir un message. Si jamais l'utilisateur n'est pas inscrit, il a la possibilité de s'inscrire via le lien d'inscription.

 [Vous n'êtes pas encore inscrit ?](#)

Il sera ainsi redirigé vers le lien d'inscription qui créera son profil et avec lequel il pourra se connecter à chaque fois.

La page de l'inscription:

The screenshot shows a web browser window with the address bar displaying the file path: C:/Users/zhang/Documents/M2/web/progWeb/projet/templates/projet/inscription.html. The page title is "Inscription". Below the title, there is a form with the heading "Remplissez les champs suivants". The form contains several input fields: "Votre email :", "Votre mot de passe :", "Votre nom :", "Votre prénom :", and "Votre numéro de téléphone :". Each field has a placeholder text "Entrez votre email", "Entrez votre mot de passe", "Entrez votre nom", "Entrez votre prénom", and "Entrez votre numéro de téléphone" respectively. Below these fields is a section for role selection with the heading "Choisissez votre rôle souhaité : ?". It includes a dropdown menu labeled "Les rôles:" with "Lecteur" selected. At the bottom of the form is a button labeled "S'inscrire".

Il y a une autre aide au niveau de la sélection des rôles. Ainsi l'utilisateur peut choisir parmi les trois rôles tout en étant informé de leur rôle.

This screenshot shows a close-up of the role selection section. It features the heading "Choisissez votre rôle souhaité : ?" and a dropdown menu labeled "Les rôles:" with "Lecteur" selected. To the right of the dropdown, there is a text box containing the following information: "Un lecteur peut lire les informations de la base (poser ses requêtes grâce à un formulaire). Un annotateur peut faire tout ce que fait un utilisateur et en plus annoter des séquences. Un validateur peut faire tout ce que fait un annotateur et en plus valider des annotations des annotateurs."

This screenshot shows the role selection dropdown menu. The heading "Choisissez votre rôle souhaité : ?" is at the top. Below it is a dropdown menu labeled "Les rôles:" with "Lecteur" selected. The dropdown menu is open, showing three options: "Lecteur", "Annotateur", and "Valideur". At the bottom of the form is a button labeled "S'inscrire".

Une page contenant les listes de génome que l'on doit annoter (ou valider si on est validateur) sera affichée lorsqu'on clique sur le bouton annoté de la page d'accueil et si on est annotateur/validateur. La page contient deux parties avec plusieurs boutons à chaque ligne. On a les annotations définies par le validateur et celles non définies. Les boutons "Annoté" permettent d'accéder à la page annoter ou à annoté. Les boutons "Validé" permettent aux validateurs de valider l'annotation. Pour l'instant il nous reste encore à définir certains détails pour cette partie.

14.7.2020, 15:00:07 (15.1)

# Annotation

Liste des Annotations validées :

Annotation 1 :	Annoté	Validé
Annotation 2 :	Annoté	Validé
Annotation n :	Annoté	Validé

Liste des Annotations non annotées :

Annotation 1 :	Définir un annotateur	Annoté	Validé
Annotation 2 :	Définir un annotateur	Annoté	Validé
Annotation n :	Définir un annotateur	Annoté	Validé

Seuls les annotateurs peuvent annoté !

Seuls les validateurs peuvent attribuer et valider des annotations!

Après avoir sélectionné une annotation il est possible de sélectionner le type de séquence, c'est-à-dire nucléotidique ou protéique en fonction de ce choix un formulaire différent sera généré.

# Annotation

Choisissez le type de la séquence ▾

**Type de la séquence affecté**  
CDS  
peptidique

Si il choisit CDS:

Annotation

CDS

séquence nucléotidique affectée :

Identifiant de la séquence :

Ex: AAN78501

Type de la séquence :

Ex: cds

Information chromosomique :

Ex: ASM744v1:Chromosome:190:255:1

Nom du gène :

Ex: c5491

Type du gène :

Ex: protein\_coding

Type du transcrit :

Ex: protein\_coding

Type de la séquence :

Ex: cds

Information chromosomique :

Ex: ASM744v1:Chromosome:190:255:1

Nom du gène :

Ex: c5491

Type du gène :

Ex: protein\_coding

Type du transcrit :

Ex: protein\_coding

Symbol du gène :

Ex: thrL

Description du gène :

Ex: Thr operon leader peptide

Annoter

Si il choisit peptidique (presque les même champs d'attribut sauf pour peptidique il y a un champs 'nom du transcrit' en plus):

← ↻ ⓘ Fichier | C:/Users/zhang/Documents/M2/web/progWeb/progWeb/projet/templates/projet/annotation.html

## Annotation

peptidique

séquence protéique affectée :

Identifiant de la séquence :  
Ex: AAN78501

Type de la séquence :  
Ex: cds

Information chromosomique :  
Ex: ASM744v1:Chromosome:190:255:1

Nom du gène :  
Ex: c5491

Type du gène :  
Ex: protein\_coding

Nom du transcrit :  
Ex: AAN78501

Résultats :

Page de résultats si l'utilisateur à choisi comme sortie protéine/gène:

Resultats Protéine/Gène

"Nom du Génome 1...n"

Nom Gène 1...n :

Nom Transcrit 1...n :

Séquence Protéique :

M.....

Extraire

Séquence Nucléotidique :

ATG.....

Extraire

Séquence Sélectionnée :

Recherche sur BD alternative

Alignement

Page de résultats si l'utilisateur à choisi comme sortie génome:

# Résultats Génome

Nom du génome 1

ATG.....

Extraire

Nom du génome n

ATG.....

Extraire

Séquence Sélectionnée :

Recherche sur BD alternative

Aigrement