

# Réunion PhyloAlps #7a

---

21/07/2017

## Participants

---

- Marti Boleda
- Anthony Hombiat

## Feuille de calcul répertoriant les échantillons de PhyloAlps

---

- Echantillonnage dans 3 pays différents : Suisse, Autriche et France ( CH/AT/FR )
- Chaque entrée correspond à un échantillon conservé dans du silicagel
- Christophe Perrier fait le lien entre chaque échantillon et la part d'herbier correspondante
- Lorsqu'un identifiant ( lab ID ) est partagé par plusieurs entrées, il s'agit de plusieurs extractions d'ADN provenant d'un même échantillon
- Parfois le code CBNA est le même pour des échantillons distincts (problème dans la planification de la collecte) : il faut générer nos propres identifiants uniques (clé primaire)
- Les formats GPS ne sont pas homogènes
- Les formats de référence à l'expert concerné par le prélèvement ne sont pas homogènes (il peut également s'agir de l'organisme)
- SP/IND signifie espèce indéterminée
- Projet PhA signifie PhyloAlps
- Pour le projet de Toulouse, il n'y a pas d'échantillonnage, uniquement des extractions d'ADN (ne concerne pas la BD PhyloAlps, à tout le moins pas la première mouture)
- Les couleurs ne sont pas significatives pour l'import des données dans la base
- Les colonnes sample status et taxon status ne doivent pas être importées
- Le suivi de la collecte, depuis l'échantillonnage jusqu'au séquençage ( Sample => DNAAssembly ), est reporté sur une feuille de calcul Google Drive

Correspondances entre la feuille de calcul et le modèle de données de la base PhyloAlps :

- Les colonnes à gauche de la colonne code extraction sont des attributs du concept Sample
- Les colonnes entre la colonne code extraction et la colonne séquençage sont des attributs du concept DNAExtract
- Les colonnes à droite de la colonne séquençage sont des attributs du concept DNALibrary