

RNAFamViz

Manual d'utilisation

Rolland jr. Vaillancourt

Alex La Madeleine

Guillaume Chaput

20 décembre 2017

Table des matières

Table des matières	2
Application web	3
Interface de l'application web	3
Ajout de séquences.....	3
Sélection et suppression de séquences	4
Paramètres de l'analyse.....	5
Départ de l'analyse	6
Résultat de l'analyse	6
Site web.....	7

Application web

Interface de l'application web

L'interface de l'application est composée de trois éléments principaux.

Premièrement, un menu à gauche qui prend environ un sixième de l'écran. Ce menu est utilisé pour la grande majorité des interactions avec l'application et renferme les séquences que nous utilisons pour l'analyse.

Le deuxième élément est la vue centrale ou le dendrogramme apparaîtra. Celle-ci prend la majorité de l'écran et est située dans la section droite de l'écran.

Le troisième élément est un encadré renfermant les détails des nœuds ou feuilles du dendrogrammes qui sont sélectionnés (détails dans la section Résultats de l'analyse).

Ajout de séquences

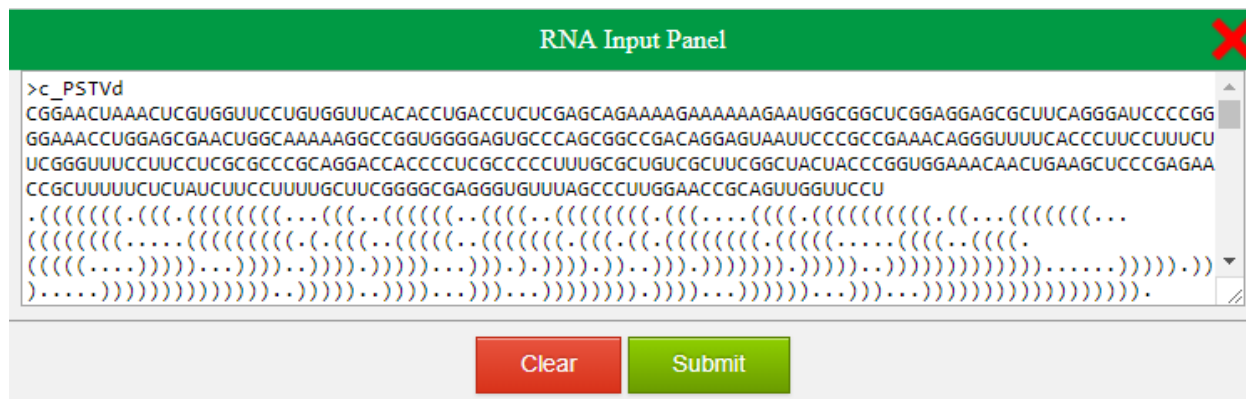
L'ajout de séquence se fait en utilisant le bouton Add sequence(s) dans le menu de gauche. Ce bouton fait apparaître une fenêtre où entrer les séquences. Les séquences doivent être sous la forme arc annoté. Donc la première ligne commence par le caractère ">" et ensuite le nom de la séquence et les informations pertinentes sur celle-ci. Après un saut à la ligne il s'agit de la séquence et un autre saut à la ligne sera la structure de la séquence.

Example :

[illegible]

Il est possible de vider la fenêtre des informations entrées en appuyant sur le bouton Clear, ou d'accepter l'ajout des séquences avec le bouton Submit. Il est aussi possible de fermer la fenêtre sans ajouter les séquences en appuyant sur le X rouge en haut à droite de la fenêtre ou en appuyant sur la touche échapper. Les séquences ajoutées apparaissent dans la section

« Sequence List » du menu de gauche, le nom des séquences est représenté par la première ligne de celle-ci, un nom court est donc préférable. Il sera toujours possible dans le futur de couper les noms en ajustant la propriété Overflow en CSS si cela devient nécessaire.



The screenshot shows a web interface titled "RNA Input Panel" with a green header and a red close button. Below the header is a text input area containing a long RNA sequence starting with ">c_PSTVd" and followed by several lines of nucleotide bases (A, C, G, U) and secondary structure symbols (dots and parentheses). At the bottom of the panel are two buttons: a red "Clear" button and a green "Submit" button.

FIGURE 1. Fenêtre d'ajout de séquence

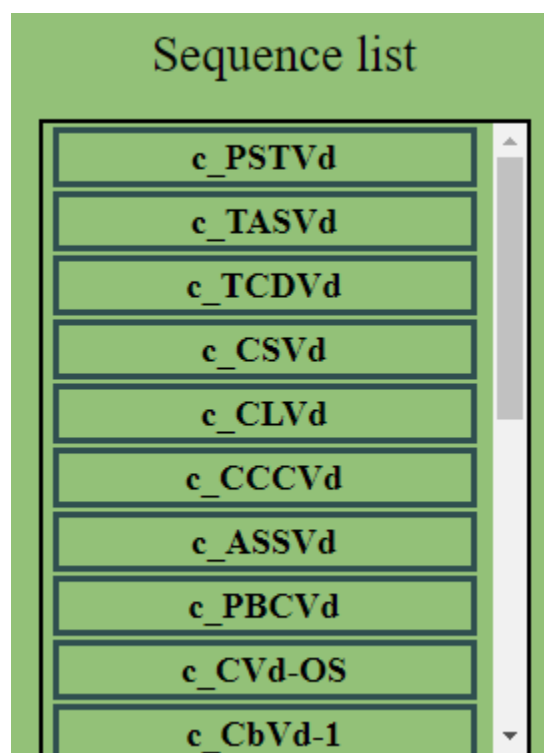


FIGURE 2. Liste de séquences

Sélection et suppression de séquences

La sélectionner des séquences dans la liste se fait de deux façons :

- Sélectionner les séquences individuellement en cliquant sur leurs noms dans la liste des séquences
- Utiliser les boutons Select All et Unselect All pour sélectionner/désélectionner toutes les séquences rapidement.

Pour l'instant, la sélection ne sert qu'à supprimer des séquences.

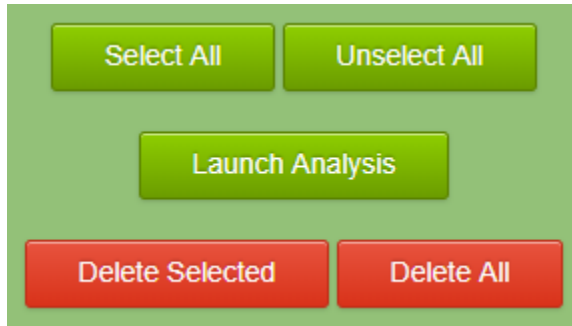


FIGURE 3. Boutons de sélection et suppression

Paramètres de l'analyse

Deux paramètres sont offerts dans le menu de gauche qui dictera comment l'algorithme fait les calculs. Le premier n'offre que l'analyse globale des séquences pour l'instant.

La deuxième offre de contrôler le pourcentage de conservation des motifs que nous voulons pour les résultats finaux. Choisir 70% ne montrera que les motifs avec 70% ou plus de conservation dans le dendrogramme final.

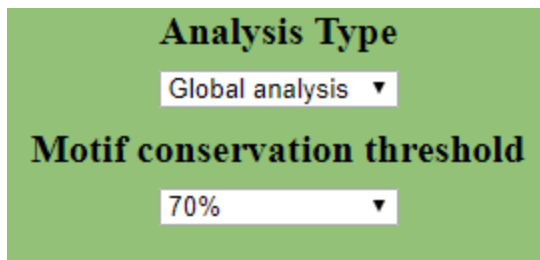


FIGURE 4. Sélection des paramètres d'analyse

Départ de l'analyse

Le bouton Launch Analysis envoie la liste des séquences pour analyse et production d'un dendrogramme qui sera affiché dans la section de droite de l'écran. L'affichage peut prendre plusieurs secondes, cela est dû au temps de calcul des divers algorithmes ainsi que de l'exécution de notre pipeline.



FIGURE 5. Bouton de départ d'analyse

Résultat de l'analyse

Le dendrogramme est affiché en entier après les calculs et un résultat acceptable.

Les nœuds et feuilles possèdent comme nœud le motif qui est le plus conservé à ce niveau. Celui-ci contient donc le meilleur score de conservation selon notre algorithme et prend en compte le pourcentage de conservation des motifs entré précédemment.

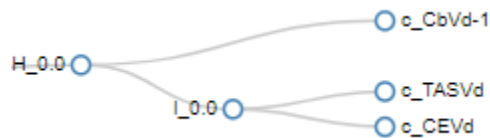


FIGURE 6. Exemple d'une section d'un dendrogramme

Il est possible de cliquer sur le petit dessin de cercle de chacun des nœuds ou des feuilles pour faire afficher des détails sur celui-ci dans l'encadré en bas à gauche. Les nœuds montrent les valeurs de pourcentages et de variances des motifs tandis que les feuilles montrent les données d'occurrence des divers motifs ainsi que la profondeur de la feuille dans l'arbre selon la racine.

Selected Leaf: c_CSVd	
Model Values	Leaf Depth
Motif: B Occ: 7	Leaf Depth: 9
Motif: B_2[S_4S_6] Occ: 1	
Motif: B_5[S_6S_6] Occ: 1	
Motif: B_2[S_2S_7] Occ: 1	
Motif: B_1[S_3S_4] Occ: 1	
Motif: B_1[S_7S_9] Occ: 1	

FIGURE 7. Détails des nœuds et des feuilles lors d’une sélection

Site web

Le site web possède une architecture très simple et facile à réutiliser. La page d’accueil est la page HomePage.phtml.

Celle-ci contient un carrousel comportant des images des fonctionnalités du site web ainsi qu’une description de l’outil et des fonctionnalités en texte dans la section de droite.

Les sections du site ont été découpées pour en faciliter l’adaptation et rendre sa lecture facile et intuitive.

Le menu dans le centre supérieur de la page sert à se rendre à toutes les pages du site, il n’y a pas de pages plus profondes. Le lien Software va ouvrir un nouvel onglet dans le fureteur pour ainsi ouvrir l’application web, les autres liens vont tout simple redirigé vers les pages désirées.