

Réunion PhyloAlps #8

20/09/2017

Participants

- Martí Boleda
- Frédéric Boyer
- Eric Coissac
- Rolland Douzet
- Anthony Hombiat

PhyloAlps Taxonomy Service

- Refonte de l'ontologie PAON et des mappings D2RQ pour considérer le `TaxonName` comme un concept à part entière
- Discussion autour des relations du NCBI :
 - `TaxonName` -> `TaxonName`
 - `Taxon` -> `TaxonName`
- Intégration de la taxonomie du MOBOT :
 - client HTTP en python
 - parser SQL
 - mapping D2RQ
- Identification des `Taxon` et `TaxonName`, en particulier pour les taxonomies du NCBI et du MOBOT
- Mise à jour du modèle de données en conséquence
- Faire le lien entre les 3 référentiels taxonomiques via TNRS

PhyloAlps DataBase

- Introduction des avancements dans le projet PhyloAlps à Marti
- Discussion autour du fichier d'échantillonnage PhyloAlps
- Implémentation d'une moulinette python pour charger les données dans la BD
- Quel système de projection :
 - **WGS 84** (EPSG:4326) ?
 - **RGF 93** (EPSG:2154) ?
 - **ETRS 89** (EPSG:3035) ?
- Coordonnées GPS erronées pour de nombreux échantillons
- Gestion des données dans **PostgreSQL** + cartouche **PostGIS**
- Ajouter un référent de type `Person` au concept `Project`
- Les `Contributors` d'un `Project` peuvent contribuer à d'autres `Project` (ManyToMany relation)
- Ajouter un attribut de type `Organization` aux concepts `DNAExtract`, `DNARawseq` et `DNAAssembly`
- Multiplicité de plusieurs à plusieurs entre les concepts `DNARawseq` et `DNAAssembly`
- Ajouter un attribut commentaire au concept `DNAAssembly`
- Ajouter un attribut méthode au concept `DNAAssembly`
- Supprimer l'attribut `codeCBNA` du concept `DNAExtract`
- Générer le nom d'un `Sampleset` sur la base du nom du `Project` parent et des bornes inférieure et

supérieure des `Sample` qu'il contient

- Utiliser le module 'Full text search' de PostgreSQL pour indexer les résultat de l'autocomplétion de la barre de recherche
- Notion de lot de `DNARawseq` : `Batch` (à laisser de côté pour l'instant)

PhyloAlps Application

- Implémentation du modèle de données dans le framework python **Django**
- Mise à jour du modèle de données en conséquence
- Gestion de l'**authentification sécurisée** des utilisateurs
- Implémentation de la réinitialisation de mot de passe via server SMTP **mail.gandi.net:587**
- CSS framework **Bulma**
- 2 modules distincts :
 - **Phyloalps Browser** : données graphes
 - **PhyloAlps Editor** : données relationnelles
- Sécurisation des URLs via rôles utilisateur suivants :
 - Admin
 - Editeurs
 - Anonymes
- Rajouter les informations importantes de chaque élément dans la cascade rappelée par le fil d'Ariane :
 - `Project` : référent
 - `Sample` : nom scientifique + rang taxonomique
 - `DNAExtract` : date + organisation
 - `DNALibrary` : organisation
 - `DNAAssembly` : organisation
- Ajouter une carte sur la page de description d'un `Sample` pour visualiser sa localisation
- Ajouter le WSL dans les membres du projet (pied de page)
- Ajouter les partenaires de chaque projet dans la page de description d'un `Project`

PhyloAlps Infrastructure

- Discussion avec Patrick Juen à la mi-juillet pour définir les besoins techniques
- Discussion avec Olivier après relance début septembre