

Sujet	Version
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <input type="checkbox"/> <b>ed</b>  <i>problèmes en cours (oj)</i>                      - curseur disparaît avec les boîtes de dialogue                      - différenciation des fenêtres                      - chargement de liste : boucler aux extrémités                      - sauvegarde (crash quand nom trop long)</li> </ul>	
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <input checked="" type="checkbox"/> réaliser le portage vers Mac OS X  <i>dans un premier temps, cela consiste essentiellement à porter la librairie GRX qui émule les fonctions graphiques de Turbo-C</i></li> </ul>	5.20a
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <input checked="" type="checkbox"/> implémenter la gestion de ClustalX (<b>O</b>)  <i>le but est de permettre de réaligner une région de l'alignement directement depuis ed ; dans un premier temps, il sera possible d'agir sur un ensemble, un groupe d'ensembles ou toutes les espèces ; à terme, il devrait être possible réaligner des consensus entre eux ; parallèlement, la fonction de compactage des gaps sera améliorée pour offrir les mêmes possibilités que le réalignement par ClustalX ; 5.3b : les fichiers temporaires sont proprement éliminés après usage</i></li> </ul>	5.21
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <input checked="" type="checkbox"/> implémenter la possibilité de nommer les ensembles d'espèces (<b>F4 et SHIFT-F3</b>)  <i>cela demandera de modifier l'affichage du cadre taxonomique et de l'alignement lui-même ; il faudra également veiller à fournir les noms des ensembles partout où le seul numéro était utilisé ; dans un souci d'efficacité, il serait judicieux de proposer un nom par défaut (par exemple correspondant au noeud où se trouve le curseur au moment de la création du groupe) ; répondre par ESC mettra le nom de l'ensemble à blanc (seul le numéro est utilisable) ; vider tout l'ensemble de son contenu aura le même effet (F4-option 1) ; renommer l'ensemble courant sera possible via la touche SHIFT-F3</i></li> </ul>	5.23
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <input checked="" type="checkbox"/> ajouter une touche pour placer la séquence courante en première position (<b>M</b>)  <i>trivial à implémenter, ce raccourci devrait faire gagner pas mal de temps ; à terme, il pourrait être intéressant de verrouiller une séquence en première position ; 5.3a : M déplace également le curseur en haut de l'écran</i></li> </ul>	5.24 / 28-02-06
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <input checked="" type="checkbox"/> ajouter une touche de changement d'affichage de l'ensemble courant (<b>E</b>)  <i>l'idée consiste simplement à éviter de devoir choisir l'ensemble dont on veut changer le mode d'affichage (séquences individuelles vs consensus) ; c'est la position du curseur qui déterminera l'ensemble affecté (à noter que le nom de l'ensemble courant est affiché en bas de l'écran)</i></li> </ul>	5.25 / 01-03-06
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <input checked="" type="checkbox"/> adapter le calcul des consensus d'ensembles  <i>la requête principale est d'utiliser une étoile de couleur blanche (et non rose) lorsque l'ensemble contient à la fois des gaps et des blancs</i></li> </ul>	5.25 / 01-03-06
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <input checked="" type="checkbox"/> améliorer la gestion des couleurs des consensus d'ensembles  <i>l'échelle de couleurs devrait être revue pour refléter plus intuitivement le degré de conservation d'une position, par exemple à l'aide d'une désaturation vers le gris</i></li> </ul>	5.25e / 30-03-06
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <input checked="" type="checkbox"/> implémenter la gestion des longs noms de fichiers  <i>bien que cela puisse se faire dans le cadre de l'interface actuelle (par exemple en dissociant les noms affichés de ceux réellement utilisés en interne), ce genre de problèmes va se régler automatiquement lors du passage à une API de GUI moderne</i></li> </ul>	5.25e / 30-03-06
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <input checked="" type="checkbox"/> implémenter un BLAST local en complément de l'évalue d'alipapa (<b>L et B</b>)  <i>l'objectif est de pouvoir rapidement identifier les séquences trop distantes des séquences canoniques de l'alignement ; les évalues locales peuvent être rafraichies à volonté en pressant la touche 'L' sur une séquence à utiliser comme query ; la touche 'B' cycle entre l'affichage des évalues d'alipapa et des évalues locales ; CHANGER LA TOUCHE L POUR Z + DISPLAY RESULTAT DES 20 MEILLEURS HITS</i></li> </ul>	5.3a / 05-09-06
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <input type="checkbox"/> corriger le bug de réalignement conduisant à la perte des espaces  <i>cela concerne à la fois le réalignement par ClustalX et la compaction des gaps ; il faut veiller à ne pas perdre l'information représentée par les données manquantes (espaces) en la remplaçant par des gaps (étoiles) ; une solution est de mémoriser l'état des caractères en bordure (interne) de la région à réaligner et de le restaurer après coup</i></li> </ul>	
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <input type="checkbox"/> corriger le bug conduisant au décalage de la position du curseur à l'écran  <i>il semble que ce bug qui conduit à la désynchronisation de la position physique du curseur à l'écran et de sa position logique dans la séquence courante soit lié au calcul (ou au rafraichissement du calcul) des délétions communes</i></li> </ul>	

- corriger le bug affectant le choix des groupes taxonomiques (F11)  
*il s'agit probablement d'un problème lié à la mémoire dynamique ou à un tableau mal borné ; il se manifeste dans le cas des fichiers contenant des paralogues (ex : mt-, cp- etc)*
- corriger le bug potentiel affectant l'affichage des identificateurs  
*le code n'est sans doute pas robuste à toutes les situations (par exemple, en l'absence de nom d'espèce ou en présence de plusieurs underscores)*
- se rappeler de la position du curseur dans le cadre taxonomique  
*quoique cette modification semble triviale, elle va nécessiter de contourner la façon dont fonctionne la navigation dans le cadre taxonomique pour se rendre directement au dernier sous-arbre sélectionné ; le noeud courant est plus simple à mémoriser*
- transformer le cupboard (poubelle) en un ensemble  
*cela devrait permettre d'augmenter la consistance de la sélection d'espèces et donc de minimiser les oublis de traitement du cupboard ; cela devrait en outre libérer la touche F6 ; techniquement, cela implique d'inclure le cupboard dans les taxa présents dans le cadre systématique ; une question est de savoir si la technique employée sera la même que celle utilisée pour les gènes ayant des paralogues*
- implémenter la gestion de listes d'ensembles prédéfinis  
*cela devrait permettre de créer rapidement des ensembles nommés à l'ouverture d'un fichier .ali ; les listes ne contiendraient que des noms d'ensembles couplés à des séries de taxa présents dans le cadre systématique (voire des espèces individuelles) ; en aucun cas, elles ne contiendraient des références à des séquences en particulier*
- implémenter une similarité BLAST  
*l'idée est d'étendre la fonction 's' en permettant une recherche de type gapped-BLAST, soit de toute la séquence courante, soit d'un fragment (20 aa) de la séquence courante ; la cible pourrait être soit l'alignement (résultat intégré à ed), soit GenBank (résultat dans un navigateur ; nécessité de gérer la communication inter-processus)*
- implémenter un mode d'affichage où les insertions minoritaires sont masquées  
*on peut voir ce mode comme une version "hardcore" de la suppression des gaps communs ; une extension intéressante, quoique discutable sur le plan de la légitimité phylogénétique serait de permettre l'exportation vers net de cette alignement simplifié*
- implémenter une fonction go to...  
*il s'agirait d'une boîte de dialogue permettant de déplacer le curseur à une position absolue de l'alignement (par exemple en vue de définir des amorces)*
- implémenter le réalignement de consensus d'ensembles par ClustalW  
*il s'agit d'étendre la fonction actuelle, mais en permettant que les consensus réalignés dictent aux séquences originales leur nouvel alignement ; ce n'est pas nécessairement trivial, mais ça devrait pouvoir être fait en suivant la logique développée dans baba*
- treeplot  
*recherche : implémenter un mode qui fait qu'on peut simplement faire "enter" pour la recherche suivante plutôt que de devoir remettre le "slash" ; à l'inverse, taper slash donnerait un champ de recherche vide à chaque fois*
- réaliser le portage vers Mac OS X 5.01a  
*dans un premier temps, cela consiste essentiellement à porter la librairie GRX qui émule les fonctions graphiques de Turbo-C*
- implémenter le marquage des groupes d'espèces dupliquées (D) 5.10  
*le but est de faciliter le repérage des groupes d'espèces dupliquées ; cette fonction trouve son sens lors des étapes de purification et de choix des paralogues*
- implémenter la navigation dans les groupes d'espèces dupliquées (SHIFT-UP/DOWN) 5.11  
*l'idée est de permettre de sauter directement d'un membre à l'autre au sein d'un groupe d'espèces dupliquées ; c'est surtout utile pour les anciens paralogues dans les grands arbres*
- implémenter la gestion des longs noms de fichiers 5.12c / 29-03-06  
*bien que cela puisse se faire dans le cadre de l'interface actuelle (par exemple en dissociant les noms affichés de ceux réellement utilisés en interne), ce genre de problèmes va se régler automatiquement lors du passage à une API de GUI moderne*
- implémenter une fonction de recherche (/ et @) 5.13 / 30-04-06  
*il s'agit de se déplacer dans l'arbre sur base de la recherche d'un fragment de nom d'espèce (/) ou du numéro d'accession/identifiant (@) ; la recherche est insensible à la casse*

## Sujet

## Version

- améliorer la fonction d'impression  
*en particulier, modifier la fonction d'export postscript pour autoriser l'impression d'un arbre s'étendant sur plusieurs pages ; modifier le code d'export postscript pour permettre l'écriture de fichiers au format OmniGraffle*
- implémenter l'affichage optionnel des groupes taxonomiques (**G**) 5.14b / 24-08-06  
*utilisant les données du fichier .nom, cette option permettrait d'avoir des arbres plus parlants*
- implémenter une forme de communication entre treeplot et ed  
*l'idée serait de sélectionner une séquence dans un fichier .ali directement à partir de l'arbre, par exemple afin de la supprimer ou simplement de la regarder*
- étendre la génération de listes pour inclure la définition d'ensembles  
*cette amélioration n'est pas prioritaire, mais l'idée est de permettre de combiner la puissance des ensembles nommés avec l'ordre phylogénétique des espèces au sein d'un ensemble ; concrètement, treeplot devrait être capable de créer des listes découpés en sous-groupes correspondant chacun à un ensemble nommé directement depuis l'arbre ; parallèlement, ed devrait être en mesure de lire ce format de liste étendu*
- **net**
  - implémenter la consolidation d'une espèce de référence (**SHIFT-F8**) 5.01/ 13-02-06  
*il s'agit simplement d'éliminer tous les sites où une espèce au choix présente soit des gaps, soit des caractères indéterminés*
  - améliorer la granularité du filtre d'élimination (**F5**) 5.02b / 29-03-06  
*concrètement, il s'agirait d'offrir plus de latitude quant au pourcentage de positions à éliminer ; à terme, on pourrait prévoir un champ de saisie numérique en plus des valeurs prédéfinies*
  - implémenter la gestion des longs noms de fichiers 5.02b / 29-03-06  
*bien que cela puisse se faire dans le cadre de l'interface actuelle (par exemple en dissociant les noms affichés de ceux réellement utilisés en interne), ce genre de problèmes va se régler automatiquement lors du passage à une API de GUI moderne*
  - centraliser l'écriture des fichiers .ali, .nbs, .bor et .una (**SHIFT-F3**)  
*suggestion de Béatrice qui ne me semble pas encore très claire (à creuser)*
  - contrôler qu'aucune séquence de longueur nulle n'est exportée  
*suggestion de Béatrice qui n'est pas certaine que le problème existe encore*
  - contrôler qu'aucun espace n'est ajouté lors de l'exportation en fichiers .ali  
*suggestion de Béatrice qui a déjà constaté que d'importantes manipulations de sélection des bornes pouvaient mener à ce résultat*
  - corriger le bug conduisant à un blocage lors de la saisie des bornes (**F7+F3**)  
*suggestion de Béatrices qui le décrit comme l'absence de sortie de la boucle événementielle*
- **aft\_paup**
  - réaliser le portage vers Mac OS X 5.12b / 24-03-06  
*dans un premier temps, cela consiste essentiellement à porter la librairie GRX qui émule les fonctions graphiques de Turbo-C*
  - implémenter la gestion des longs noms de fichiers 5.12b / 24-03-06  
*bien que cela puisse se faire dans le cadre de l'interface actuelle (par exemple en dissociant les noms affichés de ceux réellement utilisés en interne), ce genre de problèmes va se régler automatiquement lors du passage à une API de GUI moderne*
- **command line tools**
- **package**
  - passer les structures de données principales en mémoire dynamique  
*cela devrait permettre de lever la limite actuelle de la taille d'une matrice de données ; cela s'applique au moins à ed, net et sharegap*
  - afficher en permanence à l'écran le nom du fichier actif  
*dans un contexte de GUI moderne, le nom du fichier actif devrait se trouver dans la barre de titre de la fenêtre*
  - améliorer la cohérence de la gestion des fichiers .col et .nom  
*cela signifie offrir les mêmes possibilités de personnalisation dans les trois grands programmes de la suite MUST ; il faut notamment veiller à ce que les informations sauvegardées dans les fichiers .arb depuis treeplot le soit à bon escient*
  - généraliser la navigation alphabétique dans les listes  
*ce genre de détails peut être facilement pris en charge par l'API d'une GUI moderne*

## Sujet

## Version

- généraliser la mise à jour des listes de fichiers (SHIFT-F1)  
*suggestion de Béatrice qui pense que ce ne n'est pas le cas*
- ajouter CTRL-S comme seconde touche de sauvegarde (F5)  
*absolument trivial à réaliser ; cela dit, une réflexion sur la possibilité d'introduire plus de raccourcis standards dans MUST ne pourra pas être évitée (CTRL-O etc)*
- dresser les spécifications des des différents formats de fichiers  
*étape nécessaire dans le contexte d'une meilleure documentation de MUST, ce serait également un premier pas sur la voie de la gestion de formats de fichiers plus standards*
- ajouter un champ de méta-données au format des fichiers .nom  
*une application intéressante de ce mécanisme pourrait inclure la spécification du caractère public ou privé des séquences d'un taxon ; cela permettrait ensuite à ed et treeplot de marquer ces taxa de façon visuellement pertinente ; une autre option serait d'ajouter ce type d'information séquence par séquence dans les fichiers .inf, par exemple en fonction d'une option des programme est ou baba*
- implémenter un mécanisme de réaligement des paralogues séparés  
*un premier pas pourrait simplement consister à autoriser la conservation des gaps communs lors de l'enregistrement d'un sous-groupe de paralogues depuis ed ; ensuite, il pourrait être intéressant de créer un système d'ancres (éventuellement annotées comme méta-données) facilitant le réassemblage de paralogues séparés ; dernière possibilité, automatiser un réaligement de paralogues basé sur des BLAST2 de séquences consensus*