

Réunion PhyloAlps #15

12/11/2018

Participants

- Frédéric Boyer
- Bruno Bzeznik
- Eric Coissac
- Anthony Hombiat
- Sébastien Lavergne
- Maxime Rome

Explorateur de taxonomies

- Ne plus filtrer les taxa de rang `No Rank`
- L'attribut `order` des rangs doit être généré en fonction des noeuds `No Rank` intermédiaires. Pour ce faire :
 - en *amont* : via un script affectant les valeurs aux ordres des taxa au moment de l'intégration des référentiels taxonomiques dans la BD
 - en *aval* : en recalculant les valeurs des ordres des taxa au moment de l'affichage de l'arbre côté client
- Le filtrage des taxa en fonction des échantillons qui leur sont associés se fera via SPARQL en exposant préalablement les échantillons via D2RQ

Workshop PhyloAlps/PhyloNorway à Tromsø

- Créer un nouveau virtual host dans Apache Httpd correspondant au sous-domaine : <http://beta.phyloalps.org>
- Intégration des données génomiques de la V2
- Intégration des fonctionnalités bêta

Intégration continue

- Réfléchir à une façon de tester les appels au serveur asynchrones (impossibles à tester avec l'outil webtest). Cela peut être fait de 2 manières :
 - *plus haut niveau* : avec des tests fonctionnels sur l'interface en simulant le comportement d'un navigateur Web
 - *plus bas niveau* : avec des test unitaires plus proches du code
- Containérisation de la partie PhyloTaxo