

# Réunion PhyloAlps #17

---

05/03/2019

## Participants

---

- Eric Coissac
- Anthony Hombiat
- Sébastien Lavergne
- Charles Pouchon

## Base de données

---

- PhyloAlps Browser : BD version n
- PhyloAlps Editor : BD version n+1
- Répertoire `prereleases/` : dernières données d'assemblage alimentant l'éditeur après validation

## PhyloData

---

Environnement pour la manipulation des données génomiques de PhyloAlps

## Structure de fichiers

- Sur Luke : `/bettik/LECA/phyloskims` :
  - `junk/` : pre-corbeille
  - `phyldata/` : scripts et fichiers de configuration pour manipuler les données génomiques de PhyloAlps
  - `bin/` : scripts
  - `crontasks/` : `taskdaemon.cron` qui lance les jobs OAR sur le cluster
  - `etc/` :
    - `env.phyloskims` : environnement logiciel pour manipuler les données
    - `phyldb.conf` qui définit des variables liées aux données PhyloAlps
  - `jobscripsts/` : différents scripts à lancer en séquence
  - `lib/` : librairies
  - `log/` : logs des scripts
  - `tasks/` : queue de tâches à envoyer sur OAR lancée par le `taskdaemon.cron`
  - `tmp/` : dossier tampon pour les scripts
  - `data/`
  - `rawdata/` : répertoire par centre de séquençage (BGI, génoscope, fasteris) puis par projet puis par librairies
  - `prereleases/` : répertoire par projet puis par espèces puis

## Commandes

- `phyloclean` : enlève le statut DONE d'une tâche donnée
- `phylodo` : crée les fichiers de tâches dans le répertoire `tasks/` qui seront lancées par le

`daemontask.cron`

- `phyloedit` : permet d'éditer une tâche
- `phyloidx` : réindexe les répertoires après le séquençage
- `phyloneeds` : renvoie la liste des scripts qu'il reste à lancer pour une tâche donnée
- `phylorun` : lance le `command.sh` dans le shell afin de voir les sorties
- `phylpushd` : déplace vers le répertoire d'une librairie donnée dans `/prereleases`