

Manuel d'Utilisation de SITVIT2

Ceci est un manuel d'utilisation permettant aux chercheurs de naviguer facilement, d'interroger et d'analyser leurs données à travers la base de données SITVIT2.

Mots clés: *Mycobacterium tuberculosis*, tuberculose, Base de Données, Spoligotypage, « Mycobacterial Interspersed Repetitive Units-Variable Number of Tandem Repeats (MIRU-VNTRs) », Evolution, Phylogénie, Démographie, Statistiques, Epidémiologie.

Accueil

La page d'accueil présente brièvement la base de données SITVIT2 qui se consacre à l'étude des marqueurs de génotypage (information phylogénétique basé sur spoligotypage et les « MIRU-VNTRs ») des isolats du complexe *Mycobacterium tuberculosis* (MTBC). SITVIT2 permet également d'obtenir des données démographiques (sexe, âge, origine des patients), des informations sur la résistance aux médicaments ou le statut VIH/SIDA du patient, ainsi que des corrélations statistiques entre différentes variables. Les principales fonctionnalités du Site Web sont indiquées dans les figures qui suivent.

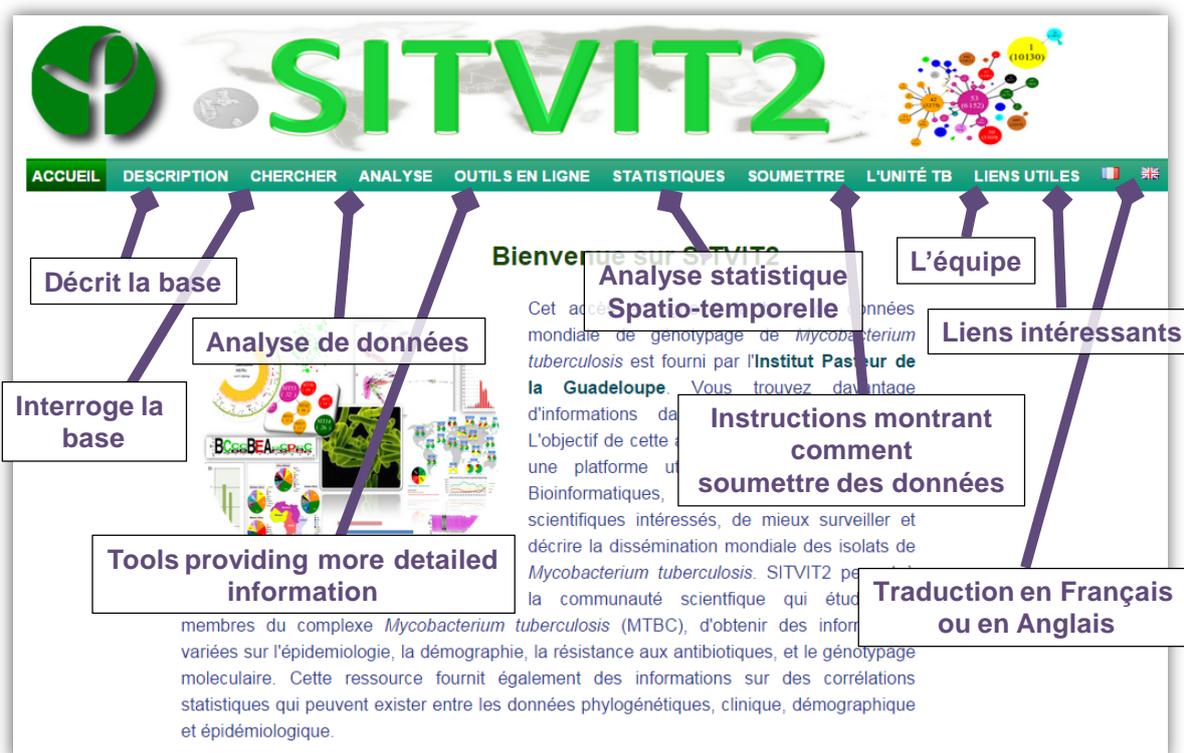


Figure 1: Page d'accueil et brève description des principales fonctionnalités.

Les utilisateurs peuvent facilement naviguer d'une page Web à une autre. Cependant, veuillez noter que seules les deux premières pages (intitulé «Home» et «Description») sont traduisibles en français ou en anglais (**Figure 1**). La langue des autres pages est l'anglais, néanmoins, l'utilisateur est libre d'utiliser un autre service (comme «Google translate») pour traduire les pages qu'il souhaite.

Description

Cette section décrit les principaux composants de la base de données (**Figure 2**).



The image shows a screenshot of the SITVIT2 website. At the top, there is a navigation bar with the following menu items: ACCUEIL, DESCRIPTION, CHERCHER, ANALYSE, OUTILS EN LIGNE, STATISTIQUES, SOUMETTRE, L'UNITÉ TB, and LIENS UTILES. The main heading is 'Description de la Base de données'. Below this heading, there is a row of tabs: 'La Base de données', 'Description Quantitative', 'Publications', 'Contributeurs', 'Distribution Globale', 'Lignées', and 'Liste des Pays'. The 'La Base de données' tab is selected, and its content is displayed in a text box. The text describes SITVIT2 as a multi-marker genotyping database for the *Mycobacterium tuberculosis* complex, detailing various genetic markers and their applications in epidemiology, demography, and genetics.

Figure 2: Description des principaux composants de SITVIT2.

Utilité des différents onglets

La Base de données: cette partie donne des informations générales sur les marqueurs génotypage moléculaires contenues dans la base de données.

Description Quantitative: une description quantitative des marqueurs moléculaires utilisés est également fournie.

Publications: publications qui sont en relation avec le sujet.

Contributeurs: une liste des contributeurs est disponible sur demande.

Distribution Globale: Carte mondiale montrant la distribution des isolats dans SITVIT2 vs. SITVITWEB.

Lignées: Carte mondiale des principales lignées contenues dans la base de données SITVIT2.

Liste des pays: la liste des pays représentés dans la base de données (obtenus en prenant en compte l'isolation de la souche ou l'origine des patients).

Recherche

Cette section permet aux utilisateurs d'interroger SITVIT2 en fonction de plusieurs critères (tels que le profil Spoligotype, les 12-/15- ou 24-loci MIRU, le SIT, le 12-MIT, la Lignée, le pays d'isolation, la résistance aux antituberculeux, la sérologie VIH, etc.) utilisés seuls ou en combinaison les uns des autres. Notez que vous pouvez utiliser des expressions régulières ou REGEXP (http://fr.wikipedia.org/wiki/Expression_rationnelle) dans chaque champ excepté les champs « Drug resistance », « Sex », et « HIV Serology » (pour lesquels vous pouvez sélectionner directement la valeur).

Les colonnes DHTMLX (<http://dhtmlx.com/>) peuvent être étendus, et il y a une barre de défilement facilitant la navigation (**Figure 3**). Le nombre total d'isolats correspondant à la requête est visible en bas à droite. Les résultats peuvent être exportés dans un fichier Excel.

The screenshot shows the SITVIT2 search interface. On the left, there are search criteria fields for IsoNumber (ID), Spoligotype, 12-loci MIRU, 15-loci MIRU, 24-loci MIRU, 5-locus ETRs (VNTR), SIT, 12-MIT, 15-MIT, 24-MIT, VIT, Lineage, Origin Country, Isolation Country (set to France), Year of Isolation, Drug Resistance, Sex, Age, HIV Serology, and Investigator. On the right, a table displays search results with columns for ID, Nb, Spoligotype, MIRU12, MIRU15, MIRU24, VNTR, SIT, 12M, 15M, 24M, VIT, Line, Ori, Isola, Year, Drug, Sex, Age, HIV, and Invest. The table shows several rows of data for isolates from France. Annotations include: 'Colonne DHTMLX' pointing to the table header, 'Champs de recherche' pointing to the search criteria fields, 'Barre de défilement' pointing to the scrollbar on the right side of the table, and 'Nombre d'isolats' pointing to the '4997 isolates' count at the bottom right. There is also an 'Export to Excel' button at the bottom of the table.

Figure 3: Capture d'écran de la page «Search» prenant l'exemple des souches isolées en France.

Brève description des principaux champs de recherche

- *IsoNumber (ID)*: code permettant l'identification de chaque profil contenu dans la base de données. Ce code est généré avec les informations suivantes: le pays d'isolation, le code de laboratoire, l'année d'isolation, le code de résistance aux antituberculeux, et un numéro de profil généré par notre base de données pour préserver l'anonymat des patients.
- *Spoligotype*: code octal composé de **15 chiffres** (e.g. 000000000003771).
- *12-loci MIRU*: **12 caractères** représentant les MIRUs 2-4-10-16-20-23-24-26-27-31-39- et 40.
- *15-loci MIRU*: **15 caractères** représentant les MIRU 4, 10, 16, 26, 31, et 40, ETR-A, ETR-C, QUB-11b, QUB-26, QUB-4156, Mtub04, Mtub21, Mtub30, et Mtub39.
- *24-loci MIRU*: **24 caractères** correspondant aux 12-loci MIRUs classiques suivis par ETR-A, ETR-B, ETR-C, QUB-11b, QUB-26, QUB-4156, Mtub04, Mtub21, Mtub29, Mtub30, Mtub34, et Mtub39.
- *5-locus ETRs (VNTR)*: **5 caractères** représentant les 5 ETRs A, B, C, D, et E.
- *SIT*: un nombre entier représentant un « shared-types » (profil retrouvé en au moins 2 exemplaires) dans la base de données.

- *12-MIT*: un entier identifiant les « shared types » 12-loci MIRU-VNTRs.
- *15-MIT*: un entier identifiant les « shared types » 15-loci MIRU-VNTRs.
- *24-MIT*: un entier identifiant les « shared types » 24-loci MIRU-VNTRs.
- *VIT*: un entier identifiant les « shared types » 5-locus ETRs.
- *Lineage*: lignée phylogénétique décrite dans cette base de données (Beijing, LAM, T, H, etc.).
- *Isolation Country*: le pays dans lequel les souches étaient isolées (notez que le nom complet du pays doit être saisi: e.g. vous devez écrire « Mexico » au lieu de « MEX »).
- *Origin Country*: le pays d'origine du patient. Comme pour le champ "*Isolation Country*", le pays d'origine doit être écrit en toute lettre.
- *Year*: l'année d'isolation de la souche.
- *Drug resistance*: code compris entre 0 et 4 indiquant le profil de résistance (voir page : <http://www.pasteur-guadeloupe.fr:8081/SITVIT2/submit.jsp>).
- *Sex*: ce champ correspond au sexe du patient (soit 'F' pour femme ou 'M' pour mâle).
- *Age*: ce champ correspond à l'âge du patient (un nombre entier).
- *HIV Serology*: ce champ correspond au statut VIH du patient (soit 'Négatif' ou 'Positif').
- *Investigator*: le nom du contributeur qui a soumis ses données dans SITVIT2.

Analyse

Cette section vous permet d'analyser vos propres données, en suivant les consignes du fichier exemple fourni (téléchargeable gratuitement; **Tableau 1**). Notez que vous pouvez laisser une cellule vide lorsque l'information n'est pas disponible. Votre fichier de données doit également inclure les mêmes entêtes que dans le **Tableau 1**. Assurez-vous de préparer votre fichier d'analyse comme le montre l'exemple, et ne laissez pas d'espaces entre les caractères utilisés pour les marqueurs moléculaires (Spoligotype43, MIRU12, MIRU15, MIRU24, and VNTR).

Table 1: Exemple de fichier Excel pour l'analyse des données

STRAIN	SPOLIGOTYPE43	MIRU12	MIRU15	MIRU24	VNTR	YEAR	ISOLATION COUNTRY
SITVIT001	000000000003771	224115153324	231533344323223	2141251133223241B3434433	22433	2007	RUS
SITVIT002	000000000003771	224315153323	231533344323223	2141251133223241B3434433	32234	2008	RUS
SITVIT003	77777777760771	224325153423	231533344323223	2141251133223241B3434433	32432	2006	GLP
SITVIT004	777777737760771	254326223633	231533344323223	2141251133223241B3434433	22235	2009	USA
SITVIT005	77777777720771	254326223633	231533344323223	2141251133223241B3434433	21443	2010	GLP

Une fois que vous avez suivi les instructions pour concevoir et télécharger votre fichier, les résultats de l'analyse seront affichés sur la page Web (**Figure 4**). Cet outil d'analyse vous permet d'identifier vos souches et de vérifier si elles existent déjà dans la base de données SITVIT2 (si tel est le cas, vos souches seront identifiées par des numéros « International-types » ou IT). Vous pouvez également exporter les résultats dans un document Excel.

Analyse your data file

Download and fill this [Excel file](#) with your data, then upload it to search for similar profiles in SITVIT2. If you are using a recent version of Microsoft Excel, please convert your file to Excel 2003 (XLSX files are not supported).

Make sure that you are strictly respecting the good format for all Spoligotype and MIRU-VNTR markers.

If you entered your spoligotype patterns at the binary format (o/n), it will be automatically converted into the octal format and vice versa. Note that the order of loci for MIRU-VNTRs are as follows:

- 5-locus Exact Tandem Repeats (ETRs) or VNTR order: A, B, C, D, and E.
- 26-27-31-39- and 40.
- 40, ETR-A, ETR-C, QUB-11b, QUB-26, QUB-4156, Mtub04, Mtub21, Mtub30, and Mtub39.
- MIRU24 order: classical 12-loci pattern followed by ETR-A, Mtub04, Mtub21, Mtub29, Mtub30, Mtub34, and Mtub39.

Furthermore, the MIRU-VNTRs loci labeled by letters A, B, ... indicate respectively 10, 11, or 12 etc... number of copies.

Correspondance nomenclature between designations of MIRUs/ETRs/QUBs/Mtubs and VNTRs loci is visible [here](#)

Choisissez un fichier

Vos résultats d'analyse

Analysis of your File

Strain	Spoligotype43	SIT	Lineage	Miru12	12-MIT	Miru15	15-MIT	Mir24	24-MIT	VNTR	VIT	Year	Country
1 SITVIT001	0000000000003771	1	Beijing	224115153324	20	null	ND	null	ND	22433	10	2007	RUS
2 SITVIT002	0000000000003771	1	Beijing	224315153323	27	null	ND	null	ND	32234	15	2008	RUS
3 SITVIT003	777777777760771	53	T1	224325153423	36	null	ND	null	ND	32432	22	2006	GLP
4 SITVIT004	777777777760771	86	T1	254326223633	61	null	ND	null	ND	22235	7	2009	USA
5 SITVIT005	777777777720771	50	H3	254326223633	61	null	ND	null	ND	21443	5	2010	GLP

Not defined (ND) statement indicates that a spoligotype or MIRU pattern does not exist in our database (i.e. this profile could be either null, an orphan, or a new pattern).

Figure 4: Capture d'écran de la page « Analysis » dans SITVIT2.

Outils en Ligne

Cette page Web (**Figure 5**) permet aux utilisateurs d'obtenir des informations sur la distribution/cartographies d'isolats en fonction de plusieurs caractéristiques. Les distributions peuvent être visualisées à différentes échelles (dans le monde entier, à l'échelle des sous-régions, des pays, ou encore des villes d'isolation).

Cette section contient d'autres «sous-onglets» permettant les fonctionnalités suivantes:

- *Globally*: fournit une visualisation globale des isolats enregistrés dans SITVIT2.
- *Genotyping markers*: fournit un ensemble d'outils permettant de visualiser les données relatives aux marqueurs de génotypage (**Figure 6**).
- *Lineages*: fournit des informations concernant la distribution des lignées phylogénétiques dans SITVIT2.
- *Drug Resistance*: fournit des informations concernant les données de résistance dans SITVIT2.
- *HIV*: fournit des informations sur les statuts VIH des patients enregistrés dans la base.
- *Sex/Age*: fournit des informations sur l'âge et le sexe des patients enregistrés dans SITVIT2.
- *Evolution of Genotypes*: fournit des SpoligoLogos (realizes avec l'application WebLogo), ainsi que des analyses phylogénétiques représentant les génotypes présents dans SITVIT2.
- *Connection with other databases*: propose une nomenclature reliant notre base de données et MIRU-VNTRplus (<http://www.miru-vntrplus.org/MIRU/index.faces>), ainsi qu'une corrélation de désignation de lignées selon SITVIT-KBBN (http://tbinsight.cs.rpi.edu/run_tb_lineage.html).

Online Tools

Globally | **Genotyping markers** | Lineages | Drug Resistance | HIV | Sex/Age | Evolution of Genotypes | Connection with other databases

Distribution of clustered patterns (International Types)

Enter a short list of ITs (one per line)

26
53
42

Example

Retrieve Origin Data
 SIT
 12-MIT
 15-MIT
 24-MIT
 VIT

Submit

Cartographies of International Types

Enter a SIT, a 12- 15- or 24-MIT or a VIT

SIT • 12-MIT • 15-MIT • 24-MIT • VIT

Submit

An other tool which display the distribution of a given IT by Region of Isolation

Select a Region of Isolation

Austral Africa (AFRI-S)

SIT • 12-MIT • 15-MIT • 24-MIT • VIT

Submit

An other tool which display the distribution of a given IT by Region of Origin of patient

Select a Region of Origin

Austral Africa (AFRI-S)

SIT • 12-MIT • 15-MIT • 24-MIT • VIT

Submit

An other tool which display the distribution of a given IT by Country of Isolation

Select a Country of Isolation

Latvia (LV)

SIT • 12-MIT • 15-MIT • 24-MIT • VIT

Submit

An other tool which display the distribution of a given IT by Country of Origin of Patient

Select a Country of Origin

Latvia (LV)

SIT • 12-MIT • 15-MIT • 24-MIT • VIT

Submit

An other tool which display the distribution of a given IT by City of Isolation

Select a City of Isolation (Country Code)

Wroclaw (PL)

SIT • 12-MIT • 15-MIT • 24-MIT • VIT

Submit

Distribution of combined International Types

Enter a short list of couples SIT/MIRU-VNTR-IT (separated by "/" e.g: 1/16)

1/16
1/17

Example

Retrieve Origin Data
 SIT/12-MIT
 SIT/15-MIT
 SIT/24-MIT
 SIT/VIT

Submit

Highlighting Rare Genotypes

This tool provides a list of genotypes (SITs, VITs or MITs) containing a given minimal number of strains, and isolated in a given maximal number of sub-regions of isolation.

Enter the minimum number of strains and a maximum number of sub-regions

Nb of Strains \geq

Nb of Subregions \leq

SIT • 12-MIT • 15-MIT • 24-MIT • VIT

Submit

Figure 6: Exemple d'utilisation de la fonction « Genotyping markers ».

Autres Statistiques

Cette section permet aux utilisateurs d'obtenir un aperçu sur la distribution/évolution spatio-temporelle des isolats en fonction de nombreux caractéristiques telles que la résistance aux antituberculeux, la lignée phylogénétique, ainsi que le sexe ou le groupe d'âge des patients (**Figure 7**).

SITVIT2

HOME DESCRIPTION SEARCH ANALYSIS ONLINE TOOLS **OTHER STATISTICS** SUBMIT YOUR DATA TB UNIT LINKS

TB-waves (Evolution of Lineages, Drug Resistance, Sex, and Age groups of patients)

Distribution of different types of Drug Resistance by *M. tuberculosis* lineage over time and space

Subregion: Global distribution Lineage: AFRI Curve of lines: Straight lines Statistic option: Number of cases Valider

Evolution of lineages over time and space

Subregion: Global distribution Lineage: AFRI Curve of line: Straight lines Statistic option: Number of cases Valider

Distribution of Sex of patients over time and space

Subregion: Global distribution Curve of lines: Straight lines Statistic option: Number of cases Valider

Distribution of Age groups of patients over time and space

Subregion: Global distribution Curve of lines: Straight lines Statistic option: Number of cases Valider

Figure 7: Capture d'écran de la page web « Other Statistics ».

Soumettre vos données

Cette section montre aux utilisateurs comment soumettre leurs données.

Unité TB

Cette page présente brièvement l'équipe travaillant au laboratoire "Unité de la Tuberculose et des mycobactéries, Institut Pasteur de la Guadeloupe".

Liens

Cette section contient diverses informations complémentaires et des liens intéressants de logiciels ou d'outils Web.