

L'utilisateur débute sur LoginPage.html. Il y a 3 possibilités pour l'utilisateur:

1) Si l'utilisateur a déjà un compte, il entre son email et mot de passe. Et clique sur le bouton Login qui ouvre la page menu.html si les identifiants sont corrects. Sinon un message alertant que la combinaison n'existe pas apparaît.

2) Si il a oublié son mot de passe, il clique sur le lien "Forgot password ?", il atterrit sur la page Forgotten_password.html. Sur cette page, il entre son adresse mail puis clique sur le bouton "Send email". Il recevra un email avec un lien personnalisé (c'est à dire que le lien est associé à son adresse email) pour Reset_password.html.

⇒ Sur Reset_password.html, il rentre son mot de passe et confirme son mot de passe, puis il clique sur le bouton "Change password". Le mot de passe est modifié dans la base de données.

3) Si il n'a pas de compte, l'utilisateur peut en créer un en cliquant sur le lien "Sign up".

⇒ La page AccountCreation.html s'ouvre. Il remplit les champs avec son email, son mot de passe désiré, prénom, nom de famille, numéro de téléphone et sélectionne son rôle à l'aide d'une liste déroulante.

Il est à noter que sur l'ensemble du site, un lien avec la page Contact.html existe. Elle permet d'envoyer un mail à l'administrateur. En remplissant un formulaire avec son nom, email, l'objet du mail et le message désiré, puis il clique sur le bouton "send" pour envoyer le mail.

Sur la page menu.html:

- L'utilisateur peut cliquer sur les différents boutons correspondants aux pages accessibles à son rôle (sur cette maquette, l'utilisateur a comme rôle administrateur)
 - La page de gestion des utilisateurs : usermanag.html
 - La page d'ajout de génome : Add_genome.html
 - La page des annotateurs : AnnotatorArea.html
 - La page des validateurs : ValidatorArea.html
- L'utilisateur peut rechercher un génome ou une protéine (le choix se fait via une liste déroulante) via différents champs. Puis il clique sur Submit pour lancer la recherche. Une liste des pages des gènes/protéines (Gene_ProtPages.html) ou génomes (GenomePage.html) correspondant aux critères apparaîtra en dessous du champ de recherche.

Sur la page usermanag.html accessible uniquement par l'administrateur:

- La liste des utilisateurs est affichée
- L'administrateur peut changer les rôles en sélectionnant le rôle désiré dans la liste déroulante puis il clique sur "Save role modification" pour sauvegarder le changement qui mettra à jour la base de données des utilisateurs
- Il peut cliquer sur "Delete user" pour supprimer l'utilisateur ou cliquer sur "Show last connection" pour afficher la date de la dernière connexion

Sur la page Gene_ProtPages.html:

- La liste des attributs du gène et la protéine correspondante est affichée.
- L'utilisateur peut télécharger en fichier texte l'ensemble des données désirées. Le choix des données à télécharger se fait via des cases à cocher. Puis l'utilisateur clique sur Download pour télécharger le fichier texte.

- Il peut lancer une recherche d'alignement BLAST sur la séquence nucléotidique en cliquant sur "Launch Blast on gene sequence" et sur la séquence protéique en cliquant sur "Launch Blast on protein sequence"
- Il peut accéder aux bases de données externes BioCyc, Bacteria.Ensembl, NCBI, PFAM ou Uniprot en sélectionnant la base de données désirée à l'aide d'une liste déroulante puis en cliquant sur "Access" pour ouvrir la page du site correspondant.
- Prochainement, la visualisation des domaines protéiques sera visible.

Sur la page GenomePage.html:

- La liste des attributs du génome est affichée.
- L'utilisateur peut télécharger la séquence fasta en cliquant sur "Download Fasta Sequence".
- Il peut accéder aux bases de données externes BioCyc et Bacteria.Ensembl en sélectionnant la base de données désirée à l'aide d'une liste déroulante puis en cliquant sur "Access" pour ouvrir la page du site correspondant.
- Il est possible de visualiser le génome à l'aide de Sequence Viewer de NCBI.

Sur la page Add_genome, accessible uniquement pour l'administrateur,

- L'utilisateur peut ajouter les 3 fichiers nécessaires pour la création d'un génome annotable sur le site :
 - Le fichier fasta du génome
 - Le fichier contenant les CDS
 - Le fichier contenant les séquences peptidiques.
- Puis il clique sur "Add genome" pour qu'ils soient parsés puis ajouter à la base de données.

Sur la page ValidatorArea accessible à partir du rang validateur :

- L'utilisateur a la liste des annotations à affecter et des annotations à valider
 - Pour chaque annotation sans annotateur, l'utilisateur peut cliquer sur la fiche gene/proteine pour connaître les informations déjà connues, puis il sélectionne l'annotateur à qui il veut affecter cette séquence
 - Pour chaque annotation qu'il a affecté, il peut voir qui l'a annoté et la description donnée par cet annotateur, puis il peut entrer un commentaire et soit refusé, soit accepté.

Sur la page AnnotatorArea accessible à partir du rang annotateur:

- L'utilisateur a la liste des annotations qui lui ont été affectées et le statut des déjà soumises
 - Pour chaque annotation à faire, il peut cliquer sur la fiche gène/protéine pour connaître les informations déjà connues, puis ajouter la description et cliquer sur Submit pour la soumettre à validation
 - Pour chaque annotation déjà soumise, le statut est écrit avec le cas échéant le commentaire.