

Réunion PhyloAlps #10

11/12/2017

Participants

- Eric Coissac
- Roland Douzet
- Anthony Hombiat
- Sébastien Lavergne
- Christophe Perrier
- Maxime Rome

Hébergement prototype chez GRICAD

- Intégrer le service taxonomique sur la même machine virtuelle que le service base de données.
- Utiliser [FileSender](#) pour envoyer la machine virtuelle à GRICAD.
- Faire pointer le DNS de gandi.net vers la VM chez GRICAD.
- Utiliser des noms de domaine distincts pour chaque service :
 - `www.phyloalps.org` et `phyloalps.org` vers le site vitrine (actuellement hébergé sur `metabarcoding.org`) ;
 - `taxo.phyloalps.org` vers le service de taxonomie PhyloAlps ;
 - `data.phyloalps.org` vers l'interface d'exploration/édition de la base de données PhyloAlps.
- Filtrer l'accès à 'taxo.phyloalps.org' et 'data.phyloalps.org' via un fichier `.htaccess` .
- Monter le dossier `/bettic` contenant les séquences en sshfs sur la VM afin de faire le lien entre les samples en base de données et les fichiers de séquence (créer un nouveau certificat sans mot de passe).

PhyloAlps DB v0.1

- Christophe a divisé la colonne `localisation` du fichier de Martí qui contenait 3 informations différentes en 3 colonnes distinctes : `collecteur`, `date de collecte`, `lieu de collecte` : ce fichier fera l'objet de l'import initial pour la version v0.1 de la base de données.
- La colonne `Lab_ID` peut servir de clé primaire au moment de l'import dans la base de données PostgreSQL. Elle apparaît plusieurs fois lorsqu'un même échantillon est séquencé plusieurs fois : on ignorera la ligne le cas échéant.

Modèle de données

- Investiguer les moyens techniques de rendre différentes versions de la base de données PhyloAlps accessibles via la même interface.
- Investiguer les moyens de donner de la visibilité aux informations issues de la base de données PhyloAlps en mettant à disposition sur le site les articles qui y font référence.
- Investiguer les différentes fonctionnalités mises à disposition
 - dans l'interface d'exploration/édition ;
 - selon le profil de l'utilisateur (taxonomiste, phylogénéticien, bioinformaticien, etc.).