

Projet Web Séance 1 – Présentation du projet

Projet Web Séance 2 – Questions Sarah Cohen-Boulakia

Que signifie, dans l'énoncé du projet, que « le séparateur sera le ” ; ” » ?

Dans le fichier .txt de récupération des données, on sépare deux lignes de données par « ; », avec ou sans retour à la ligne.

Quels champs sont possibles pour les annotations ? où sont-ils définis ?

L'annotation contient les mêmes champs pour toutes les séquences de la base, ce sont ceux du fichier exemple. L'annotateur est libre de ce qu'il écrit dans le champ.

Faut-il que *tout* le génome soit annoté avant qu'un lecteur puisse le consulter avec, éventuellement, ses premières annotations ?

Non. En revanche, il faut clairement repérer (couleur rouge par exemple) les gènes non annotés.

Faut-il qu'un utilisateur puisse extraire en fichier plat une sélection des gènes du génome, ou uniquement le génome complet ?

Sur la page gène/protéine, on aura éventuellement plusieurs séquences à afficher. L'utilisateur doit pouvoir les extraire *toute d'un coup*. On peut lui laisser la possibilité de sélectionner celles qui l'intéressent, mais c'est en bonus.

Est-ce que l'administrateur doit pouvoir envoyer un mail d'invitation à se créer un compte sur le site (ou équivalent) conformément à l'énoncé – *créer un nouvel utilisateur* ?

Non. L'administrateur est hardcodé.

Peut-on / est-il conseillé d'utiliser un framework ?

Bof bof...

ADN génomique ou codant ?

Codant uniquement.

Doit-on organiser la BDD de telle manière qu'on rend possible / optimise des requêtes de la forme « *quels sont les séquences annotées par Bob* » ?

Ce n'est pas obligatoire.