

DE LA RECHERCHE À L'INDUSTRIE



NGL-BI

DOCUMENTATION UTILISATEURS

SOMMAIRE (1/2)

| | |
|---|------|
| ➤ S'authentifier et utiliser les raccourcis de la page d'accueil | p.4 |
| ➤ Rechercher des runs, readsets ou analyses | p.7 |
| ➤ Visualiser les détails et les traitements : | |
| • d'un run (et <i>Run Status Flow</i>) | p.14 |
| • d'un readset (et <i>Readset Status Flow</i>) et export PDF des résultats | p.20 |
| • d'une analyse | p.41 |
| ➤ Visualiser des readsets ou analyses selon une configuration de tableau spécifique | p.43 |
| ➤ Effectuer du reporting sur les readsets (colonnes supplémentaires) | p.45 |
| ➤ Générer des représentations graphiques de statistiques sur les readsets | p.47 |
| • Configuration manuelle (et <i>tris, groupes et séries</i>) | p.49 |
| • Pré-configuration | p.56 |
| ➤ Évaluer des runs, readsets ou analyses et générer des highlights via des critères d'évaluation : | |
| • Évaluation runs et highlights | p.59 |
| • Évaluation readsets et highlights | p.65 |
| • Évaluation analyses et highlights | p.71 |
| ➤ Fonctionnalités du tableau de résultats | p.75 |
| • Éditer dans un tableau | p.77 |
| • Exporter les résultats en CSV | p.80 |
| • « Grouper » des résultats | p.82 |
| ➤ Renseigner des runs / des readsets : | |
| • Run : A conserver ? | p.86 |
| • Readset : Envoyé au CCRT ? / Envoyé au collaborateur ? | p.87 |
| ➤ ... | |



SOMMAIRE (2/2)



| | |
|---|-------|
| ➤ Changer l'état d'un run, <u>readset</u> ou <u>analyse</u> (se référer au <u>workflow</u>) | p.89 |
| ➤ Workflow run, <u>readset</u> et <u>analyse</u> | p.94 |
| • Procédure d'import SAV | p.101 |
| ➤ <u>ANNEXES</u> (<i>Lexique, Liens vers documents report config. et critères évaluation</i>) | p.113 |

S'authentifier et utiliser les raccourcis de la page d'accueil



HOME - AUTHENTICATION

Pour se connecter à NGL-BI, se rendre sur l'url suivante et renseigner son login et mot de passe :

- CNG : <http://ngl-bi.cng.fr>
- CNS : <http://ngl-bi.genoscope.cns.fr>

CNG

CNS




HOME - RACCOURCIS

Une fois connecté, des raccourcis sont déjà disponibles sur la page d'accueil pour visualiser la liste :

- des runs *en cours de séquençage* ;
- des runs *en cours de transfert* ;
- des runs *en attente d'évaluation* ;
- des runs taggés « *à conserver* ».

NGL-BI Evaluation ▾ Runs ▾ Readsets ▾ Archives j guy ▾

Bienvenue **login** sur NGL - Bio Informatique

NGL-BI est un LIMS simple et flexible pour le suivi des données bioinformatique issues du séquençage de nouvelle génération.

Consulter la liste directement sur la page d'accueil ou en utilisant le lien html.

Runs en cours de séquençage



| Code | Type | Date Run | Etat | Valide ? |
|-------------------------|---------|------------|---------------------|----------|
| 140207_HISEQ3_C3CFLACXX | RHS2000 | 07/02/2014 | Séquençage en cours | --- |
| 140207_HISEQ3_C3CDCACXX | RHS2000 | 07/02/2014 | Séquençage en cours | --- |
| 140218_HISEQ1_C3U3TACXX | RHS2000 | 18/02/2014 | Séquençage en cours | --- |
| 140218_HISEQ1_C3URVACXX | RHS2000 | 18/02/2014 | Séquençage en cours | --- |
| 140220_HISEQ2_C3FMGACXX | RHS2000 | 20/02/2014 | Séquençage en cours | --- |

Runs en cours de read generation

| Code | Type | Date Run | Etat | Valide ? |
|-------------------------|---------|------------|--------------------------|----------|
| 111004_HISEQ6_D08J4ACXX | RHS2500 | 04/10/2011 | Read generation en cours | --- |
| 111005_HISEQ8_D08HNACXX | RHS2500 | 05/10/2011 | Read generation en cours | --- |
| 140214_HISEQ6_C3EYWACXX | RHS2000 | 14/02/2014 | Read generation en cours | --- |
| 140214_HISEQ6_C3FFCACXX | RHS2000 | 14/02/2014 | Read generation en cours | --- |

Runs en attente d'évaluation

| Code | Type | Date Run | Etat | Valide ? |
|--------------------------|----------|------------|-----------------------|----------|
| 140129_HISEQ10_H84N2ADXX | RHS2500R | 29/01/2014 | Evaluation en attente | --- |
| 140204_HISEQ11_C3C52ACXX | RHS2500 | 04/02/2014 | Evaluation en attente | --- |
| 140204_HISEQ11_C3C1PACXX | RHS2500 | 04/02/2014 | Evaluation en attente | --- |
| 140205_HISEQ10_C3CE4ACXX | RHS2500 | 05/02/2014 | Evaluation en attente | --- |
| 140205_HISEQ10_C3CD4ACXX | RHS2500 | 05/02/2014 | Evaluation en attente | --- |

Runs à conserver

| Code | Type | Date Run | Etat | Valide ? |
|------|------|----------|------|----------|
| | | | | |



Rechercher des runs, readsets ou analyses



RECHERCHER DES RUNS

Pour rechercher un ou plusieurs run(s), aller sur Runs > Recherche.

Plusieurs filtres de recherche sont disponibles :

- Sélectionnez des projets (*nomenclature CNS : « AQI » / nomenclature CNG : « ECTOPIA_432 »*);
- Sélectionnez des échantillons (*ne peut être utilisé que si un ou plusieurs projets sont sélectionnés*);
- Date run depuis le (jj/mm/aaaa);
- Date run jusqu'au (jj/mm/aaaa);
- Sélectionnez des instruments (*Actifs : Mercure, Platine, Hiseq10, Inactifs : Chrome...*);
- Sélectionnez des états pour le run (*séquençage en cours, RG en cours, terminé...*);
- Sélectionnez des types de run (*RHS2000, RHS2500R, ...*);
- Sélectionnez une évaluation de run (*oui, non, -*);
- Sélectionnez un run (*en tapant des lettres qui le composent*);
- Sélectionnez des résolutions de run / lane (*Problème machine : fluidique, Problème réactifs : PE module, ...*).
- Run évalué par (*login utilisateur*)

Filtres supplémentaires :

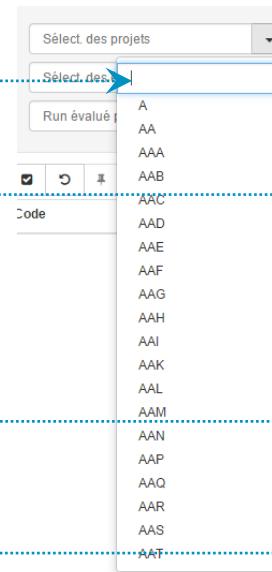
- Type de lectures (SR / PE);
- Nb cycles Read 1 (*saisie libre : nb exact de cycles R1 après transfert, ex : 101, 151, 201, 301...*)

NB : Les runs qui s'affichent dans le tableau résultat sont ceux qui contiennent les résolutions recherchées : soit dans le compte-rendu RUN soit dans le compte-rendu de leurs LANES.



FILTRES DE RECHERCHE MULTI-PROJETS / MULTI-ECHANTILLONS

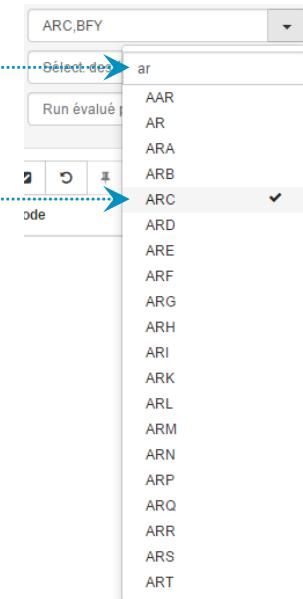
- Pour sélectionner un ou plusieurs projet(s), taper des lettres qui composent le nom / code du projet dans la cellule située en haut de la liste déroulante.



- Cliquer sur le projet souhaité, dans la liste.



- Revenir sur le bandeau du haut pour taper les lettres d'un autre projet.



- Le sélectionner dans la liste.

- Etc.

- Le fonctionnement est le même pour la recherche d'échantillons.



EVOLUTION DES FILTRES DE RECHERCHE MULTI-VALEURS DANS LA VERSION 1.6

Filtres **Filtres supplémentaires** **Colonnes**

<div style="

RECHERCHER DES READSETS

Pour rechercher un ou plusieurs readset(s), aller sur Readsets > Recherche.

The screenshot shows the 'Recherche' (Search) page with various filter options. The search bar is highlighted with a blue box and a magnifying glass icon. Below it, a button labeled 'Réinitialiser tous les filtres de recherche' (Reset all search filters) is also highlighted with a blue box and an arrow pointing to it.

Plusieurs filtres de recherche sont disponibles :

- Sélectionnez des projets (*nomenclature CNS : « AQI » | nomenclature CNG : « ECTOPIA_432 »*);
- Sélectionnez des échantillons (*ne peut être utilisé que si un ou plusieurs projets sont sélectionnés*);
- Regex pour le code (*taper un motif pour retrouver tous les readsets qui contiennent ce motif dans leur code ; exemple CNG : _RA_ permet de retrouver tous les readsets qui ont pour experimental type « RNAseq »*)
- Date run depuis le (jj/mm/aaaa) ;
- Date run jusqu'au (jj/mm/aaaa) ;
- Sélectionnez des états pour le readset (*RG en cours, évaluation en attente, disponible, indisponible...*) ;
- Sélectionnez une évaluation QC (*oui, non, -*) ;
- Sélectionnez une évaluation bioinfo (*oui, non, -*) ;
- Sélectionnez des types de run (*RHS2000, RHS2500R, ...*) ;
- Sélectionnez un run (*en tapant des lettres qui le composent*) ;
- Sélectionnez des instruments (*Actifs : Mercure, Platine, Hiseq10, Inactifs : Chrome*) ;
- Sélectionnez des résolutions QC (*Problème qualité : répartition bases ; Problème taxon : conta manip...*) ;
- Sélectionnez des résolutions bioinfo.
- Readset évalué par (*login utilisateur*)

Filtres supplémentaires de recherche :

- | | | |
|--|-------------------------------|--------------------------------|
| • [CNG] Envoyé CCRT ? (<i>oui / non</i>); | • [CNS] Type échantillon | • [CNS] Porosité Tara (code) |
| • [CNG] Envoyé Collaborateur ? (<i>oui / non</i>); | • [CNS] Type Processus Banque | • [CNS] Profondeur Tara (code) |
| | | • [CNS] Station Tara |

De nouveaux filtres de recherche peuvent avoir été ajoutés après la rédaction de cette documentation.



RECHERCHER DES READSETS – REGEX SUR CODE

Quelques exemples de recherche avec la Regex pour le code readset :

Regex pour le code (*taper un motif pour retrouver tous les readsets qui contiennent ce motif dans leur code ; exemple CNG : _RA_ permet de retrouver tous les readsets qui ont pour experimental type « RNAseq »*)

Filtres Filtres supplémentaires Colonnes supplémentaires

Sélect. des projets Sélect. des échantillons OSF_

Sélect. des états Sélect. une éval QC Sélect. une éval bioinfo.

Sélect. des instruments Sélect. des résol. QC. Sélect. des résol. bioinfo.

| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run |
|---------------------------|----------------------|----------|--------|-------------|------------|
| BFY_ACNHOSF_1_ABCD3.IND28 | 141017_MELISSE_ABCD3 | 1 | BFY | BFY_ACNH | 17/10/2014 |
| BKB_INOSF_1_ABAV8.IND21 | 141017_MIMOSA_ABAV8 | 1 | BKB | BKB_IN | 17/10/2014 |
| BKB_AKHOSF_1_ABAV8.IND22 | 141017_MIMOSA_ABAV8 | 1 | BKB | BKB_AKH | 17/10/2014 |
| BKB_AIBOSF_1_ABAV8.IND19 | 141017_MIMOSA_ABAV8 | 1 | BKB | BKB_AIB | 17/10/2014 |



Tous les readsets contenant « **OSF_** » dans leur code apparaissent dans le tableau résultat.

Filtres Filtres supplémentaires Colonnes supplémentaires

Sélect. des projets Sélect. des échantillons .IND2

| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run |
|--------------------------|----------------------|----------|--------|-------------|------------|
| BFY_ACLBOSF_1_ABCD3.IND2 | 141017_MELISSE_ABCD3 | 1 | BFY | BFY_ACLB | 17/10/2014 |
| BKB_ADNOSF_1_ABAV8.IND24 | 141017_MIMOSA_ABAV8 | 1 | BKB | BKB_ADN | 17/10/2014 |



Tous les readsets contenant « **.IND2** » dans leur code apparaissent dans le tableau résultat. Un readset avec l'index IND24 apparaîtra également.

Filtres Filtres supplémentaires Colonnes supplémentaires

Sélect. des projets Sélect. des échantillons \$: se termine par le caractère précédent

| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date R |
|--------------------------|----------------------|----------|--------|-------------|---------|
| BGT_DOSW_1_ABAV8.IND2 | 141017_MIMOSA_ABAV8 | 1 | BGT | BGT_D | 17/10/2 |
| BFY_ACLBOSF_1_ABCD3.IND2 | 141017_MELISSE_ABCD3 | 1 | BFY | BFY_ACLB | 17/10/2 |
| BFY_ACCBOSF_1_AAG63.IND2 | 141013_MELISSE_AAG63 | 1 | BFY | BFY_ACCB | 13/10/2 |



Seuls les readsets dont le code **se termine** par « **.IND2** » apparaissent.



RECHERCHER DES ANALYSES

Pour certains projets, le contrôle qualité « classique » n'est pas suffisant pour évaluer (éval. bioinfo) les readsets.

Sur ces projets, tagués au préalable comme devant comporter des analyses biologiques, vont être générées des « analyses », effectuées à partir d'un ou plusieurs readsets.

Pour rechercher un ou plusieurs analyse(s), aller sur Analyses > Recherche.

Plusieurs filtres de recherche sont disponibles :

- Sélectionnez des projets (*nomenclature CNS : « AQI » / nomenclature CNG : « ECTOPIA_432 »*) ;
- Sélectionnez des échantillons (*ne peut être utilisé que si un ou plusieurs projets sont sélectionnés*) ;
- Regex pour le code (*taper un motif pour retrouver toutes les analyses qui contiennent ce motif dans leur code*) ;
- Sélectionnez des types (*type de l'analyse, exemple : BAC pool assembly*) ;
- Sélectionnez des états pour l'analyse (*Analyse BI en cours, Evaluation en attente, Evaluation terminée*) ;
- Sélectionnez une évaluation (*oui, non, -*) ;
- Analyse évaluée par (*login utilisateur*) ;
- Sélectionnez des résolutions (*Merging : % merging, Scaffolding : N50...*)



Visualiser les détails et les traitements d'un run



SÉLECTIONNER DES RUNS A VISUALISER

Pour visualiser les détails d'un ou de plusieurs run(s) afin de consulter les différentes statistiques relatives aux différents traitements, aller sur **Runs > Recherche**, sélectionner le(s) run(s) en cliquant sur les lignes du tableau, puis cliquer sur « afficher détails ».

1. Recherche effectuée au moyen des filtres de recherche

2. Cliquer sur les runs pour les sélectionner

3. Cliquer sur « afficher détails »

| Code | Type | Date Run | Etat | Validé ? |
|----------------------------|---------|------------|---------|----------|
| 140107_MELISSE_A6UPL | RMISEQ | 07/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_CARBONE_C39G9ACXX | RHS2000 | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_CARBONE_C3K2AACXX | RHS2000 | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_SOURE_C39V5ACXX | RHS2000 | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_SOURE_C39V4ACXX | RHS2000 | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_PHOSPHORE_C39RMACXX | RHS2000 | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_PHOSPHORE_C39HUACXX | RHS2000 | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_MELISSE_A6UVP | RMISEQ | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140110_MIMOSA_A7CPV | RMISEQ | 10/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140113_MELISSE_A6UP4 | RMISEQ | 13/01/2014 | Terminé | Oui |

Les runs à consulter s'affichent alors dans une barre à gauche.

Cette barre reste visible lorsque vous consultez un run, vous permettant ainsi de naviguer d'un run à l'autre, ou même de revenir à la recherche initiale en cliquant sur « recherche ». Vous pouvez supprimer un run de la sélection en cliquant sur la petite croix à droite du nom du run.

Afficher Détails

| Code | Type | Date Run | Etat | Validé ? |
|----------------------------|---------|------------|---------|----------|
| 140107_MELISSE_A6UPL | RMISEQ | 07/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_CARBONE_C39G9ACXX | RHS2000 | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_CARBONE_C3K2AACXX | RHS2000 | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_SOURE_C39V5ACXX | RHS2000 | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_SOURE_C39V4ACXX | RHS2000 | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_PHOSPHORE_C39RMACXX | RHS2000 | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_PHOSPHORE_C39HUACXX | RHS2000 | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140108_MELISSE_A6UVP | RMISEQ | 08/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140110_MIMOSA_A7CPV | RMISEQ | 10/01/2014 | Terminé | Oui |
| 140113_MELISSE_A6UP4 | RMISEQ | 13/01/2014 | Terminé | Oui |



VISUALISER UN RUN

Cliquer sur le run à consulter.

NGL-BI
Evaluation
Runs
Readsets
Analyses
Statistiques
Archives

Recherche

- [141027_PLATINE_H072KAMXX](#)
- [141024_MIMOSA_ABCJT](#)
- [141023_MELISSE_AAUNG](#)
- [141022_CARBONE_C4VM6ACXX](#)

Sélect. des projets
Sélect. des échantillons
01/10/2014
Run jusqu'au (jj/mm/aaaa)
Sélect. des instruments

Sélect. des états
Sélect. des types
Sélect. une évaluation
Sélect. un run
Sélect. des résol. de run / lane

Run évalué par :

<<
<
1
2
3

| Code | Type | Date Run | Date fin RG | Etat | Validé ? |
|--------------------------|----------|------------|-------------|-----------------------|----------|
| 141027_PLATINE_H072TAMXX | RHS2500R | 27/10/2014 | | Séquençage en cours | --- |
| 141027_PLATINE_H072KAMXX | RHS2500R | 27/10/2014 | | Séquençage en cours | --- |
| 141027_MELISSE_AAULU | RMISEQ | 27/10/2014 | | Séquençage en cours | --- |
| 141024_MIMOSA_ABCJT | RMISEQ | 24/10/2014 | 26/10/2014 | Evaluation terminée | Oui |
| 141023_MELISSE_AAUNG | RMISEQ | 23/10/2014 | 24/10/2014 | Evaluation en attente | --- |
| 141022_CARBONE_C4VM6ACXX | RHS2000 | 22/10/2014 | | Séquençage en cours | --- |
| 141020_FLUOR_HAMUUADXX | RHS2500R | 20/10/2014 | 22/10/2014 | Evaluation terminée | Oui |



Recherche

141027_PLATINE_H072KAMXX Séquençage en cours

Code : 141027_PLATINE_H072KAMXX

Etat : Séquençage en cours

Validé ? : ---

Comptes Rendus

Critères

Évalué par : 0

Type : RHS2500R

Nb Clusters (total)

% Clusters filt. (moyenne)

Nb Clusters filt. (total)

Nb Bases (total)

A conserver ? :

Supprimé : Non

Nb Cycles

Ligne Contrôle

Code Flowcell : H072KAMXX

Position Flowcell

Version RTA

Version Flowcell

Code Instrument : PLATINE

Type d'Instrument : HISEQ2500

Date Run : 27/10/2014

Date fin RG

Détails évaluation

| Pistes | | |
|--------|----------|----------------|
| # | Validé ? | Comptes Rendus |
| 1 | --- | |
| 2 | --- | |

Readsets (0)
00:00:00

| PAGE 16

INTERFACE RUN – DÉTAILS

Code couleur : Run valide, Run non valide, Run à « - »

NOM du RUN → 141008_SOUFRE_C4A65ACXX Evaluation terminée ← Etat (cf. workflow)

Permet d'éditer un run (renseigner les champs : valide ?, Comptes rendus, critères, détails évaluation, etc.) en dehors du mode « évaluation »



Résultat évaluation RUN

| | | | | | | | |
|----------------|--|----------------------------|--------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|---------------------|
| Code | 141008_SOUFRE_C4A65ACXX | Type | RHS2000 | Nb Cycles | 209 | Code Instrument | SOUFRE |
| Etat | Evaluation terminée | Nb Clusters (total) | 1 520 393 260 | Ligne Contrôle | 4 | Type d'Instrument | HISEQ2000 |
| Validé ? | Oui | % Clusters filt. (moyenne) | 88,48 | Code Flowcell | C4A65ACXX | Date Run | 08/10/2014 |
| Comptes Rendus | Visualiser workflow (cf. page suiv.) | Nb Clusters filt. (total) | 1 345 304 718 | Position Flowcell | A | Date fin RG | 18/10/2014 00:00:00 |
| Critères | RHS2000 2x101 | Nb Bases (total) | 281 168 686 062 | Version RTA | 1.13.48 | | |
| Evalué par | mlepretre (20/10/2014) | A conserver ? | <input type="checkbox"/> | Version Flowcell | HiSeq Flow Cell v3 | | |
| | | Supprimé | Non | | | | |

Données ngsrg [RUN]

Onglets traitements [LANES]

| # | Nb Cycles | Nb Clusters | % Clusters filtrés (illumina) | Nb Cluster filtrés (illumina) | % Séquences filtrées (interne) | Nb Séquences (filtre illumina + interne) | Nb Bases (filtre illumina + interne) | % Perte |
|---|-----------|-------------|-------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|--|--------------------------------------|---------|
| 1 | 101,101 | 185 062 377 | 83,49 | 154 511 690 | 99,18 | 153 238 982 | 30 954 274 364 | 0,87 |
| 2 | 101,101 | 162 709 695 | 86,11 | 140 115 620 | 98,99 | 138 693 875 | 28 016 162 750 | 1,42 |
| 3 | 101,101 | 171 680 243 | 85,13 | 146 149 689 | 99,09 | 144 819 792 | 29 253 597 984 | 0,78 |
| 4 | 101,101 | 209 817 789 | 90,25 | 189 367 172 | 99,46 | 188 347 830 | 38 046 261 660 | 1,62 |
| 5 | 101,101 | 198 935 026 | 80,64 | 160 427 921 | 99,31 | 159 313 261 | 32 181 278 722 | 1,08 |
| 6 | 101,101 | 206 696 480 | 92,92 | 192 058 252 | 99,44 | 190 975 094 | 38 576 968 988 | 0,71 |
| 7 | 101,101 | 189 724 327 | 94,2 | 178 721 208 | 99,36 | 177 575 901 | 35 870 332 002 | 0,74 |
| 8 | 101,101 | 195 767 323 | 93,97 | 183 953 166 | 99,35 | 182 754 663 | 36 916 441 926 | 0,7 |

| Pistes | Validé ? | Comptes Rendus |
|--------|----------|----------------|
| 1 | Oui | |
| 2 | Oui | |
| 3 | Oui | |
| 4 | Oui | |
| 5 | Oui | |
| 6 | Oui | |
| 7 | Oui | |
| 8 | Oui | |

Récapitulatif des lots de séquences sur la FC et métriques importantes

| N° Piste | Code | Etat | % déposé | % Séquences valides / piste | Nb Séquences valides | Nb Bases | % >= Q30 | Score Qualité moyen | Validé QC ? | Validé Biolinfo ? |
|----------|-------------------------------|------------|----------|-----------------------------|----------------------|----------------|----------|---------------------|-------------|-------------------|
| 1 | BEZ_ABMAOSW_1_C4A65ACXX.IND4 | Disponible | 100,00 | 99,13 | 151 904 236 | 30 684 655 672 | 90,41 | 35,08 | Oui | Oui |
| 2 | BEZ_ABQAOSW_2_C4A65ACXX.IND2 | Disponible | 100,00 | 98,58 | 136 722 846 | 27 618 014 892 | 91,69 | 35,42 | Oui | Oui |
| 3 | BEZ_ABSAOSW_3_C4A65ACXX.IND1 | Disponible | 100,00 | 99,22 | 143 692 620 | 29 025 909 240 | 90,95 | 35,24 | Oui | Oui |
| 4 | BCM_CIDOSW_4_C4A65ACXX.IND8 | Disponible | 10,00 | 10,50 | 19 775 254 | 3 994 601 308 | 92,20 | 35,98 | Oui | Oui |
| 4 | BCM_CLLOSOW_4_C4A65ACXX.IND5 | Disponible | 10,00 | 7,56 | 14 245 439 | 2 877 578 678 | 91,00 | 35,62 | Oui | Oui |
| 4 | BCM_CLROSOW_4_C4A65ACXX.IND10 | Disponible | 10,00 | 8,49 | 15 987 572 | 3 229 489 544 | 91,64 | 35,80 | Oui | Oui |
| 4 | BCM_CLMOSW_4_C4A65ACXX.IND6 | Disponible | 10,00 | 11,19 | 21 084 325 | 4 259 033 650 | 89,75 | 35,25 | Oui | Oui |



VISUALISER UN RUN DANS SON WORKFLOW

Cliquer sur l'état du run pour le visualiser dans son workflow.



Run status flow

```

graph TD
    A[Séquençage en cours] --> B[Séquençage terminé]
    B -.-> C[Read generation en attente  
18/10/2014 00:00:00]
    C -.-> D[Read generation terminée  
18/10/2014 00:00:00]
    D -.-> E[Evaluation en attente  
18/10/2014 22:32:18]
    E --> F[Evaluation en cours  
20/10/2014 15:05:22]
    F --> G[Evaluation terminée  
20/10/2014 15:05:22]
  
```

La date s'affiche en face d'un état dès que le run passe par cet état.
La cellule en bleu donne l'état courant du run.

| les filtrées | Nb Séquences (filtre interne) |
|--------------|-------------------------------|
| | 153 238 982 |
| | 138 693 875 |
| | 144 819 792 |
| | 188 347 830 |
| | 159 313 261 |
| | 190 975 094 |
| | 177 575 901 |
| | 182 754 663 |



RACCOURCIS RUNS – READSETS

Après avoir sélectionné un run et affiché ses détails, se rendre en bas de la page pour visualiser le tableau récapitulatif des readsets qui le composent. A partir de ce tableau, vous pouvez :

- Choisir de **n'afficher que certaines lanes** ;
- Cliquer sur « **Voir readsets** » pour afficher dans une nouvelle page le tableau des readsets tel qu'il apparaît à l'écran et consulter leurs détails ;
- Cliquer sur « **Evaluer readsets** » (bouton disponible quand le run est en mode édition) pour afficher dans une nouvelle page le tableau des readsets tel qu'il apparaît à l'écran et les valider / invalider en masse.

| NGS-RG | | | | | | | | | Pistes | | |
|--------|-----------|-------------|-------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|--|--------------------------------------|---------|--------|----------|----------------|
| # | Nb Cycles | Nb Clusters | % Clusters filtrés (illumina) | Nb Cluster filtrés (illumina) | % Séquences filtrées (interne) | Nb Séquences (filtre illumina + interne) | Nb Bases (filtre illumina + interne) | % Perte | # | Valide ? | Comptes Rendus |
| 1 | 101,101 | 189 116 299 | 93,4 | 176 641 897 | 99,26 | 175 327 073 | 35 416 068 746 | 1,9 | 1 | --- | |
| 2 | 101,101 | 153 970 984 | 93,99 | 144 714 120 | 98,99 | 143 245 849 | 28 935 661 498 | 7 | 2 | --- | |
| 3 | 101,101 | 147 022 449 | 94,36 | 138 725 497 | 96,36 | 133 673 081 | 27 001 962 362 | 7,07 | 3 | --- | |
| 4 | 101,101 | 143 428 210 | 94,28 | 135 228 393 | 98,63 | 133 376 759 | 26 942 105 318 | 6,94 | 4 | --- | |
| 5 | 101,101 | 161 139 741 | 93,65 | 150 911 677 | 98,8 | 149 102 517 | 30 118 708 434 | 6,83 | 5 | --- | |

Readsets (10)

Sélect. des lanes

Voir Readsets Evaluer Readsets

| N° Piste | Code | Etat | % déposé | % Séquences valides / piste | Nb Séquences valides | Nb Bases | % >= Q30 | Score Qualité moyen | Valide QC ? | Valide BioInfo ? |
|----------|----------------------------------|------------|----------|-----------------------------|----------------------|----------------|----------|---------------------|-------------|------------------|
| 1 | E421_CB_B00EUIT_1_D1DAGACXX.IND4 | Disponible | | 38,05 | 66 712 820 | 13 475 989 640 | 92,81 | 36,20 | --- | --- |
| 1 | E421_CB_B00EPPR_1_D1DAGACXX.IND2 | Disponible | | 37,72 | 66 141 643 | 13 360 611 886 | 92,70 | 36,15 | --- | --- |

A partir du tableau récapitulatif des readsets, visible sur l'interface du run, vous pouvez cliquer sur un readset pour consulter ses détails. Une nouvelle page s'ouvre directement sur l'interface du readset.



Permet de filtrer sur les lanes qu'on veut visualiser.

Permet d'ouvrir une page de recherche de readset donnant directement sur la sélection visualisée dans ce tableau.

Permet d'ouvrir une page d'évaluation en masse de readset donnant directement sur la sélection visualisée dans ce tableau.

Visualiser les détails et les traitements d'un readset



SÉLECTIONNER DES READSETS A VISUALISER

Pour visualiser les détails d'un ou de plusieurs readset(s) afin de consulter les différentes statistiques relatives aux différents traitements, aller sur **Readsets > Recherche**, sélectionner le(s) readset(s) en cliquant sur les lignes du tableau, puis cliquer sur « afficher détails ».

1. Recherche effectuée au moyen des filtres de recherche

2. Cliquer sur les readsets pour les sélectionner

3. Cliquer sur « afficher détails »

4. Cliquer sur le readset à consulter

| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | Valide QC ? | Valide Biolinfo ? |
|-----------------------------|--------------------------|----------|--------|-------------|------------|-----------------------------|-------------|-------------------|
| AKL_FROSN_1_C39MEACXX.IND14 | 140116_FLUOR_C39MEACXX | 1 | AKL | AKL_FR | 16/01/2014 | Disponible | Oui | Oui |
| AKL_GHOSN_6_C39HCACXX.IND5 | 140115_MERCURE_C39HCACXX | 6 | AKL | AKL_GH | 15/01/2014 | Contrôle qualité en attente | Oui | Oui |
| AKL_GKOSN_8_C39HCACXX.IND18 | | | | AKL_GK | 15/01/2014 | Contrôle qualité en attente | Oui | Oui |
| AKL_FQOSN_4_C39HCACXX.IND13 | | | | AKL_FQ | 15/01/2014 | Disponible | Oui | Oui |
| AKL_GIOSN_7_C39HCACXX.IND16 | 140115_MERCURE_C39HCACXX | 7 | AKL | AKL GI | 15/01/2014 | Disponible | Oui | Oui |
| AKL_GCOSN_5_C39HCACXX.IND12 | 140115_MERCURE_C39HCACXX | 5 | AKL | AKL GC | 15/01/2014 | Contrôle qualité en attente | Oui | Oui |
| AKL_FFOSN_3_C39HCACXX.IND7 | 140115_MERCURE_C39HCACXX | 3 | AKL | AKL FP | 15/01/2014 | Contrôle qualité en attente | Oui | Oui |
| AKL_FFOSN_2_C39HCACXX.IND4 | 140115_MERCURE_C39HCACXX | 2 | AKL | AKL FF | 15/01/2014 | Contrôle qualité en attente | Oui | Oui |
| AKL_FCOSN_1_C39HCACXX.IND2 | 140115_MERCURE_C39HCACXX | 1 | AKL | AKL FC | 15/01/2014 | Contrôle qualité en attente | Oui | Oui |
| AKL_FEOSN_1_A5TM3.IND7 | 131120_MELISSE_A5TM3 | 1 | AKL | AKL FE | 20/11/2013 | Disponible | Oui | Oui |



INTERFACE READSET – DÉTAILS (1/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »



NOM du lot de séquence →

BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Permet d'éditer un readset (renseigner les champs : valide ?, Comptes rendus, critères, détails évaluation, etc.) en dehors du mode « évaluation »



Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

Code BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2

Nb Séquences utiles 200,311,306

Run / N° Piste 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2

Etat Disponible

Nb Bases utiles 39,920,324,496

Type de Run RHS2000

Valide QC ? Non

Valide BioInfo ? Oui

Nb Cycles 209

Comptes Rendus QC Problème qualité

Q30
duplicat > 30

Comptes Rendus BioInfo

Critères QC Default

Critères BioInfo Low

Evalué par ngsrg (10/03/2014)

Evalué par ngsrg (10/03/2014)

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Notion de validité bioinfo :
un lot de séquence peut être invalidé par l'équipe QC mais utilisable pour le bio informaticien.

Stat. globales

Raccourci pour aller sur le RUN

Onglets traitements [READSET] → NGS-RG Read Quality (vs RAW) Duplicates (vs RAW) Trimming (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) Taxonomy (vs CLEAN) Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN)

| % déposé | % Séquences valides / piste | Nb Séquences valides | Nb Bases | % >= Q30 | Score Qualité moyen |
|----------|-----------------------------|----------------------|----------------|----------|---------------------|
| 96.35 | | 202,710,191 | 40,947,458,582 | 92.91 | 36.29 |

Statistiques associées au traitement [READSET]



INTERFACE READSET – DÉTAILS (2/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de
séquence →

BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Editer

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

SSID 1205772468

Date de l'archive 21/01/2014 00:00:00

Chemin /env/cns/proj/projet_BAT/AAK/RunsSolexa/140108_CARBONE_C39G9ACXX/

Envoyé au CCRT ?

Informations pouvant être renseignées
(individuellement ou en masse)

Envoyé au Collaborateur ?

| Nom du fichier | Type de fichier | Utilisable | Label | Encodage ASCII | Clé codage md5 |
|---|-----------------|------------|-----------|----------------|----------------------------------|
| BAT_AAKOSW_2_1_C39G9ACXX.IND2.fastq | RAW | Non | READ1 | 33 | |
| BAT_AAKOSW_2_2_C39G9ACXX.IND2.fastq | RAW | Non | READ2 | 33 | |
| BAT_AAKOSW_2_2_C39G9ACXX.IND2_clean.fastq.gz | CLEAN | Oui | READ2 | 33 | 32f6ea384723278ea73c31ab07038005 |
| BAT_AAKOSW_2_1_C39G9ACXX.IND2_clean.fastq.gz | CLEAN | Oui | READ1 | 33 | f1708cb4ec898fb37346fe42cb4a1ae3 |
| BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2_single_clean.fastq.gz | CLEAN | Non | SINGLETON | 33 | 925023c398ded4ceabbe63a9cd976e08 |

NGS-RG Read Quality (vs RAW) Duplicates (vs RAW) Trimming (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) Taxonomy (vs CLEAN) Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN)

| % déposé | % Séquences valides / piste | Nb Séquences valides | Nb Bases | % >= Q30 | Score Qualité moyen |
|----------|-----------------------------|----------------------|----------------|----------|---------------------|
| 96.35 | | 202,710,191 | 40,947,458,582 | 92.91 | 36.29 |

Informations sur les fichiers



INTERFACE READSET – DÉTAILS (3/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de
séquence

→ BCU_LEOSW_6_C6B56ACXX.IND1 Disponible ← Etat (cf. workflow)

| Général | Avancé | Infos échantillon | Infos workflow | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|--|-----------------------------|----------------------|------------------------------------|----------------|-----------------------|-------------------------|-----------------------|---------------------|----------|-------------------------|-----------------------|---------|----------|-----------------------------|--|--|--|--|--|--|--|-------|-------|--|--|--|--|--|--|--|--|--|----------------------|--|----------|--|----------|--|---------------------|--|--|------------|--|----------------|--|-------|--|-------|
| Code d'échantillon | BCU_LE | | % par piste 33.33 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Type d'échantillon | gDNA | | Layout Nominal Length 685 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Catégorie d'échantillon | DNA | | Type processus banque W | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Code support container | C6B56ACXX | | % par piste 33.33 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Code container | C6B56ACXX_6 | | Tag IND1 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Ref. Collaborateur | Og_102 | | Catégorie Tag SINGLE-INDEX | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | Taille associée au taxon 400000000 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| <table border="1"> <thead> <tr> <th>NGS-RG</th> <th>Read Quality (vs RAW)</th> <th>Duplicates (vs RAW)</th> <th>Trimming</th> <th>Contam. PhiX</th> <th>Taxonomy</th> <th>Read Quality (vs CLEAN)</th> <th>Duplicates (vs CLEAN)</th> <th>Merging</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>% déposé</td> <td>% Séquences valides / piste</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>33,33</td> <td>32,88</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> <td>Nb Séquences valides</td> <td></td> <td>Nb Bases</td> <td></td> <td>% >= Q30</td> <td></td> <td>Score Qualité moyen</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> <td>74 471 001</td> <td></td> <td>15 043 142 202</td> <td></td> <td>89,84</td> <td></td> <td>35,13</td> </tr> </tbody> </table> | | | | NGS-RG | Read Quality (vs RAW) | Duplicates (vs RAW) | Trimming | Contam. PhiX | Taxonomy | Read Quality (vs CLEAN) | Duplicates (vs CLEAN) | Merging | % déposé | % Séquences valides / piste | | | | | | | | 33,33 | 32,88 | | | | | | | | | | Nb Séquences valides | | Nb Bases | | % >= Q30 | | Score Qualité moyen | | | 74 471 001 | | 15 043 142 202 | | 89,84 | | 35,13 |
| NGS-RG | Read Quality (vs RAW) | Duplicates (vs RAW) | Trimming | Contam. PhiX | Taxonomy | Read Quality (vs CLEAN) | Duplicates (vs CLEAN) | Merging | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| % déposé | % Séquences valides / piste | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 33,33 | 32,88 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | Nb Séquences valides | | Nb Bases | | % >= Q30 | | Score Qualité moyen | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | 74 471 001 | | 15 043 142 202 | | 89,84 | | 35,13 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

Informations sur
l'échantillon



INTERFACE READSET – DÉTAILS (4/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »



NOM du lot de séquence → BCU_LEOSW_6_C6B56ACXX.IND1 Disponible ← Etat (cf. workflow)

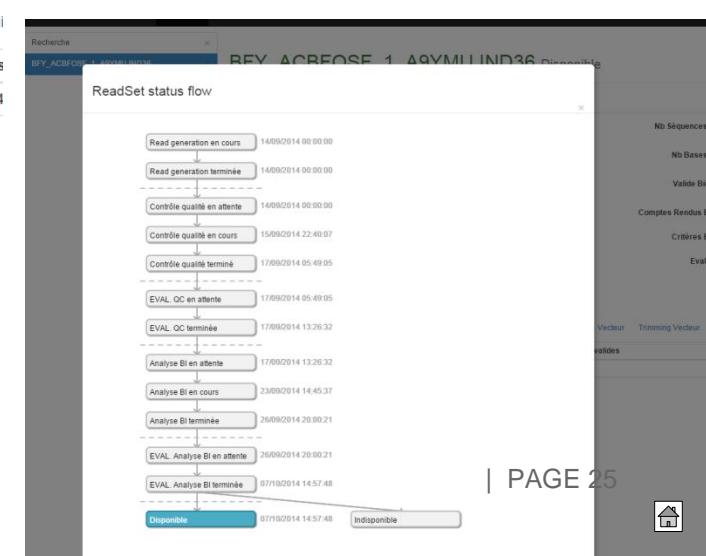
| Général | Avancé | Infos échantillon | Infos workflow |
|-----------------------------|---------------------|-----------------------|----------------|
| Etat | Date | readsets.workflow.who | |
| Nouveau | 30/03/2015 13:58:33 | nsgsg | |
| Read generation en cours | 30/03/2015 13:58:33 | nsgsg | |
| Read generation terminée | 30/03/2015 21:26:10 | nsgsg | |
| Contrôle qualité en attente | 30/03/2015 21:26:10 | nsgsg | |
| Contrôle qualité en cours | 02/04/2015 03:18:28 | nsgsg | |
| Contrôle qualité terminé | 02/04/2015 11:30:40 | nsgsg | |
| EVAL. QC en attente | 02/04/2015 11:30:40 | nsgsg | |
| EVAL. QC terminée | 02/04/2015 13:53:49 | obeluche | |
| Disponible | 02/04/2015 13:53:50 | obeluche | |

| NGS-RG | Read Quality (vs RAW) | Duplicates (vs RAW) | Trimming | Contam. PhiX | Taxonomy | Read Quality (vs CLEAN) | Dupli |
|----------|-----------------------------|---------------------|----------|----------------------|----------|-------------------------|-------|
| % déposé | % Séquences valides / piste | | | Nb Séquences valides | | Nb Bases | |
| 33,33 | 32,88 | | | 74 471 001 | | 15 043 14 | |

- L'onglet [Infos workflow] ci-dessus complète le Readset Status Flow, visualisable en cliquant sur l'état du readset.

BFY_ACBFOSF_1_A9YMU.IND36

| Général | Avancé |
|---------|---------------------------|
| Code | BFY_ACBFOSF_1_A9YMU.IND36 |
| Etat | Disponible |



INTERFACE READSET – DÉTAILS (5/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de
séquence

→ **BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2** Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

| | | | | | |
|-------------------|--|------------------------|--------------------|----------------|------------------------------|
| Code | BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 | Nb Séquences utiles | 200,311,306 | Run / N° Piste | 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2 |
| Etat | Disponible | Nb Bases utiles | 39,920,324,496 | Type de Run | |
| Valide QC ? | Non | Valide BioInfo ? | Oui | Nb Cycles | |
| Comptes Rendus QC | Problème qualité Q30 duplicat > 30 | Comptes Rendus BioInfo | | | |
| Critères QC | Default | Critères BioInfo | Low | | |
| Evalué par | ngsrg (10/03/2014) | Evalué par | ngsrg (10/03/2014) | | |

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements
[READSET]

NGS-RG Read Quality (vs RAW) Duplicates (vs RAW) Trimming (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) Taxonomy (vs CLEAN) Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN)

| % déposé | % Séquences valides / piste | Nb Séquences valides | Nb Bases | % >= Q30 | Score Qualité moyen |
|----------|-----------------------------|----------------------|----------------|----------|---------------------|
| 96.35 | | 202,710,191 | 40,947,458,582 | 92.91 | 36.29 |

Statistiques associées au traitement [READSET]



INTERFACE READSET – DÉTAILS (4/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de
séquence

→ **BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2** Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

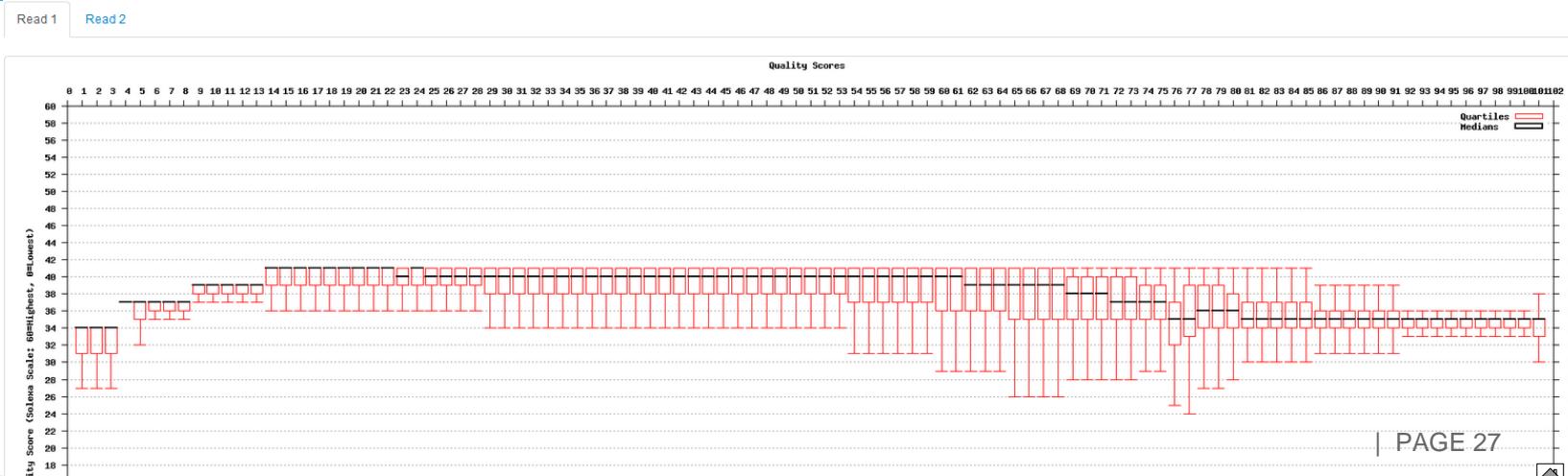
Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

| | | | | | |
|-------------------|--|------------------------|--------------------|----------------|------------------------------|
| Code | BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 | Nb Séquences utiles | 200,311,306 | Run / N° Piste | 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2 |
| Etat | Disponible | Nb Bases utiles | 39,920,324,496 | Type de Run | RHS2000 |
| Valide QC ? | Non | Valide BioInfo ? | Oui | Nb Cycles | 209 |
| Comptes Rendus QC | Problème qualité Q30 duplicat > 30 | Comptes Rendus BioInfo | | | |
| Critères QC | Default | Critères BioInfo | Low | | |
| Évalué par | nsgsr (10/03/2014) | Évalué par | nsgsr (10/03/2014) | | |

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

NGS-RG Read Quality (vs RAW) Duplicates (vs RAW) Trimming (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) Taxonomy (vs CLEAN) Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN)



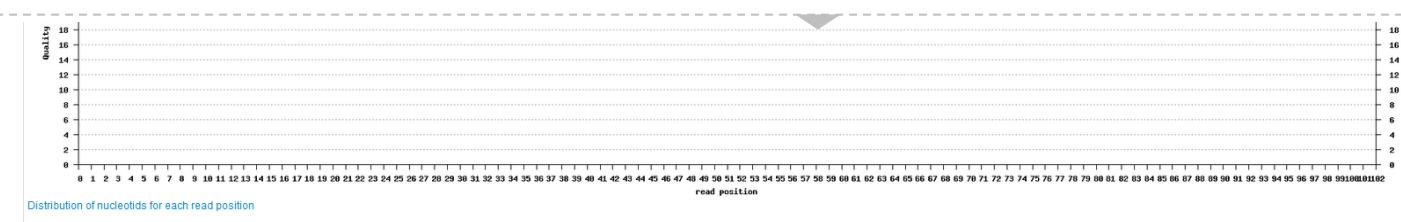
Statistiques associées au traitement [READSET]

INTERFACE READSET – DÉTAILS (5/14)

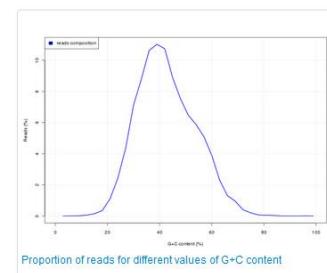
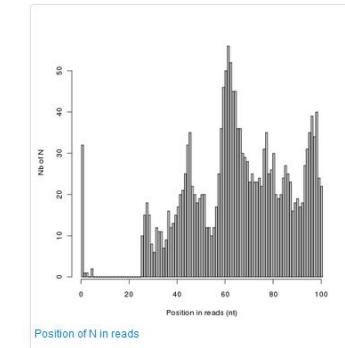
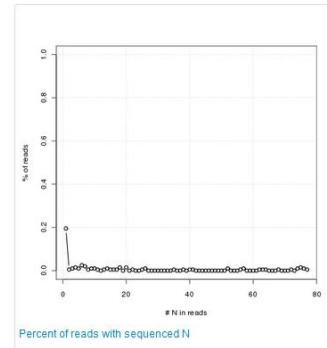
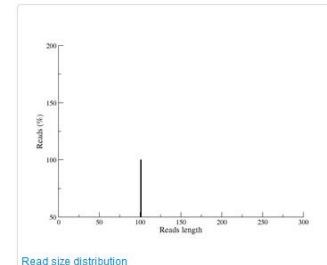
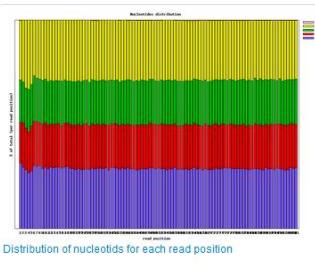
Onglets
traitements
[READSET]

→ NGS-RG Read Quality (vs RAW) Duplicates (vs RAW) Trimming (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) Taxonomy (vs CLEAN) Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN)

Read 1 Read 2



Statistiques associées au traitement [READSET]



INTERFACE READSET – DÉTAILS (6/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de
séquence

→ BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit |

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

| | | | | | |
|-------------------|--|------------------------|--------------------|----------------|------------------------------|
| Code | BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 | Nb Séquences utiles | 200,311,306 | Run / N° Piste | 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2 |
| Etat | Disponible | Nb Bases utiles | 39,920,324,496 | Type de Run | RHS2000 |
| Valide QC ? | Non | Valide BioInfo ? | Oui | Nb Cycles | 209 |
| Comptes Rendus QC | Problème qualité Q30 duplicat > 30 | Comptes Rendus BioInfo | | | |
| Critères QC | Default | Critères BioInfo | Low | | |
| Evalué par | nsgsr (10/03/2014) | Evalué par | nsgsr (10/03/2014) | | |

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

NGS-RG Read Quality (vs RAW) Duplicates (vs RAW) Trimming (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) Taxonomy (vs CLEAN) Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN)

| | Read 1 | Read 2 | Paired |
|-----------------------------------|--|--|--|
| Estimation de lectures dupliquées | 24,629,289 (12.15%) 82.21 % observé 2 fois 8.27 % observé 3 fois 1.46 % observé 4 fois 0.75 % observé 5 fois 0.40 % observé 6 fois 0.31 % observé 7 fois 0.28 % observé 8 fois 0.25 % observé 9 fois 0.20 % observé 10 fois 5.67 % observé 11 fois ou plus | 23,220,453 (11.45%) 83.15 % observé 2 fois 7.85 % observé 3 fois 1.52 % observé 4 fois 0.73 % observé 5 fois 0.40 % observé 6 fois 0.37 % observé 7 fois 0.32 % observé 8 fois 0.22 % observé 9 fois 0.16 % observé 10 fois 5.28 % observé 11 fois ou plus | 5,331,279 (2.63 %) 94.98 % observé 2 fois 4.47 % observé 3 fois 0.28 % observé 4 fois 0.08 % observé 5 fois 0.04 % observé 6 fois 0.04 % observé 7 fois 0.03 % observé 8 fois 0.01 % observé 10 fois 0.09 % observé 11 fois |
| Estimation de lectures uniques | 178,080,902 (87.85%) | 179,489,738 (88.54%) | 197,378,912 (97.37%) |

Statistiques associées au traitement [READSET]



INTERFACE READSET – DÉTAILS (7/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de
séquence

→ BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

| | | | | | |
|-------------------|--|------------------------|--------------------|----------------|------------------------------|
| Code | BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 | Nb Séquences utiles | 200,311,306 | Run / N° Piste | 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2 |
| Etat | Disponible | Nb Bases utiles | 39,920,324,496 | Type de Run | RHS2000 |
| Valide QC ? | Non | Valide BioInfo ? | Oui | Nb Cycles | 209 |
| Comptes Rendus QC | Problème qualité Q30 duplicat > 30 | Comptes Rendus BioInfo | | | |
| Critères QC | Default | Critères BioInfo | Low | | |
| Evalué par | ngsrg (10/03/2014) | Evalué par | ngsrg (10/03/2014) | | |

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements
[READSET]

| | Size range | Reads input | Reads output | Reads trim. | % Reads trim. | Nucleotide trim. | Rejected (short) | Rejected (length 0) |
|--------|------------|-------------|--------------|-------------|---------------|------------------|------------------|---------------------|
| Read 1 | 30-101 | 202,710,191 | 202,341,180 | 15,250,138 | 7.52 % | 252,655,799 | 366,680 | 2,331 |
| Read 2 | 30-101 | 202,710,191 | 200,683,116 | 20,299,742 | 10.01 % | 520,284,778 | 1,451,851 | 575,224 |

| Stored Pairs | Stored Singleton | Rejected Pairs |
|--------------|------------------|----------------|
| 200,335,982 | 2,352,332 | 21,877 |

Statistiques associées au traitement [READSET]



INTERFACE READSET – DÉTAILS (8/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de
séquence

→ BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

| | | | | | |
|-------------------|--|------------------------|--------------------|----------------|------------------------------|
| Code | BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 | Nb Séquences utiles | 200,311,306 | Run / N° Piste | 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2 |
| Etat | Disponible | Nb Bases utiles | 39,920,324,496 | Type de Run | RHS2000 |
| Valide QC ? | Non | Valide BioInfo ? | Oui | Nb Cycles | 209 |
| Comptes Rendus QC | Problème qualité Q30 duplicat > 30 | Comptes Rendus BioInfo | | | |
| Critères QC | Default | Critères BioInfo | Low | | |
| Evalué par | ngsrg (10/03/2014) | Evalué par | ngsrg (10/03/2014) | | |

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements
[READSET]

NGS-RG Read Quality (vs RAW) Duplicates (vs RAW) Trimming (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) Taxonomy (vs CLEAN) Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN)

| | Reads input | Removed reads | Remaining reads | % removed reads |
|-----------------|-------------|---------------|-----------------|-----------------|
| Read 1 + Read 2 | 200,335,982 | 24,676 | 200,311,306 | 0.01 % |
| Single | 2,352,332 | 2,242 | 2,350,090 | 0.10 % |

Statistiques associées au traitement [READSET]



INTERFACE READSET – DÉTAILS (9/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de séquence →

BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

| | | | | | |
|-------------------|--|------------------------|--------------------|----------------|------------------------------|
| Code | BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 | Nb Séquences utiles | 200,311,306 | Run / N° Piste | 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2 |
| Etat | Disponible | Nb Bases utiles | 39,920,324,496 | Type de Run | RHS2000 |
| Valide QC ? | Non | Valide BioInfo ? | Oui | Nb Cycles | 209 |
| Comptes Rendus QC | Problème qualité Q30 duplicat > 30 | Comptes Rendus BioInfo | | | |
| Critères QC | Default | Critères BioInfo | Low | | |
| Evalué par | ngsrg (10/03/2014) | Evalué par | ngsrg (10/03/2014) | | |

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

Statistiques associées au traitement [READSET]

* pas encore disponible pour le CNG

NGS-RG Read Quality (vs RAW) Duplicates (vs RAW) Trimming (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) Taxonomy (vs CLEAN) * Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN)

Bilans Krona Arbre phylogenetique

| Nb Seq. (échantillonage) | Organisme | Taxonomie |
|--------------------------|--------------|---|
| 20,000 | Capra hircus | cellular organisms; Eukaryota; Fungi/Metazoa group; Metazoa; Eumetazoa; Bilateria; Coelomata; Deuterostomia; Chordata; Craniata; Vertebrata; Gnathostomata; Teleostomi; Euteleostomi; Sarcopterygii; Tetrapoda; Amniota; Mammalia; Theria; Eutheria; Laurasiatheria |

Bilan par taxon

| Taxon | Nb Seq. | % |
|-----------------------|---------|---------|
| Unknown::No hits | 12,162 | 60.81 % |
| Bos taurus | 2,014 | 10.07 % |
| Bovidae | 1,755 | 8.77 % |
| Pecora | 1,041 | 5.21 % |
| Unknown::Not assigned | 539 | 2.70 % |
| Homo sapiens | 377 | 1.88 % |
| cellular organisms | 327 | 1.64 % |
| Ovis aries | 245 | 1.23 % |
| Capra hircus | 224 | 1.12 % |
| Bovinae | 196 | 0.98 % |
| Budorcas taxicolor | 115 | 0.57 % |
| Eutheria | 110 | 0.55 % |
| Cetartiodactyla | 105 | 0.53 % |
| Sus scrofa | 93 | 0.46 % |
| Caprinae | 84 | 0.42 % |

Bilan par division

| Division | Nb Seq. | % |
|--------------------|---------|---------|
| Eukaryota | 6,916 | 34.58 % |
| cellular organisms | 327 | 1.64 % |
| Bacteria | 35 | 0.18 % |
| Viruses | 5 | 0.03 % |
| Archaea | 0 | 0.00 % |

Bilan par mot-clé

| Mot-clé | Nb Seq. | % |
|-------------|---------|---------|
| BAC | 2,362 | 11.81 % |
| mitochondri | 16 | 0.08 % |
| virus | 13 | 0.07 % |
| transposase | 2 | 0.01 % |
| chloroplast | 0 | 0.00 % |

+ fungi (V 1.9)



INTERFACE READSET – DÉTAILS (10/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de
séquence →

BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

| | | | | | |
|-------------------|--|------------------------|--------------------|----------------|------------------------------|
| Code | BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 | Nb Séquences utiles | 200,311,306 | Run / N° Piste | 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2 |
| Etat | Disponible | Nb Bases utiles | 39,920,324,496 | Type de Run | RHS2000 |
| Valide QC ? | Non | Valide BioInfo ? | Oui | Nb Cycles | 209 |
| Comptes Rendus QC | Problème qualité Q30 duplicat > 30 | Comptes Rendus BioInfo | | | |
| Critères QC | Default | Critères BioInfo | Low | | |
| Évalué par | ngsrg (10/03/2014) | Évalué par | ngsrg (10/03/2014) | | |

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

Statistiques associées au traitement [READSET]

NGS-RG Read Quality (vs RAW) Duplicates (vs RAW) Trimming (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) **Taxonomy (vs CLEAN)*** Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN)

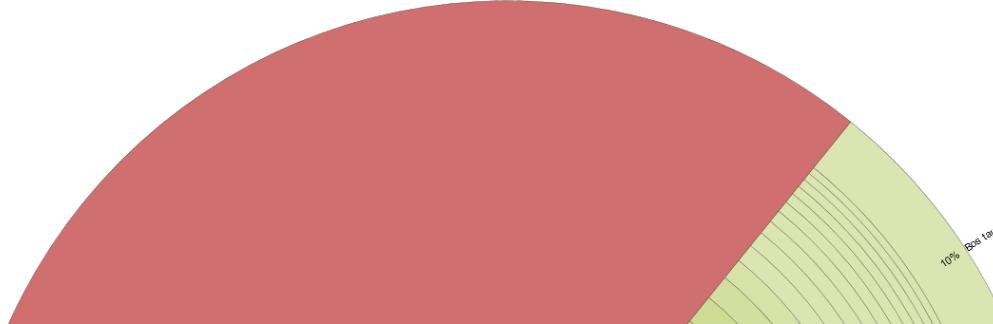
Bilans **Krona** Arbre phylogénétique

Krona Search:

all

Total: 20000

- 32 + Max depth
- 11 + Font size
- + Chart size
 Collapse
 Snapshot
 Link



* pas encore
disponible pour le CNG



INTERFACE READSET – DÉTAILS (11/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de
séquence

→ BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

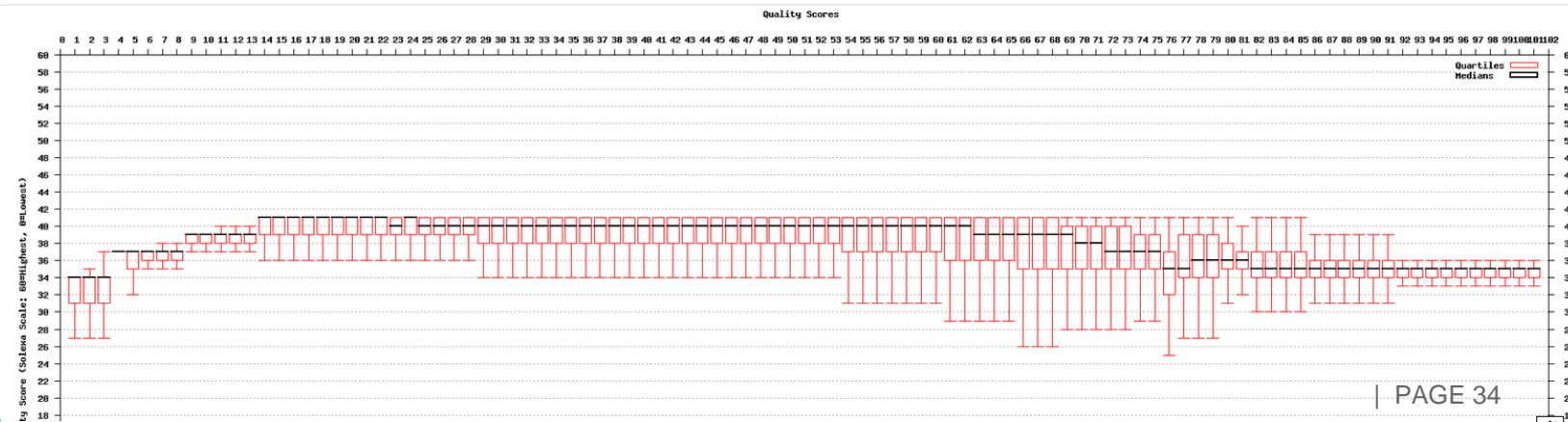
| | | | | | |
|-------------------|--|------------------------|--------------------|----------------|------------------------------|
| Code | BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 | Nb Séquences utiles | 200,311,306 | Run / N° Piste | 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2 |
| Etat | Disponible | Nb Bases utiles | 39,920,324,496 | Type de Run | RHS2000 |
| Valide QC ? | Non | Valide BioInfo ? | Oui | Nb Cycles | 209 |
| Comptes Rendus QC | Problème qualité Q30 duplicat > 30 | Comptes Rendus BioInfo | | | |
| Critères QC | Default | Critères BioInfo | Low | | |
| Évalué par | nsgsr (10/03/2014) | Évalué par | nsgsr (10/03/2014) | | |

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

NGS-RG Read Quality (vs RAW) Duplicates (vs RAW) Trimming (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) Taxonomy (vs CLEAN) Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN)

Read 1 Read 2



Statistiques associées au traitement [READSET]

INTERFACE READSET – DÉTAILS (12/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de
séquence

→ BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

| | | | | | |
|-------------------|--|------------------------|--------------------|----------------|------------------------------|
| Code | BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 | Nb Séquences utiles | 200,311,306 | Run / N° Piste | 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2 |
| Etat | Disponible | Nb Bases utiles | 39,920,324,496 | Type de Run | RHS2000 |
| Valide QC ? | Non | Valide BioInfo ? | Oui | Nb Cycles | 209 |
| Comptes Rendus QC | Problème qualité Q30 duplicat > 30 | Comptes Rendus BioInfo | | | |
| Critères QC | Default | Critères BioInfo | Low | | |
| Evalué par | ngsrg (10/03/2014) | Evalué par | ngsrg (10/03/2014) | | |

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

Statistiques associées au traitement [READSET]

| | Read 1 | Read 2 | Paired |
|-----------------------------------|---|---|---|
| Estimation de lectures dupliquées | 22,675,240 (11.32 %) 83.42 % observé 2 fois 7.78 % observé 3 fois 1.27 % observé 4 fois 0.63 % observé 5 fois 0.40 % observé 6 fois 0.28 % observé 7 fois 0.29 % observé 8 fois 0.26 % observé 9 fois 0.25 % observé 10 fois 5.41 % observé 11 fois ou plus | 21,453,341 (10.71 %) 84.28 % observé 2 fois 7.24 % observé 3 fois 1.52 % observé 4 fois 0.56 % observé 5 fois 0.44 % observé 6 fois 0.38 % observé 7 fois 0.28 % observé 8 fois 0.21 % observé 9 fois 0.14 % observé 10 fois 4.95 % observé 11 fois ou plus | 4,507,005 (2.25 %) 95.64 % observé 2 fois 4.03 % observé 3 fois 0.17 % observé 4 fois 0.05 % observé 5 fois 0.03 % observé 6 fois 0.01 % observé 7 fois 0.01 % observé 8 fois 0.01 % observé 9 fois 0.05 % observé 11 fois |
| Estimation de lectures uniques | 177,636,066 (88.68 %) | 178,857,965 (89.29 %) | 195,804,301 (97.75 %) |



INTERFACE READSET – DÉTAILS (13/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de séquence →

BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

| | | | | | |
|-------------------|--|------------------------|--------------------|----------------|------------------------------|
| Code | BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 | Nb Séquences utiles | 200,311,306 | Run / N° Piste | 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2 |
| Etat | Disponible | Nb Bases utiles | 39,920,324,496 | Type de Run | RHS2000 |
| Valide QC ? | Non | Valide BioInfo ? | Oui | Nb Cycles | 209 |
| Comptes Rendus QC | Problème qualité Q30 duplicat > 30 | Comptes Rendus BioInfo | | | |
| Critères QC | Default | Critères BioInfo | Low | | |
| Évalué par | ngsrg (10/03/2014) | Évalué par | ngsrg (10/03/2014) | | |

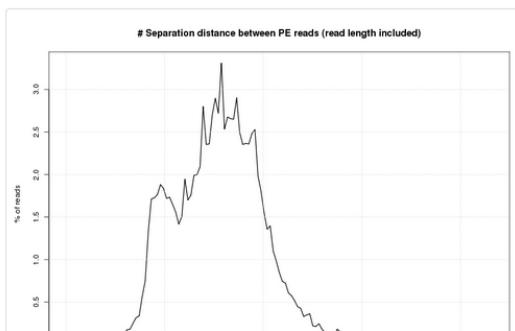
Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

NGS-RG Read Quality (vs RAW) Duplicates (vs RAW) Trimming (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) Taxonomy (vs CLEAN) Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN)

Données Référence

| | Sample input | Non-chimeric aligned reads | FR (PE) aligned reads | RF (MP) aligned reads | FF aligned reads | RR aligned reads | Trans aligned reads | Single aligned reads |
|---------------|--------------|----------------------------|-----------------------|-----------------------|------------------|------------------|---------------------|----------------------|
| Number | 40,000 | 36,426 | 30,938 | 30 | 32 | 24 | 4,044 | 1,358 |
| % total reads | 100 % | 91.10 % | 77.30 % | 0.10 % | 0.10 % | 0.10 % | 10.10 % | 3.40 % |



Statistiques associées au traitement [READSET]



INTERFACE READSET – DÉTAILS (14/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de
séquence

→ **BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2** Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

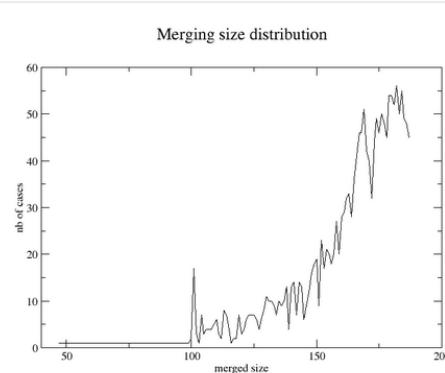
| | | | | | |
|-------------------|--|------------------------|--------------------|----------------|------------------------------|
| Code | BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 | Nb Séquences utiles | 200,311,306 | Run / N° Piste | 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2 |
| Etat | Disponible | Nb Bases utiles | 39,920,324,496 | Type de Run | RHS2000 |
| Valide QC ? | Non | Valide BioInfo ? | Oui | Nb Cycles | 209 |
| Comptes Rendus QC | Problème qualité Q30 duplicat > 30 | Comptes Rendus BioInfo | | | |
| Critères QC | Default | Critères BioInfo | Low | | |
| Evalué par | nsgsr (10/03/2014) | Evalué par | nsgsr (10/03/2014) | | |

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

NGS-RG Read Quality (vs RAW) Duplicates (vs RAW) Trimming (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) Taxonomy (vs CLEAN) Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN) *

| Sample input | Merged reads | Median size (bases) | Average size (bases) | Min size (bases) | Max size (bases) |
|--------------|----------------|---------------------|----------------------|------------------|------------------|
| 20,000 | 1,798 (8.99 %) | 170 | 162 | 47 | 187 |

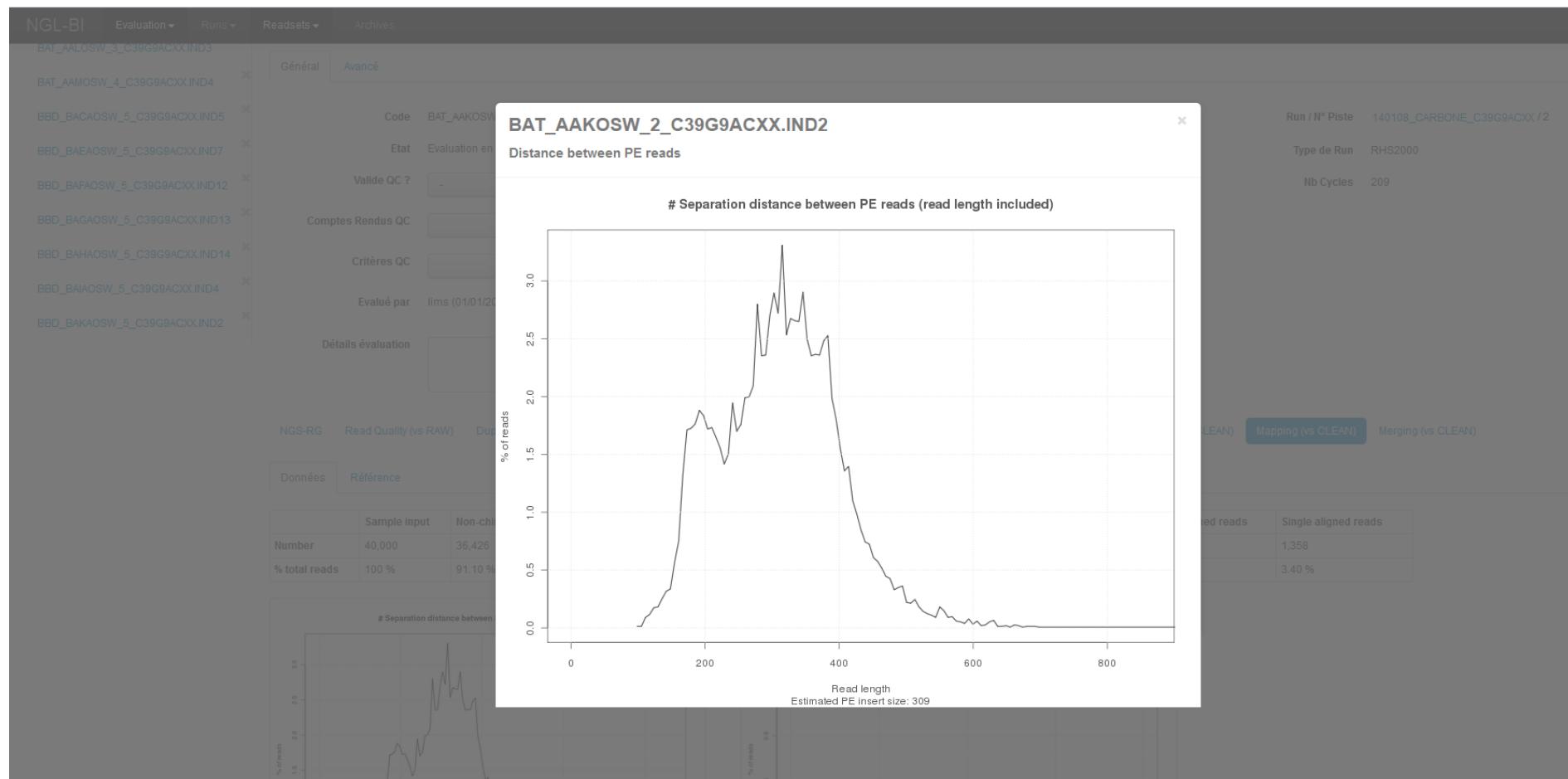


* pas encore
disponible pour le CNG



INTERFACE READSET – ZOOM IMAGES

Cliquer sur une image pour la faire apparaître en plein écran.



EXPORT PDF DES RÉSULTATS QUALITÉ D'UN READSET

Il est possible d'imprimer ou d'exporter en PDF les statistiques et graphiques qualité d'un readset. Pour cela :

- Se rendre sur l'interface d'un readset,
- Cliquer sur « Mode impression » en haut à droite => l'aperçu d'impression s'affiche ;
- Cliquer sur « Impression » puis choisir Destination : imprimante ou « enregistrer au format PDF »

BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4 Analyse BI en cours

Code: BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4 Nb Séquences utiles: 481 265 Run / N° Piste: 140912_MELISSE_A9YMU / 1

Etat: Analyse BI en cours Nb Bases utiles: 269 304 239 Type de Run: RMISEQ

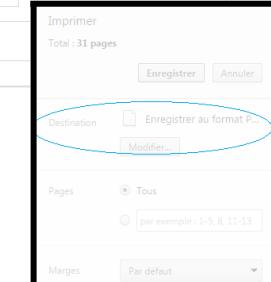
Valide QC ?: Oui Valide BioInfo ?: --- Nb Cycles: 609

BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4 Analyse BI en cours

| | |
|------------------------|-----------------------------|
| Code | BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4 |
| Valide QC ? | Oui |
| Comptes Rendus QC | |
| Critères QC | critères éval. blé PE masse |
| Evalué par | clouesse (17/09/2014) |
| Nb Séquences utiles | 481 265 |
| Nb Bases utiles | 269 304 239 |
| Valide BioInfo ? | --- |
| Comptes Rendus BioInfo | |
| Critères BioInfo | |
| Evalué par | clouesse (17/09/2014) |

Détails évaluation

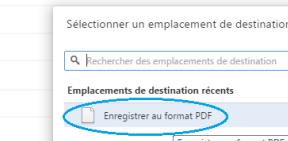
| Nom du fichier | Type de fichier | Utilisable | Label |
|--------------------------------|-----------------|------------|-------|
| BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4.fastq | RAW | Non | READ1 |



31/10/2014

Readsets

BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4



PAGE 39



VISUALISER UN READSET DANS SON WORKFLOW

Cliquer sur l'état du readset pour le visualiser dans son workflow.



Recherche

BFY_ACBFOSF_1_A9YMU.IND36

BFY_ACBFOSF_1_A9YMU.IND36 Disponible

ReadSet status flow

La date s'affiche en face d'un état dès que le readset passe par cet état. La cellule en bleu donne l'état courant du readset.

```

graph TD
    A[Read generation en cours] --> B[Read generation terminée]
    B --> C[Contrôle qualité en attente]
    C --> D[Contrôle qualité en cours]
    D --> E[Contrôle qualité terminé]
    E --> F[EVAL. QC en attente]
    F --> G[EVAL. QC terminée]
    G --> H[Analyse BI en attente]
    H --> I[Analyse BI en cours]
    I --> J[Analyse BI terminée]
    J --> K[EVAL. Analyse BI en attente]
    K --> L[EVAL. Analyse BI terminée]
    L --> M[Disponible]
    M --> N[Indisponible]
  
```

Nb Séquences

Nb Bases

Valide Bio

Comptes Rendus Bio

Critères Bio

Evalu

Vector Vecteur

Trimming Vecteur

valides

| PAGE 40

Visualiser les détails et les traitements d'une analyse



INTERFACE ANALYSE – DÉTAILS

Code couleur : valide, non valide, « - »



NOM de l'analyse → BA_BFY_ACBAOSF_1_A9YMU.IND31 Evaluation terminée ← Etat (cf. workflow)
 (BA_code readset maître)



Permet d'éditer une analyse (renseigner les champs : valide ?, Comptes rendus, critères, détails évaluation, etc.) en dehors du mode « évaluation »

Général Avancé

Code BA_BFY_ACBAOSF_1_A9YMU.IND31

Type BAC pool assembly

Etat Evaluation terminée

Code ReadSets Maîtres

BFY_ACBAOSF_1_A9YMU.IND31

Valid ? Oui

Code ReadSets

BFY_ACBAOSF_1_A9YMU.IND31

BFY_ACBOSN_1_HAJK2ADXX.IND32

Comptes Rendus

Critères éval. critères éval. Analyse blé

Critère utilisés pour l'évaluation ; permet de générer des highlights

Évalué par mangenot (07/10/2014)

Readset qui suit le workflow « avec analyses biologiques »

Readsets qui suivent le workflow « classique »

Commentaire

Lien vers les interfaces des readsets concernés par l'analyse

Traitements → effectués sur l'analyse (tableaux de statistiques, graphiques...)

Merging

Assembly

Contig Filter

Scaffolding

Gap Closing

| Reads input (pairs) | Merged reads | % merged reads | Median size (bases) | Average size (bases) | Min size (bases) | Max size (bases) |
|---------------------|--------------|----------------|---------------------|----------------------|------------------|------------------|
| 604 596 | 411 044 | 67,99 | 533 | 524,00 | 74 | 587 |



Visualiser des readsets ou analyses selon une configuration de tableau spécifique



CONFIGURATION SPÉCIFIQUE

Dans le cadre de certains projets où il peut être nécessaire de visualiser en masse, dans le tableau résultat des readsets, certaines colonnes supplémentaires par rapport à la configuration initiale du tableau, il est possible de visualiser des **configurations spécifiques** (*à partir du moment où elles ont été configurées – après demande utilisateur*).

Le choix de la configuration se fait via le bouton « **Sélect. colonnes config** », à droite des filtres de recherche.

The screenshot shows a search interface with various filters at the top, followed by a table of results. A blue arrow points from the 'Sélect. colonnes config' dropdown in the filters to a specific column header in the table. Another blue arrow points from the 'Taille (10)' dropdown to the '9 Résultat(s)' indicator. The table has two main sections: 'Colonnes <> fixes' and 'Colonnes ajoutées'. The 'Colonnes ajoutées' section includes columns for % Triticum aestivum + triticaceae + triticum, % Removed Reads (E. coli), % Merged reads, Median size of merged reads(bases), Estimation % lectures dupliquées (paires), Valide QC ?, Critères QC, Comptes Rendus QC, Valide BioInfo, Comptes Rendus BioInfo, and lien vers graph Z-score.

| Code | % >= Q30 | Score Qualité moyen | Nb Séquences valides | Nb Séquences utiles | Run | | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | Colonnes ajoutées | | | | | | | |
|--------------------------|----------|---------------------|----------------------|---------------------|----------------------|---|----------|---------|-------------|------------|-------|--|---------------------------|----------------|------------------------------------|---|-----------------------------|-----|---------|
| | | | | | | | | | | | | % Triticum aestivum + triticaceae + triticum | % Removed Reads (E. coli) | % Merged reads | Median size of merged reads(bases) | Estimation % lectures dupliquées (paires) | Valide QC ? | | |
| BGT_AAFOSN_1_A8W3A.IND48 | 91.62 | 35.72 | 5,168,735 | 3,185,399 | 140619_MIMOSA_A8W3A | 1 | BGT | BGT_AAF | 19/06/2014 | Disponible | 74.12 | 5.33 | 0.22 | 158 | 0.26 | Oui | critères éval. blé MP masse | Oui | Z-score |
| BGT_AAFOSN_1_A8W3A.IND47 | 89.49 | 35.15 | 7,592,723 | 4,834,824 | 140619_MIMOSA_A8W3A | 1 | BGT | BGT_AAF | 19/06/2014 | Disponible | 75.31 | 5.38 | 0.34 | 176 | 0.77 | Oui | critères éval. blé MP masse | Oui | Z-score |
| BGT_AAFOSN_1_A8W3A.IND46 | 88.60 | 34.90 | 9,084,678 | 5,916,911 | 140619_MIMOSA_A8W3A | 1 | BGT | BGT_AAF | 19/06/2014 | Disponible | 75.37 | 5.95 | 0.46 | 163 | 2.33 | Oui | critères éval. blé MP masse | Oui | Z-score |
| BGT_BOSZ_1_A7T8H.IND9 | 85.45 | 34.32 | 1,676,714 | 1,667,557 | 140616_MIMOSA_A7T8H | 1 | BGT | BGT_B | 16/06/2014 | Disponible | 65.90 | 0.00 | 3.17 | 172 | 60.11 | Oui | | Oui | Z-score |
| BGT_AOSZ_1_A7T8H.IND5 | 89.90 | 35.52 | 2,303,951 | 2,296,478 | 140616_MIMOSA_A7T8H | 1 | BGT | BGT_A | 16/06/2014 | Disponible | 66.31 | 0.00 | 9.66 | 173 | 67.49 | Oui | | Oui | Z-score |
| BGT_AADOSN_1_A8F1U.IND45 | 93.66 | 36.35 | 4,905,371 | 3,271,194 | 140526_MELISSE_A8F1U | 1 | BGT | BGT_AAD | 26/05/2014 | Disponible | 76.03 | 5.15 | 0.31 | 175 | 0.44 | Oui | | Oui | Z-score |

Attention, les config. sont indépendantes des highlights.

Une « config » est un format de tableau donné (avec des colonnes supplémentaires par rapport au tableau par défaut).

Une « highlight » apparaît à partir du moment où un **critère d'éval. QC** est enregistré. Elle reste visible à tout moment.



Effectuer du reporting sur les readsets



REPORTING READSETS – CHOIX COLONNES

Il existe des *configurations spécifiques* pour visualiser des readsets en masse (cf. pages précédentes).

Ici, l'utilisateur est libre de configurer son tableau résultat avec les colonnes de son choix, parmi celles disponibles dans « Choix colonnes ».

1. Effectuer la recherche de readsets via l'onglet Filtres

2. Personnaliser le tableau résultat via l'onglet « choix colonnes ».

Nouveauté 1.9 : Mode « hybride » : il est possible de cumuler config + ajout de colonnes supplémentaires (dans cet ordre). L'ajout de colonne suivie de la config réinitialise tout et donne uniquement la config.

Filtres
Filtres supplémentaires
Colonnes supplémentaires

% >= Q30
 Score Qualité moyen
 Nb Séquences valides
 Nb Bases
 Nb Séquences utiles
 Nb Bases utiles

Taille matériel (bases)
 % Déposé
 Fraction de run
 % Séquences valides / piste
 % Duplicates R1
 % Duplicates R2

% Duplicates Pairs
 % Reads trim. R1
 % Reads trim. R2
 % Removed Reads (E. coli)
 % Bacteria
 % Eukaryota

% rRNA R1
 % rRNA R2
 % rRNA single
 % Merged reads
 Median size of merged reads (bases)
 FR (PE) aligned reads

Estimated PE insert size
 % RF (MP) aligned reads
 Estimated MP insert size

+

Colonnes « fixes »
Colonnes ajoutées

Code
Run
N° Piste
Projet
Echantillon
Date Run
Etat
Score
% >= Q30
Qualité moyen
% Déposé
Fraction de run
% Duplicates Pairs
% Removed Reads (E. coli)
% Bacteria
% Merged reads
Median size of merged reads (bases)
Valide QC ?
Comptes Rendus QC
Valide Biolinfo ?
Comptes Rendus Biolinfo

| | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|---------------------------|---------------------|---|-----|----------|------------|--------------------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|--------|-----|-----|--|-----|
| BFY_AAFIOSF_1_A6U0C.IND19 | 140523_MIMOSA_A6U0C | 1 | BFY | BFY_AAFI | 23/05/2014 | EVAL. Analyse BI en attente | 83.77 | 33.29 | 3.400 | 0.034 | 0.155 | 6.280 | 1.140 | 67.425 | 530 | Oui | | --- |
| BFY_AADCOSF_1_A6U0C.IND33 | 140523_MIMOSA_A6U0C | 1 | BFY | BFY_AADC | 23/05/2014 | EVAL. Analyse BI en attente | 82.07 | 32.82 | 3.300 | 0.033 | 0.305 | 5.020 | 0.630 | 62.445 | 525 | Oui | | --- |
| BFY_AAGAOSF_1_A6U0C.IND21 | 140523_MIMOSA_A6U0C | 1 | BFY | BFY_AAGA | 23/05/2014 | EVAL. Analyse BI en attente | 84.58 | 33.54 | 3.300 | 0.033 | 0.255 | 5.100 | 0.580 | 82.835 | 500 | Oui | | --- |
| BFY_AAFGOSF_1_A6U0C.IND17 | 140523_MIMOSA_A6U0C | 1 | BFY | BFY_AAFG | 23/05/2014 | EVAL. Analyse BI en attente | 83.55 | 33.22 | 3.400 | 0.034 | 0.140 | 6.060 | 0.980 | 66.490 | 529 | Oui | | --- |
| BFY_AAFKOSF_1_A6U0C.IND20 | 140523_MIMOSA_A6U0C | 1 | BFY | BFY_AAFK | 23/05/2014 | EVAL. Analyse BI en attente | 83.46 | 33.22 | 3.400 | 0.034 | 0.320 | 5.660 | 0.690 | 66.130 | 531 | Oui | | --- |
| BFY_AAGDOSF_1_A6U0C.IND24 | 140523_MIMOSA_A6U0C | 1 | BFY | BFY_AAGD | 23/05/2014 | EVAL. Analyse BI en attente | 83.61 | 33.25 | 3.300 | 0.033 | 0.245 | 5.330 | 0.470 | 80.795 | 501 | Oui | | --- |

<< < 1 2 3 > >>

Taille (10) ▾
118 Résultat(s)

De nouvelles colonnes supplémentaires peuvent avoir été ajoutées après la rédaction de cette documentation.

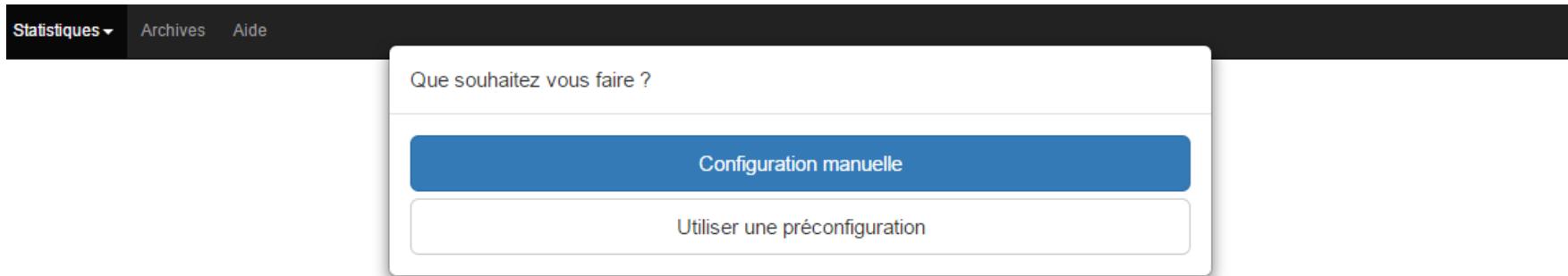
PAGE 46

Générer des représentations graphiques de statistiques sur les readsets



CHOIX D'UNE CONFIGURATION MANUELLE OU D'UNE PRÉ-CONFIGURATION

Aller dans le menu Statistiques > Readsets.



Statistiques > Readsets

CONFIGURATION MANUELLE



RECHERCHER DES READSETS

POUR GÉNÉRER DES PRÉSENTATIONS GRAPHIQUES DE STATISTIQUES

Aller dans le menu Statistiques > Readsets.

➤ Rechercher des readsets

- Dans l'onglet « Filtres », renseigner les filtres pour obtenir les readsets qui nous intéressent.
- Pour enregistrer cette sélection comme celle devant être utilisée pour réaliser les graphiques, cliquez sur le *chariot* (« ajouter la requête dans le panier »).
- Si vous voulez modifier votre sélection, faites une nouvelle recherche et recliquer sur le chariot pour enregistrer cette dernière.

| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | Valide QC ? | Comptes Rendus QC | Valide BioInfo ? | Comptes Rendus BioInfo |
|------------------------------|--------------------------|----------|--------|-------------|------------|------------|-------------|-------------------|------------------|------------------------|
| BCM_CCIOSW_4_C3FG5ACXX.IND39 | 140514_MERCURE_C3FG5ACXX | 4 | BCM | BCM_CCI | 14/05/2014 | Disponible | Oui | | Oui | |
| BCM_CANOSW_4_C3FG5ACXX.IND16 | 140514_MERCURE_C3FG5ACXX | 4 | BCM | BCM_CAN | 14/05/2014 | Disponible | Oui | | Oui | |
| BCM_BSROSW_4_C3FG5ACXX.IND42 | 140514_MERCURE_C3FG5ACXX | 4 | BCM | BCM_BSR | 14/05/2014 | Disponible | Oui | | Oui | |



CONFIGURATION DES STATISTIQUES

➤ Configuration Statistiques

- Une fois la sélection de readsets effectuée, et la requête ajoutée au panier, cliquer sur l'onglet « Configuration statistiques » dans la barre à gauche.
- La requête enregistrée précédemment est rappelée dans un tableau à droite avec le nombre de résultats qu'elle comprend.
- Choisir une propriété et le type de statistique à afficher (*z-score*, *valeur simple*, ...) via les boutons « select. une propriété » et « select. un type ». Cliquer sur le bouton + (ajouter) pour l'ajouter à la liste des représentations graphiques à générer.
- Pour ajouter une nouvelle représentation graphique, renseigner « select. une propriété » et « select. un type » et cliquer sur + .
- Pour supprimer une représentation graphique existante, la sélectionner et cliquer sur supprimer.

The screenshot shows the 'Configuration Statistiques' section of a software interface. At the top, there are two dropdown menus: 'Select. une propriété' and 'Sélect. un type'. Above these are two boxes: 'Propriété (nb séquences utiles, % duplicités, % rRNA, % bactéria, ...)' and 'Type de statistique à calculer (z-score*, valeur simple, ...)'. A blue button '+ Sauvegarder le choix de la représentation graphique et l'ajouter à la liste' is located between them. Below this is a table titled 'Liste des représentations graphiques enregistrées' containing three results:

| Propriété | Type | Paramètres | Nombre de Résultats |
|---------------------|--------------|--|---------------------|
| Nb Séquences utiles | z-score | {"projectCodes":["BCM"], "fromDate":1398722400000} | 26 |
| % Bacteria | z-score | | |
| % Duplicates Pairs | simple-value | | |

A blue dashed box highlights the first row of the table. A red dashed box highlights the second row. A green dashed box highlights the third row. A blue button 'Taille (10) ▾' is at the top right of the table, and a blue button '1 Résultat(s)' is at the bottom right.

* Z-score (variable centrée réduite) : mesure qui permet de connaître la distance d'une valeur à la moyenne en nombre d'écart-type.

$$z = (x - m) / \sigma$$

Avec x : valeur de la propriété d'un échantillon

m : moyenne de la population

σ : l'écart-type de la population = racine carrée de la variance, avec variance = $V(X) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - m)^2$.

Alertes hautes ($z = 2$) et basses ($z = -2$) visualisables sur les graphiques de Z-score.



VISUALISER LES GRAPHIQUES

➤ Visualiser les graphiques

- Cliquer ensuite sur l'onglet « Visualiser les graphiques » dans la barre à gauche.
- Les représentations graphiques apparaissent les unes en dessous des autres, ainsi que le tableau résultat (en haut).

| Tableau résultats | | | | | | | | | | | | | | |
|---------------------------|------------------------------|------------------------|----------|--------|-------------|------------|------------|---------------------|--------------------|------------|-------------|-------------------|-------------------|-------------------------|
| Selectionner des Readsets | Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | Nb Séquences utiles | % Duplicates Pairs | % Bacteria | Valide QC ? | Comptes Rendus QC | Valide Biolinfo ? | Comptes Rendus Biolinfo |
| | BCM_AKKOSW_1_H89E9ADXX.IND20 | 140429_FLUOR_H89E9ADXX | 1 | BCM | BCM_AKK | 29/04/2014 | Disponible | 2,123,847 | 0.420 | 0.070 | Oui | | Oui | |
| | BCM_BFFOSW_1_H89E9ADXX.IND16 | 140429_FLUOR_H89E9ADXX | 1 | BCM | BCM_BFF | 29/04/2014 | Disponible | 2,145,972 | 0.275 | 0.100 | Oui | | Oui | |
| | BCM_APBOSW_1_H89E9ADXX.IND24 | 140429_FLUOR_H89E9ADXX | 1 | BCM | BCM_APB | 29/04/2014 | Disponible | 2,480,531 | 0.350 | 0.040 | Oui | | Oui | |
| | BCM_ALFOSW_1_H89E9ADXX.IND22 | 140429_FLUOR_H89E9ADXX | 1 | BCM | BCM_ALF | 29/04/2014 | Disponible | 2,136,364 | 0.415 | 0.040 | Oui | | Oui | |
| | BCM_ARDOSW_1_H89E9ADXX.IND21 | 140429_FLUOR_H89E9ADXX | 1 | BCM | BCM_ARD | 29/04/2014 | Disponible | 2,007,483 | 0.470 | 0.030 | Oui | | Oui | |

1 2 3 Taille (10) ▾ 26 Résultat(s)

Z-score : Nb Séquences utiles

z-score : % Bacteria

% Duplicates Pairs

| Readsets | % Duplicates Pairs |
|----------|--------------------|
| 1 | 0.5 |
| 2 | 0.3 |
| 3 | 0.4 |
| 4 | 0.6 |
| 5 | 0.5 |
| 6 | 0.3 |
| 7 | 0.4 |
| 8 | 0.5 |
| 9 | 0.3 |
| 10 | 0.2 |
| 11 | 0.3 |
| 12 | 0.4 |
| 13 | 0.2 |
| 14 | 0.3 |
| 15 | 0.2 |
| 16 | 0.3 |
| 17 | 0.2 |
| 18 | 0.3 |
| 19 | 0.2 |
| 20 | 0.3 |
| 21 | 0.2 |
| 22 | 0.3 |
| 23 | 0.2 |
| 24 | 0.3 |
| 25 | 0.2 |
| 26 | 0.3 |
| 27 | 0.2 |
| 28 | 0.3 |
| 29 | 0.2 |
| 30 | 0.3 |
| 31 | 0.2 |
| 32 | 0.3 |
| 33 | 0.2 |
| 34 | 0.3 |
| 35 | 0.2 |
| 36 | 0.3 |
| 37 | 0.2 |
| 38 | 0.3 |
| 39 | 0.2 |
| 40 | 0.3 |
| 41 | 0.2 |
| 42 | 0.3 |
| 43 | 0.2 |
| 44 | 0.3 |
| 45 | 0.2 |
| 46 | 0.3 |
| 47 | 0.2 |
| 48 | 0.3 |
| 49 | 0.2 |
| 50 | 0.3 |
| 51 | 0.2 |
| 52 | 0.3 |
| 53 | 0.2 |
| 54 | 0.3 |
| 55 | 0.2 |
| 56 | 0.3 |
| 57 | 0.2 |
| 58 | 0.3 |
| 59 | 0.2 |
| 60 | 0.3 |
| 61 | 0.2 |
| 62 | 0.3 |
| 63 | 0.2 |
| 64 | 0.3 |
| 65 | 0.2 |
| 66 | 0.3 |
| 67 | 0.2 |
| 68 | 0.3 |
| 69 | 0.2 |
| 70 | 0.3 |
| 71 | 0.2 |
| 72 | 0.3 |
| 73 | 0.2 |
| 74 | 0.3 |
| 75 | 0.2 |
| 76 | 0.3 |
| 77 | 0.2 |
| 78 | 0.3 |
| 79 | 0.2 |
| 80 | 0.3 |
| 81 | 0.2 |
| 82 | 0.3 |
| 83 | 0.2 |
| 84 | 0.3 |
| 85 | 0.2 |
| 86 | 0.3 |
| 87 | 0.2 |
| 88 | 0.3 |
| 89 | 0.2 |
| 90 | 0.3 |
| 91 | 0.2 |
| 92 | 0.3 |
| 93 | 0.2 |
| 94 | 0.3 |
| 95 | 0.2 |
| 96 | 0.3 |
| 97 | 0.2 |
| 98 | 0.3 |
| 99 | 0.2 |
| 100 | 0.3 |
| 101 | 0.2 |
| 102 | 0.3 |
| 103 | 0.2 |
| 104 | 0.3 |
| 105 | 0.2 |
| 106 | 0.3 |
| 107 | 0.2 |
| 108 | 0.3 |
| 109 | 0.2 |
| 110 | 0.3 |
| 111 | 0.2 |
| 112 | 0.3 |
| 113 | 0.2 |
| 114 | 0.3 |
| 115 | 0.2 |
| 116 | 0.3 |
| 117 | 0.2 |
| 118 | 0.3 |
| 119 | 0.2 |
| 120 | 0.3 |
| 121 | 0.2 |
| 122 | 0.3 |
| 123 | 0.2 |
| 124 | 0.3 |
| 125 | 0.2 |
| 126 | 0.3 |
| 127 | 0.2 |
| 128 | 0.3 |
| 129 | 0.2 |
| 130 | 0.3 |
| 131 | 0.2 |
| 132 | 0.3 |
| 133 | 0.2 |
| 134 | 0.3 |
| 135 | 0.2 |
| 136 | 0.3 |
| 137 | 0.2 |
| 138 | 0.3 |
| 139 | 0.2 |
| 140 | 0.3 |
| 141 | 0.2 |
| 142 | 0.3 |
| 143 | 0.2 |
| 144 | 0.3 |
| 145 | 0.2 |
| 146 | 0.3 |
| 147 | 0.2 |
| 148 | 0.3 |
| 149 | 0.2 |
| 150 | 0.3 |
| 151 | 0.2 |
| 152 | 0.3 |
| 153 | 0.2 |
| 154 | 0.3 |
| 155 | 0.2 |
| 156 | 0.3 |
| 157 | 0.2 |
| 158 | 0.3 |
| 159 | 0.2 |
| 160 | 0.3 |
| 161 | 0.2 |
| 162 | 0.3 |
| 163 | 0.2 |
| 164 | 0.3 |
| 165 | 0.2 |
| 166 | 0.3 |
| 167 | 0.2 |
| 168 | 0.3 |
| 169 | 0.2 |
| 170 | 0.3 |
| 171 | 0.2 |
| 172 | 0.3 |
| 173 | 0.2 |
| 174 | 0.3 |
| 175 | 0.2 |
| 176 | 0.3 |
| 177 | 0.2 |
| 178 | 0.3 |
| 179 | 0.2 |
| 180 | 0.3 |
| 181 | 0.2 |
| 182 | 0.3 |
| 183 | 0.2 |
| 184 | 0.3 |
| 185 | 0.2 |
| 186 | 0.3 |
| 187 | 0.2 |
| 188 | 0.3 |
| 189 | 0.2 |
| 190 | 0.3 |
| 191 | 0.2 |
| 192 | 0.3 |
| 193 | 0.2 |
| 194 | 0.3 |
| 195 | 0.2 |
| 196 | 0.3 |
| 197 | 0.2 |
| 198 | 0.3 |
| 199 | 0.2 |
| 200 | 0.3 |
| 201 | 0.2 |
| 202 | 0.3 |
| 203 | 0.2 |
| 204 | 0.3 |
| 205 | 0.2 |
| 206 | 0.3 |
| 207 | 0.2 |
| 208 | 0.3 |
| 209 | 0.2 |
| 210 | 0.3 |
| 211 | 0.2 |
| 212 | 0.3 |
| 213 | 0.2 |
| 214 | 0.3 |
| 215 | 0.2 |
| 216 | 0.3 |
| 217 | 0.2 |
| 218 | 0.3 |
| 219 | 0.2 |
| 220 | 0.3 |
| 221 | 0.2 |
| 222 | 0.3 |
| 223 | 0.2 |
| 224 | 0.3 |
| 225 | 0.2 |
| 226 | 0.3 |
| 227 | 0.2 |
| 228 | 0.3 |
| 229 | 0.2 |
| 230 | 0.3 |
| 231 | 0.2 |
| 232 | 0.3 |
| 233 | 0.2 |
| 234 | 0.3 |
| 235 | 0.2 |
| 236 | 0.3 |
| 237 | 0.2 |
| 238 | 0.3 |
| 239 | 0.2 |
| 240 | 0.3 |
| 241 | 0.2 |
| 242 | 0.3 |
| 243 | 0.2 |
| 244 | 0.3 |
| 245 | 0.2 |
| 246 | 0.3 |
| 247 | 0.2 |
| 248 | 0.3 |
| 249 | 0.2 |
| 250 | 0.3 |
| 251 | 0.2 |
| 252 | 0.3 |
| 253 | 0.2 |
| 254 | 0.3 |
| 255 | 0.2 |
| 256 | 0.3 |
| 257 | 0.2 |
| 258 | 0.3 |
| 259 | 0.2 |
| 260 | 0.3 |
| 261 | 0.2 |
| 262 | 0.3 |
| 263 | 0.2 |
| 264 | 0.3 |
| 265 | 0.2 |
| 266 | 0.3 |
| 267 | 0.2 |
| 268 | 0.3 |
| 269 | 0.2 |
| 270 | 0.3 |
| 271 | 0.2 |
| 272 | 0.3 |
| 273 | 0.2 |
| 274 | 0.3 |
| 275 | 0.2 |
| 276 | 0.3 |
| 277 | 0.2 |
| 278 | 0.3 |
| 279 | 0.2 |
| 280 | 0.3 |
| 281 | 0.2 |
| 282 | 0.3 |
| 283 | 0.2 |
| 284 | 0.3 |
| 285 | 0.2 |
| 286 | 0.3 |
| 287 | 0.2 |
| 288 | 0.3 |
| 289 | 0.2 |
| 290 | 0.3 |
| 291 | 0.2 |
| 292 | 0.3 |
| 293 | 0.2 |
| 294 | 0.3 |
| 295 | 0.2 |
| 296 | 0.3 |
| 297 | 0.2 |
| 298 | 0.3 |
| 299 | 0.2 |
| 300 | 0.3 |
| 301 | 0.2 |
| 302 | 0.3 |
| 303 | 0.2 |
| 304 | 0.3 |
| 305 | 0.2 |
| 306 | 0.3 |
| 307 | 0.2 |
| 308 | 0.3 |
| 309 | 0.2 |
| 310 | 0.3 |
| 311 | 0.2 |
| 312 | 0.3 |
| 313 | 0.2 |
| 314 | 0.3 |
| 315 | 0.2 |
| 316 | 0.3 |
| 317 | 0.2 |
| 318 | 0.3 |
| 319 | 0.2 |
| 320 | 0.3 |
| 321 | 0.2 |
| 322 | 0.3 |
| 323 | 0.2 |
| 324 | 0.3 |
| 325 | 0.2 |
| 326 | 0.3 |
| 327 | 0.2 |
| 328 | 0.3 |
| 329 | 0.2 |
| 330 | 0.3 |
| 331 | 0.2 |
| 332 | 0.3 |
| 333 | 0.2 |
| 334 | 0.3 |
| 335 | 0.2 |
| 336 | 0.3 |
| 337 | 0.2 |
| 338 | 0.3 |
| 339 | 0.2 |
| 340 | 0.3 |
| 341 | 0.2 |
| 342 | 0.3 |
| 343 | 0.2 |
| 344 | 0.3 |
| 345 | 0.2 |
| 346 | 0.3 |
| 347 | 0.2 |
| 348 | 0.3 |
| 349 | 0.2 |
| 350 | 0.3 |
| 351 | 0.2 |
| 352 | 0.3 |
| 353 | 0.2 |
| 354 | 0.3 |
| 355 | 0.2 |
| 356 | 0.3 |
| 357 | 0.2 |
| 358 | 0.3 |
| 359 | 0.2 |
| 360 | 0.3 |
| 361 | 0.2 |
| 362 | 0.3 |
| 363 | 0.2 |
| 364 | 0.3 |
| 365 | 0.2 |
| 366 | 0.3 |
| 367 | 0.2 |
| 368 | 0.3 |
| 369 | 0.2 |
| 370 | 0.3 |
| 371 | 0.2 |
| 372 | 0.3 |
| 373 | 0.2 |
| 374 | 0.3 |
| 375 | 0.2 |
| 376 | 0.3 |
| 377 | 0.2 |
| 378 | 0.3 |
| 379 | 0.2 |
| 380 | 0.3 |
| 381 | 0.2 |
| 382 | 0.3 |
| 383 | 0.2 |
| 384 | 0.3 |
| 385 | 0.2 |
| 386 | 0.3 |
| 387 | 0.2 |
| 388 | 0.3 |
| 389 | 0.2 |
| 390 | 0.3 |
| 391 | 0.2 |
| 392 | 0.3 |
| 393 | 0.2 |
| 394 | 0.3 |
| 395 | 0.2 |
| 396 | 0.3 |
| 397 | 0.2 |
| 398 | 0.3 |
| 399 | 0.2 |
| 400 | 0.3 |
| 401 | 0.2 |
| 402 | 0.3 |
| 403 | 0.2 |
| 404 | 0.3 |
| 405 | 0.2 |
| 406 | 0.3 |
| 407 | 0.2 |
| 408 | 0.3 |
| 409 | 0.2 |
| 410 | 0.3 |
| 411 | 0.2 |
| 412 | 0.3 |
| 413 | 0.2 |
| 414 | 0.3 |
| 415 | 0.2 |
| 416 | 0.3 |
| 417 | 0.2 |
| 418 | 0.3 |
| 419 | 0.2 |
| 420 | 0.3 |
| 421 | 0.2 |
| 422 | 0.3 |
| 423 | 0.2 |
| 424 | 0.3 |
| 425 | 0.2 |
| 426 | 0.3 |
| 427 | 0.2 |
| 428 | 0.3 |
| 429 | 0.2 |
| 430 | 0.3 |
| 431 | 0.2 |
| 432 | 0.3 |
| 433 | 0.2 |
| 434 | 0.3 |
| 435 | 0.2 |
| 436 | 0.3 |
| 437 | 0.2 |
| 438 | 0.3 |
| 439 | 0.2 |
| 440 | 0.3 |
| 441 | 0.2 |
| 442 | 0.3 |
| 443 | 0.2 |
| 444 | 0.3 |
| 445 | 0.2 |
| 446 | 0.3 |
| 447 | 0.2 |
| 448 | 0.3 |
| 449 | 0.2 |
| 450 | 0.3 |
| 451 | 0.2 |
| 452 | 0.3 |
| 453 | 0.2 |
| 454 | 0.3 |
| 455 | 0.2 |
| 456 | 0.3 |
| 457 | 0.2 |
| 458 | 0.3 |
| 459 | 0.2 |
| 460 | 0.3 |
| 461 | 0.2 |
| 462 | 0.3 |
| 463 | 0.2 |
| 464 | 0.3 |
| 465 | 0.2 |
| 466 | 0.3 |
| 467 | 0.2 |
| 468 | 0.3 |
| 469 | 0.2 |
| 470 | 0.3 |
| 471 | 0.2 |
| 472 | 0.3 |
| 473 | 0.2 |
| 474 | 0.3 |
| 475 | 0.2 |
| 476 | 0.3 |
| 477 | 0.2 |
| 478 | 0.3 |
| 479 | 0.2 |
| 480 | 0.3 |
| 481 | 0.2 |
| 482 | 0.3 |
| 483 | 0.2 |
| 484 | 0.3 |
| 485 | 0.2 |
| 486 | 0.3 |
| 487 | 0.2 |
| 488 | 0.3 |
| 489 | 0.2 |
| 490 | 0.3 |
| 491 | 0.2 |
| 492 | 0.3 |
| 493 | 0.2 |
| 494 | 0.3 |
| 495 | 0.2 |
| 496 | 0.3 |
| 497 | 0.2 |
| 498 | 0.3 |
| 499 | 0.2 |
| 500 | 0.3 |

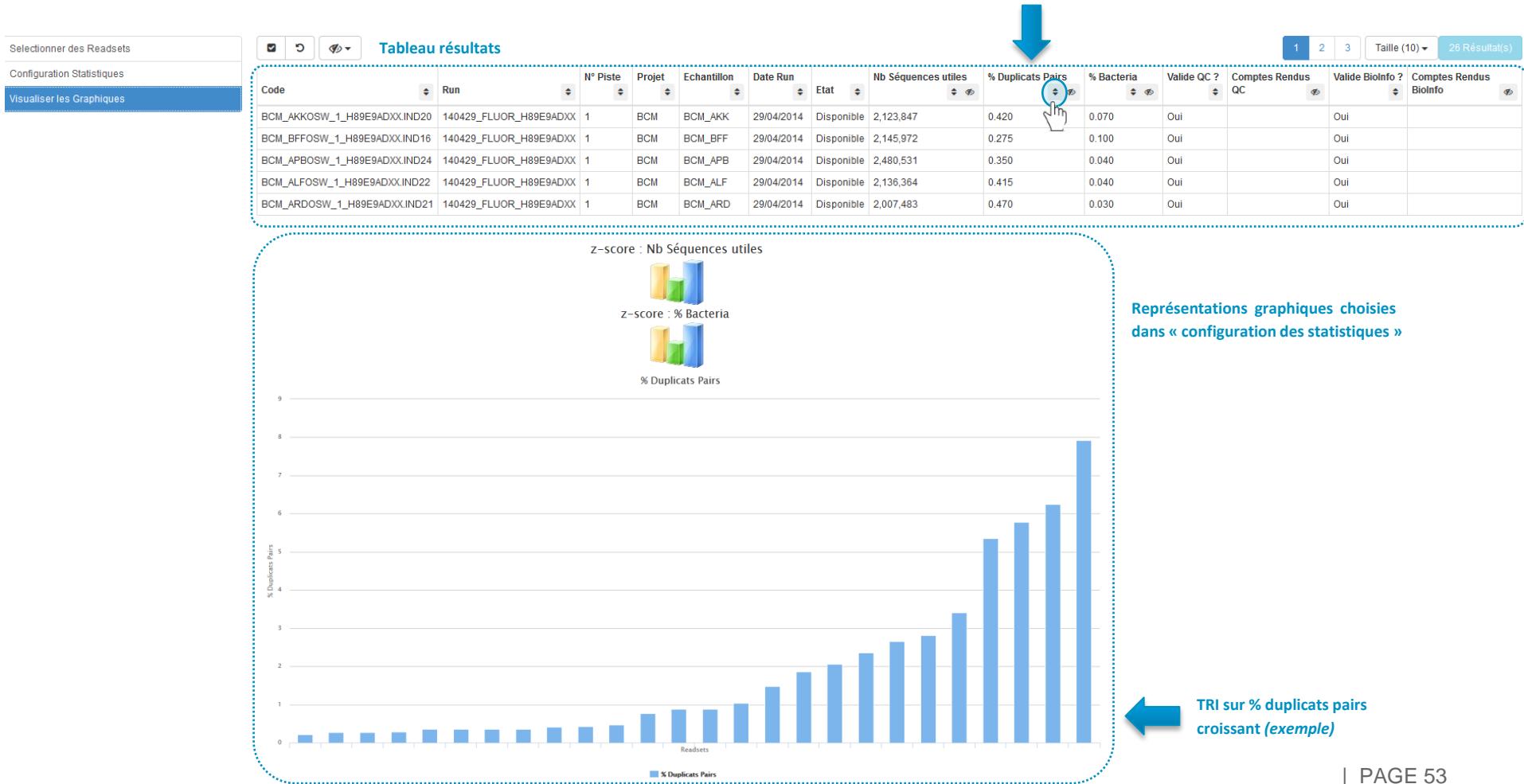
Représentations graphiques choisies dans « configuration des statistiques »

| PAGE 52

TRI SUR LES COLONNES DU TABLEAU ET INTERACTION AVEC LES GRAPHIQUES

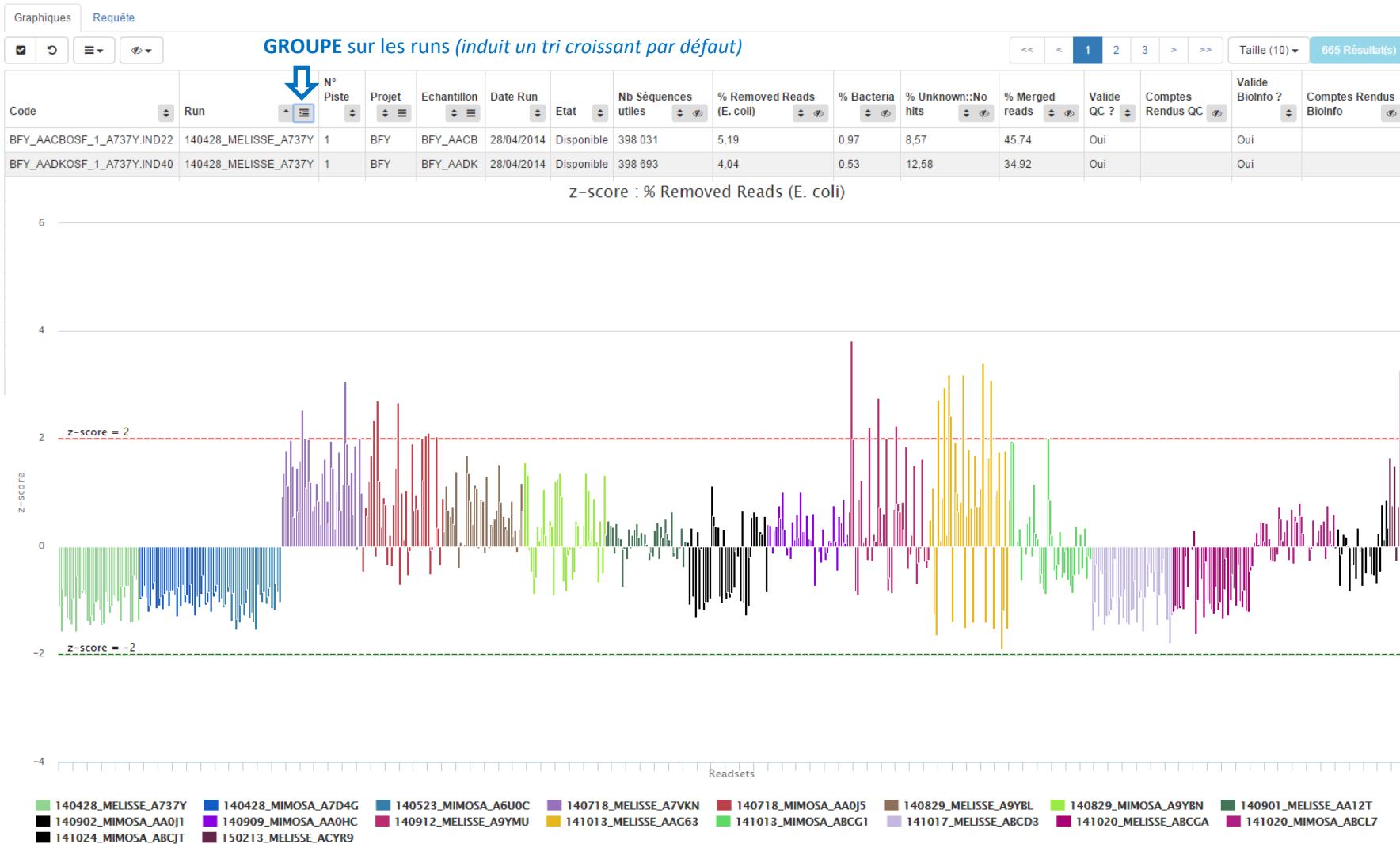
➤ Visualiser les graphiques

- L'abscisse (code readset) peut être triée de différentes façons : utiliser les **tris sur les colonnes** du tableau pour ordonner l'abscisse (code readset) par ordre alphabétique, chronologique, selon la valeur croissante ou décroissante d'une propriété, etc.



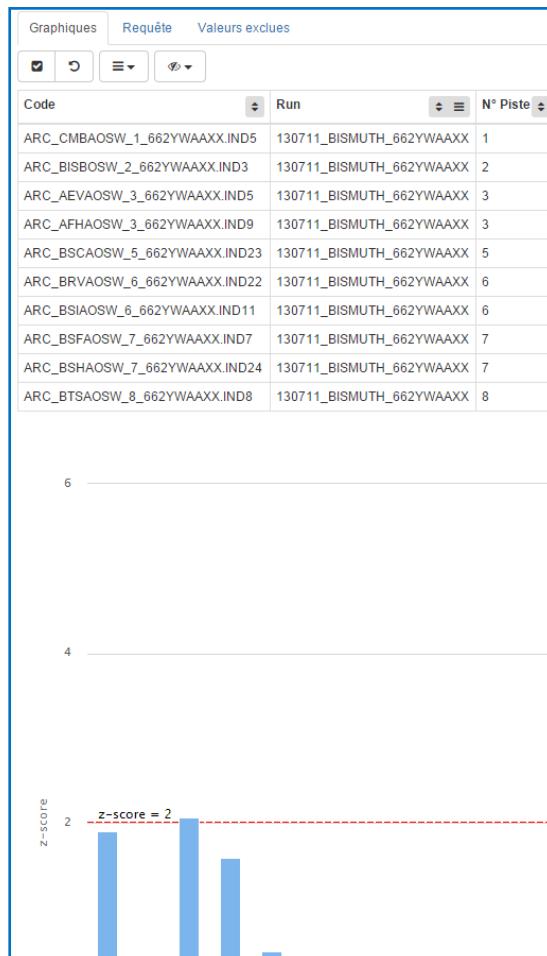
VISUALISER DES SÉRIES EN GROUPANT SUR DES COLONNES DU TABLEAU

- Un **groupe** réalisé sur une colonne du tableau se répercute en **séries** de couleurs différentes sur les graphiques.



VISUALISER LES GRAPHIQUES / REQUÊTE / VALEURS EXCLUES (Z-SCORE)

- L'onglet [Graphiques] permet de visualiser le tableau résultat et les graphiques.
- L'onglet [Requête] rappelle la requête mise dans le panier.
- L'onglet [Valeurs exclues] donne la liste des readsets n'ayant pas été pris pour réaliser le graph représentant le Z-score. Ceux-là n'ont pas la valeur pour la propriété demandée. Le Z-score ne peut donc pas être calculé.



Graphiques Requête Valeurs exclues

excludes :
includes :
projectCodes : ["ARC"]

Graphiques Requête Valeurs exclues

Z-score : % Duplicates Pairs

- ARC_AAAOSE_1_B038CABXX
- ARC_AABOSE_2_B038CABXX
- ARC_AACOSE_3_B038CABXX
- ARC_AADOSE_4_B038CABXX
- ARC_AAEOSE_5_B038CABXX
- ARC_AAFOSE_6_B038CABXX
- ARC_AAGOSE_7_B038CABXX
- ARC_AAHOSE_8_B038CABXX
- ARC_AAIOSE_1_B037CABXX
- ARC_AAKOSE_2_B037CABXX
- ARC_AALOSE_3_B037CABXX
- ARC_AAMOSE_4_B037CABXX
- ARC_AANOSE_5_B037CABXX
- ARC_AAPOSE_6_B037CABXX
- ARC_AAQOSE_7_B037CABXX
- ARC_AAROSE_1_B06A4ABXX
- ARC_AAROSE_7_B06BTABXX
- ARC_AASOSE_2_B06A4ABXX
- ARC_AASOSE_8_B06BTABXX
- ARC_ABAAEOSW_2_D0KDVACXX.IND8
- ARC_ABAAEOSW_6_C19BDACXX.IND8
- ARC_ABBAOSW_8_DOC38ACXX.IND1
- ARC_ABBBOSW_8_DOC38ACXX.IND9
- ARC_ABKBOSW_2_C18DKACXX.IND2
- ARC_ABKBOSW_2_D0KDVACXX.IND2
- ARC_ABLAOSW_2_C1J54ACXX.IND11
- ARC_ABLAOSW_2_D0KDVACXX.IND11
- ARC_ABPAOSW_2_D0KDVACXX.IND5
- ARC_ABPAOSW_7_D1J49ACXX.IND5
- ARC_ABQAOSW_3_D0KDVCACXX.IND4
- ARC_ABQAOSE_5_D1J49ACXX.IND4
- ARC_ABRAOSW_3_D1LP0ACXX.IND1
- ARC_ABRAOSW_4_COBULACXX.IND1
- ARC_ABRAOSW_5_C0C3YACXX.IND1
- ARC_ABSAOSW_1_C36Y1ACXX.IND2
- ARC_ABSAOSW_4_COBULACXX.IND2
- ARC_ABSAOSW_5_C0C3YACXX.IND2



Statistiques > Readsets

PRÉ-CONFIGURATION



SÉLECTIONNER UNE CONFIGURATION ET VISUALISER LES GRAPHIQUES

- Sélectionner une configuration.

Visualiser les Graphiques

Sélect. une configuration.

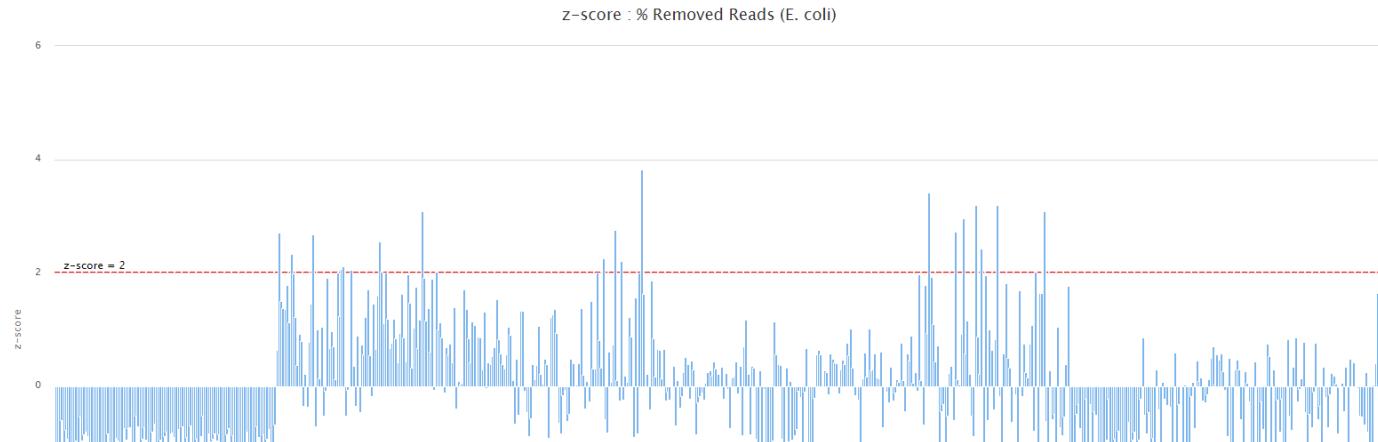
- Configuration BFY Mate-Pair
- Configuration BFY Paired-End
- Configuration BFZ Paired-End
- Configuration BFZ Mate-Pair

- Les représentations graphiques paramétrées* se chargent automatiquement.
- Visualiser le tableau résultat et les graphiques.

Graphiques Requête

<< < 1 2 3 > >> Taille (10) ▾ 665 Résultat(s)

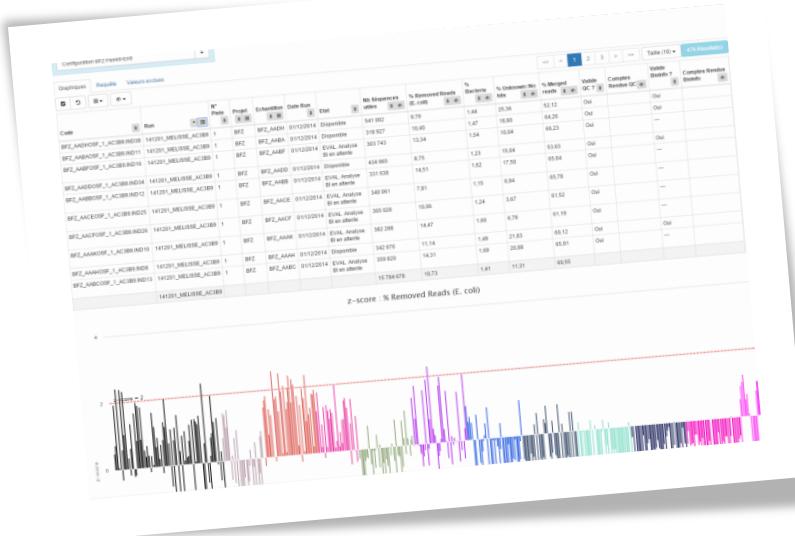
| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | Nb Séquences utiles | % Removed Reads (E. coli) | % Bacteria | % Unknown::No hits | % Merged reads | Validé QC ? | Comptes Rendus QC | Validé BioInfo ? | Comptes Rendus BioInfo |
|---------------------------|----------------------|----------|--------|-------------|------------|----------------------------|---------------------|---------------------------|------------|--------------------|----------------|-------------|-------------------|------------------|------------------------|
| BFY_AAGHOSF_1_A7D4G.IND28 | 140428_MIMOSA_A7D4G | 1 | BFY | BFY_AAGH | 28/04/2014 | EVAL Analyse Bi en attente | 205 334 | 4,93 | 0,75 | 17,39 | 32,97 | Oui | | --- | |
| BFY_AADKOSF_1_A737Y.IND40 | 140428_MELISSE_A737Y | 1 | BFY | BFY_AADK | 28/04/2014 | Disponible | 398 693 | 4,04 | 0,53 | 12,58 | 34,92 | Oui | | Oui | |
| BFY_AABAOSE_1_A737Y.IND11 | 140428_MELISSE_A737Y | 1 | BFY | BFY_AABA | 28/04/2014 | Disponible | 326 472 | 4,59 | 0,63 | 19,25 | 56,67 | Oui | | Oui | |
| BFY_AABEOSF_1_A737Y.IND15 | 140428_MELISSE_A737Y | 1 | BFY | BFY_AABE | 28/04/2014 | Disponible | 214 426 | 6,44 | 1,00 | 13,18 | 61,08 | Oui | | Oui | |
| BFY_AAAAOSF_1_A737Y.IND1 | 140428_MELISSE_A737Y | 1 | BFY | BFY_AAAA | 28/04/2014 | Disponible | 194 515 | 5,03 | 0,80 | 14,36 | 48,84 | Oui | | Oui | |
| BFY_AACCOSE_1_A737Y.IND23 | 140428_MELISSE_A737Y | 1 | BFY | BFY_AACC | 28/04/2014 | Disponible | 473 371 | 6,03 | 0,97 | 11,59 | 46,63 | Oui | | Oui | |
| BFY_AABDOSF_1_A737Y.IND11 | 140428_MELISSE_A737Y | 1 | BFY | BFY_AABD | 28/04/2014 | Disponible | 288 387 | 5,66 | 0,92 | 10,68 | 64,09 | Oui | | Oui | |
| BFY_AADBOSF_1_A737Y.IND32 | 140428_MELISSE_A737Y | 1 | BFY | BFY_AADB | 28/04/2014 | Disponible | 489 031 | 4,66 | 0,57 | 10,30 | 38,92 | Oui | | Oui | |
| BFY_AACKOSF_1_A737Y.IND30 | 140428_MELISSE_A737Y | 1 | BFY | BFY_AACK | 28/04/2014 | Disponible | 498 817 | 4,58 | 0,70 | 13,79 | 48,28 | Oui | | Oui | |
| BFY_AABKOSF_1_A737Y.IND20 | 140428_MELISSE_A737Y | 1 | BFY | BFY_AAKB | 28/04/2014 | Disponible | 385 813 | 4,36 | 0,53 | 15,00 | 62,71 | Oui | | Oui | |



*spec. sur Alfresco :
<https://intra.institut-genomique.fr/share/page/site/ngI/documentlibrary#filter=path%2FSp%C3%A9cification%2FTraitements%2FPr%C3%A9paration%2FConfiguration%20statistiques>

TRIS, GROUPES SUR LE TABLEAU ET INTERACTIONS AVEC LES GRAPHIQUES

- Les **tris** réalisés sur les colonnes du tableau se répercutent sur l'**abscisse** des graphiques.
- Un **groupe** réalisé sur une colonne du tableau se répercute en **séries** de couleurs différentes sur les graphiques.
- Un graphique de Z-score exclue automatiquement les readsets qui n'ont pas de valeur pour la propriété demandée.
- Pour plus d'explications se référer aux pages :
 - o [Tri sur les colonnes du tableau et interaction avec les graphiques](#)
 - o [Visualiser des séries en groupant sur des colonnes du tableau](#)
 - o [Visualiser les graphiques / Requête / valeurs exclues \(Z-score\)](#)



Évaluer un run et générer des highlights via des critères d'évaluation



ÉVALUER UN RUN

Pour aller sur la liste des runs à évaluer (i.e. à « évaluation en attente » ou « évaluation en cours »), aller sur :

- Evaluation > Runs ;
- OU Runs > Evaluation.

The screenshot shows the NGL-BI application interface. At the top, there is a dark header bar with the text "NGL-BI" on the left and four menu items: "Evaluation", "Runs", "Readsets", and "Archives". Below the header is a search bar labeled "Recherche" with dropdown menus for "Runs" and "Readsets". To the right of the search bar are several input fields: "Sélectionnez des échantillons", "Date Run depuis le (jj/mm/aaaa)", "Date Run jusqu'au (jj/mm/aaaa)", and "Sélectionnez une évaluation". A callout box highlights the "Runs" option in the dropdown menu. Below the search bar, a blue-bordered box contains the text: "Donne la liste des Runs ou Readsets à :

- « évaluation en attente »
- et « évaluation en cours »

".

Sélectionnez les runs sur lesquels vous voulez travailler et faire « afficher les détails ».

Le run est alors en mode édition (vous pouvez renseigner les champs : valide ?, Comptes rendus, critères, détails évaluation, etc.)



RUN - ÉVALUATION

Code couleur : Run valide, Run non valide, Run à « - »

NOM du RUN → 121203_HISEQ7_D1DAGACXX Evaluation en cours ← Etat (cf. workflow)

Ne pas oublier de sauvegarder



| | |
|-------------------|--------------------|
| Version RTA | 1.13.48 |
| Version Flowcell | HiSeq Flow Cell v3 |
| Code Instrument | HISEQ7 |
| Type d'Instrument | HISEQ2000 |

Données ngsrg [RUN]

Partie évaluation RUN

* liste des résolutions (triées par catégorie) fournie par les utilisateurs.

Onglets traitements [LANES]

Statistiques associées au traitement [LANES]

Récapitulatif des lots de séquences sur la FC et métriques importantes

Code 121203_HISEQ7_D1DAGACXX Type RHS2000 Nb Cycles 101
 Etat Evaluation en cours Nb Clusters (total) 1,217,697,789 Ligne Contrôle 1 Version RTA 1.13.48
 Valide ? Oui, Non, - % Clusters filt. (moyenne) 93.93 Code Flowcell D1DAGACXX
 Comptes Rendus reso1,reso2 Nb Clusters filt. (total) 1,143,757,649 Position Flowcell A Version Flowcell HiSeq Flow Cell v3
 Non obligatoire Nb Bases (total) 239,045,348,641 Code Instrument HISEQ7
 Critères Non obligatoire Critères d'évaluation utilisés (critère éval. Miseq PE300 par exemple)
 Evalué par ngsrg (20/02/2014) User et Date → Highlights en fonction des critères utilisés
 Détails évaluation Non obligatoire détails éval en commentaire
 Commentaire (saisie libre) pour apporter des détails à l'évaluation

| # | Nb Cycles | Nb Clusters | % Clusters filtrés (illumina) | Nb Cluster filtrés (illumina) | % Séquences filtrées (interne) | Nb Séquences (filtre illumina + interne) | Nb Bases (filtre illumina + interne) | % Perte |
|---|-----------|-------------|-------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|--|--------------------------------------|---------|
| 1 | 101,101 | 189,116,299 | 93.4 | 176,641,897 | 99.26 | 175,327,073 | 35,416,068,746 | 1.9 |
| 2 | 101,101 | 153,970,984 | 93.99 | 144,714,120 | 98.99 | 143,245,849 | 28,935,661,498 | 7 |
| 3 | 101,101 | 147,022,449 | 94.36 | 138,725,497 | 96.36 | 133,673,081 | 27,001,962,362 | 7.07 |
| 4 | 101,101 | 143,428,210 | 94.28 | 135,228,393 | 98.63 | 133,376,759 | 26,942,105,318 | 6.94 |
| 5 | 101,101 | 161,139,741 | 93.65 | 150,911,677 | 98.8 | 149,102,517 | 30,118,708,434 | 6.83 |
| 6 | 101,101 | 172,322,696 | 93.12 | 160,466,218 | 98.95 | 158,786,308 | 32,074,834,216 | 7.41 |
| 7 | 101,101 | 148,274,740 | 94.05 | 139,458,662 | 98.79 | 137,768,267 | 27,829,189,934 | 6.92 |
| 8 | 101,101 | 102,422,670 | 95.3 | 97,611,185 | 97.81 | 95,476,421 | 19,286,237,042 | 16.24 |

Partie évaluation LANES après consultation du (des) onglet(s) traitement(s)

| # | Valide ? | Comptes Rendus | Saisie en masse |
|---|----------|-------------------|------------------|
| 1 | Non | reso1,reso2,reso3 | CR multi valeurs |
| 2 | - | Non obligatoire | |
| 3 | - | | |
| 4 | - | | |
| 5 | - | | |
| 6 | - | | |
| 7 | - | | |
| 8 | - | | |

| ReadSets (10) | |
|--|---|
| Sélectionnez des lanes | |
| <input type="button" value="Voir ReadSets"/> | <input type="button" value="Évaluer ReadSets"/> |
| N° Piste | Code |
| 1 | E421_CB_B00EUIT_1_D1DAGACXX.LND4 |
| 1 | E421_CB_B00EPKR_1_D1DAGACXX.LND2 |
| 1 | E421_CB_B00EUU1_1_D1DAGACXX.LND5 |
| 2 | E410_FA_B00EP3N_2_D1DAGACXX.LND5 |
| 3 | E410_FA_B00FPLS_3_D1DAGACXX.LND5 |



ÉVALUATION RUN : CHOIX DES RÉSOLUTIONS

La liste des résolutions est commune au run et à la lane. Chaque institut (CNS / CNG) a sa propre liste de résolutions.

NGL-BI Evaluation ▾ Runs ▾ Readsets ▾ Archives ngsrg

Runs à Evaluer 140122_CARBONE_C37T3ACXX Evaluation terminée Sauvegarder Annuler

140122_CARBONE_C37T3ACXX

| Code | 140122_CARBONE_C37T3ACXX | Type | RHS2000 | Nb Cycles | 209 | Version RTA | 1.13.48 |
|--------------------|------------------------------|----------------------------|---------------|-------------------|-----------|-------------------|--------------------|
| Etat | Evaluation terminée | Nb Clusters (total) | 1,724,000,233 | Ligne Contrôle | 0 | Version Flowcell | HiSeq Flow Cell v3 |
| Validé ? | Oui | % Clusters filt. (moyenne) | 94.41 | Code Flowcell | C37T3ACXX | Code Instrument | CARBONE |
| Comptes Rendus | rehyb primer R1,densité clu | Nb Clusters filt. (total) | 1,627,640,831 | Position Flowcell | A | Type d'Instrument | HISEQ2000 |
| Critères | Problème machine | 16,933,679 | | | | | |
| | indéterminé | | | | | | |
| | chiller | | | | | | |
| | pelletier | | | | | | |
| | fluidique | | | | | | |
| | laser | | | | | | |
| | camera | | | | | | |
| | lentille | | | | | | |
| | pb de vide | | | | | | |
| | PE module | | | | | | |
| | cBot | | | | | | |
| Evalué par | Problème réactifs | Résolutions | | | | | |
| | indéterminé | | | | | | |
| | flowcell | | | | | | |
| | cBot | | | | | | |
| | séquençage | | | | | | |
| | indexing | | | | | | |
| | PE module | | | | | | |
| Détails évaluation | rehyb primer R1 | | | | | | |
| | rehyb primer R2 | | | | | | |
| | erreur réactifs | | | | | | |
| | rajout réactifs | | | | | | |
| NGS-RG | Problème qualité : SAV | | | | | | |
| | intensité | | | | | | |
| | densité clusters trop élevée | | | | | | |
| | densité clusters trop faible | | | | | | |
| | densité clusters nulle | | | | | | |
| | %PF | | | | | | |

Pistes

| # | Valide ? | Comptes Rendus |
|---|----------|-------------------------------|
| 1 | Non | fluidique |
| 2 | Oui | |
| 3 | Oui | |
| 4 | Non | densité clusters trop élevée |
| 5 | Oui | |
| 6 | Oui | |
| 7 | Non | phasing,prephasing,error rate |
| 8 | Oui | |

Readsets (44)



ÉVALUATION LANES : CHOIX DES RÉSOLUTIONS

La liste des résolutions est commune au run et à la lane. Chaque institut (CNS / CNG) a sa propre liste de résolutions.

NGL-BI Evaluation ▾ Runs ▾ Readsets ▾ Archives ngsrg

Runs à Évaluer **140122_CARBONE_C37T3ACXX** Evaluation terminée Sauvegarder Annuler

Code : 140122_CARBONE_C37T3ACXX Type : RHS2000 Nb Cycles : 209 Version RTA : 1.13.48
 Etat : Evaluation terminée Nb Clusters (total) : 1,724,000,233 Ligne Contrôle : 0 Version Flowcell : HiSeq Flow Cell v3
 Valide ? : Oui % Clusters filt. (moyenne) : 94.41 Code Flowcell : C37T3ACXX Code Instrument : CARBONE
 Comptes Rendus : rehb primer R1,densité du... Nb Clusters filt. (total) : 1,627,640,831 Position Flowcell : A Type d'Instrument : HISEQ2000
 Critères : Nb Bases (total) : 340,176,933,679
 Évalué par : ngsrg (25/02/2014)
 Détails évaluation : ...

| # | Nb Cycles | Nb Clusters | % Clusters filtrés (illumina) | Nb Cluster filtrés (illumina) | % Séquences filtrées (interne) | Nb Séquences (filtre illumina + interne) | Nb Bases (filtre illumina + interne) | % Perte |
|---|-----------|-------------|-------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|--|--------------------------------------|---------|
| 1 | 101,101 | 216,662,095 | 94.48 | 204,693,737 | 98.9 | 202,445,350 | 40,893,960,700 | 2.05 |
| 2 | 101,101 | 245,577,871 | 93.03 | 228,450,902 | 99.07 | 226,328,328 | 45,718,322,256 | 2.15 |
| 3 | 101,101 | 263,532,461 | 91.73 | 241,729,139 | 99.25 | 239,924,225 | 48,464,693,450 | 3.87 |
| 4 | 101,101 | 212,944,243 | 94.82 | 201,908,831 | 98.95 | 199,785,721 | 40,356,715,642 | |
| 5 | 101,101 | 198,563,806 | 95.53 | 189,685,352 | 98.9 | 187,608,186 | 37,896,853,572 | 2.15 |
| 6 | 101,101 | 197,800,888 | 95.6 | 189,099,113 | 98.91 | 187,033,175 | 37,780,701,350 | 2.3 |
| 7 | 101,101 | 196,424,310 | 95.7 | 187,972,367 | 98.81 | 185,732,728 | 37,518,011,056 | 1.83 |
| 8 | 101,101 | 192,494,459 | 95.64 | 184,101,390 | 98.87 | 182,021,066 | 36,768,255,332 | 1.76 |

Catégorie de résolutions →
 1. fluidique → Problème machine
 2. indéterminé → indéterminé
 3. chiller → chiller
 4. pelletier → pelletier
 5. laser → laser
 6. camera → camera
 7. lentille → lentille
 8. pb de vidé → pb de vidé
 9. PE module → PE module
 10. cBot → cBot
 11. Problème réactifs → Problème réactifs
 12. indéterminé → indéterminé

Résolutions

NB : Lors du passage d'un run de «évaluation en attente (ou en cours)» à «évaluation terminée», toute lane mise à valid=NON impliquera le fait que tous les readsets à valid.QC=<-> de cette lane seront mis à valid.QC=NON avec le Compte-Rendu : lane abandonnée.



RUN > HIGHLIGHT ET CRITÈRES D'ÉVALUATION

Des **highlights** (mise en couleur de la cellule contenant la donnée à tester) peuvent être mises en place si l'on connaît les métriques à tester et les valeurs seuils à leur associer. L'ensemble de ces informations constituent un [critère d'évaluation](#).

Exemple [CNS] : évaluation de run de type MISEQ – critère « RMISEQ 2x301 ». Les highlights n'apparaissent que si un critère d'évaluation est sélectionné.

140523_MIMOSA_A6U0C Evaluation en attente

Sauvegarder Annuler

| | | | | | | | |
|--------------------|--|----------------------------|----------------|--|-------|-------------------|----------|
| Code | 140523_MIMOSA_A6U0C | Type | RMISEQ | Nb Cycles | 609 | Version RTA | 1.18.42 |
| Etat | Evaluation en attente | Nb Clusters (total) | 20,553,440 | Ligne Contrôle | 0 | Version Flowcell | inconnue |
| Validé ? | <input type="text"/> | % Clusters filt. (moyenne) | 94.86 | Code Flowcell | A6U0C | Code Instrument | MIMOSA |
| Comptes Rendus | <input type="text"/> | Nb Clusters filt. (total) | 19,497,460 | Position Flowcell | - | Type d'Instrument | MISEQ |
| Critères | RMISEQ 2x301 | Nb Bases (total) | 11,854,455,680 | A conserver ? <input type="checkbox"/> | | | |
| Evalué par | jguy (11/06/2014) | | | | | | |
| Détails évaluation | depot 8pM nbre de bases un peu faible | | | | | | |

Métriques à tester

NGS-RG

| # | Nb Cycles | Nb Clusters | % Clusters filtrés (illumina) | Nb Cluster filtrés (illumina) | % Séquences filtrées (interne) | Nb Séquences (filtre illumina + interne) | Nb Bases (filtre illumina + interne) | % Perte |
|---|-----------|-------------|-------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|--|--------------------------------------|---------|
| 1 | 301,301 | 20,553,440 | 94.86 | 19,497,460 | 99.51 | 19,401,366 | 11,679,622,332 | 1.67 |

Pistes

| # | Validé ? | Comptes Rendus |
|---|----------|----------------|
| 1 | - | |

Readsets (30)

Sélect. des lanes

Voir Readsets Evaluer Readsets

| N° Piste | Code | Etat | % déposé | % Séquences valides / piste | Nb Séquences valides | Nb Bases | % >= Q30 | Score Qualité moyen | Valide QC ? | Valide BiolInfo ? |
|----------|---------------------------|-----------------------------|----------|-----------------------------|----------------------|-------------|----------|---------------------|-------------|-------------------|
| 1 | BFY_AAHFOSF_1_A6U0C.IND18 | EVAL, Analyse BI en attente | 3.40 | 3.32 | 643,585 | 387,438,170 | 82.01 | 32.76 | Oui | --- |
| 1 | BFY_AAGHOSF_1_A6U0C.IND28 | EVAL, Analyse BI en attente | 3.30 | 1.80 | 348,375 | 209,721,750 | 83.76 | 33.27 | Oui | --- |
| 1 | BFY_AAGEOSF_1_A6U0C.IND25 | EVAL, Analyse BI en attente | 3.30 | 3.45 | 668,756 | 402,591,112 | 84.47 | 33.50 | Oui | --- |
| 1 | BFY_AADBOSF_1_A6U0C.IND32 | EVAL, Analyse BI en attente | 3.30 | 5.40 | 1,047,739 | 630,738,878 | 82.87 | 33.05 | Oui | --- |
| 1 | BFY_AAFAOSF_1_A6U0C.IND11 | EVAL, Analyse BI en attente | 3.40 | 2.93 | 568,223 | 342,070,246 | 81.56 | 32.66 | Oui | --- |
| 1 | BFY_AADAOSF_1_A6U0C.IND31 | EVAL, Analyse BI en attente | 3.30 | 5.33 | 1,033,591 | 622,221,782 | 82.81 | 33.04 | Oui | --- |
| 1 | BFY_AAGGCSE_1_A6U0C.IND27 | EVAL, Analyse BI en attente | 3.30 | 2.78 | 539,902 | 325,021,004 | 84.95 | 33.66 | Oui | |

PAGE 64



Évaluer un (des) readset(s) (possible en masse) et générer des highlights via des critères d'évaluation



ÉVALUER UN READSET

Pour aller sur la liste des readsets à évaluer (i.e. à « évaluation en attente » ou « évaluation en cours »), aller sur :

- Evaluation > Readsets ;
- OU Readsets > Evaluation.

Donne la liste des Runs ou Readsets à :

- « évaluation en attente »
- et « évaluation en cours »

Sélectionnez les readsets sur lesquels vous voulez travailler et faire « afficher les détails ».

NB : vous pouvez afficher en parallèle la page correspondant au run afin de visualiser ses métriques.

| # | Nb Cycles | Nb Clusters | % Clusters Minima (Runmax) | Nb Cluster Minima (Runmax) | % Séquences Minima (Intern) | Nb Séquences (Minima Runmax + Intern) | Nb Bases (Minima Runmax + Intern) | % Perdu | # | Value ? | Complex Rendu |
|---|-----------|-------------|----------------------------|----------------------------|-----------------------------|---------------------------------------|-----------------------------------|---------|---|---------|---------------|
| 1 | 101.101 | 230.403.100 | 91.95 | 211.017.343 | 99.26 | 210.436.895 | 43.500.070.090 | 3.01 | 1 | Oui | |
| 2 | 101.101 | 229.710.349 | 92.54 | 212.110.407 | 99.19 | 210.391.797 | 42.490.142.994 | 3.95 | 2 | Oui | |
| 3 | 101.101 | 219.083.175 | 91.27 | 209.037.304 | 99.20 | 227.326.054 | 45.921.680.808 | 2.41 | 3 | Oui | |
| 4 | 101.101 | 230.422.005 | 92.24 | 217.145.404 | 99.22 | 216.450.494 | 43.520.099.788 | 2.32 | 4 | Oui | |
| 5 | 101.101 | 220.600.071 | 92.1 | 203.147.225 | 99.19 | 201.502.699 | 40.703.545.190 | 1.54 | 5 | Oui | |
| 6 | 101.101 | 230.383.340 | 91.64 | 216.449.629 | 99.34 | 217.002.284 | 43.834.491.368 | 1.92 | 6 | Oui | |
| 7 | 101.101 | 200.887.194 | 94.16 | 189.256.512 | 99.21 | 187.754.307 | 37.929.309.414 | 1.43 | 7 | Oui | |
| 8 | 101.101 | 241.993.005 | 91.5 | 221.418.632 | 99.26 | 219.973.823 | 44.434.712.240 | 1.98 | 8 | Oui | |



READSET – ÉVALUATION

NOM du lot de séquence →

Code couleur : valide, non valide, « - »

BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Evaluation en attente ← Etat (cf. workflow)

Ne pas oublier de sauvegarder



Partie évaluation readset

| | |
|---------------------------------------|--|
| Général | Avancé |
| Code | BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 |
| Etat | Contrôle qualité en attente |
| Valide QC ? | - Valide QC ? |
| Comptes Rendus QC Non obligatoire | CR multi valeurs |
| Critères QC Non obligatoire | Critères d'évaluation utilisés |
| Évalué par | lims (01/01/2000) User et Date |
| Détails évaluation Non obligatoire | Commentaire (saisie libre) pour apporter des détails à l'évaluation |

| | | |
|---|-----------------------------------|---|
| Nb Séquences utiles | 200,311,306 | Se met automatiquement à oui ou non quand la validation QC (oui ou non) est enregistrée. On peut ensuite y revenir pour changer la validation bioinfo uniquement. |
| Nb Bases utiles | 39,920,324,496 | |
| Valide BiolInfo ? | - Notion de valide bioinfo | |
| Comptes Rendus BioInfo Non obligatoire | | |

Run / N° Piste 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2
Type de Run RHS2000
Nb Cycles 209

Stat. globales

Raccourci pour aller sur le RUN

Onglets traitements [READSET]

| NGS-RG | Read Quality (vs RAW) | Duplicates (vs RAW) | Trimming (vs RAW) | Contam. PhiX (vs TRIM) | Taxonomy (vs CLEAN) | Read Quality (vs CLEAN) | Duplicates (vs CLEAN) | Mapping (vs CLEAN) | Merging (vs CLEAN) |
|--------------------------------------|-------------------------------------|----------------------------|-------------------|------------------------------|---------------------|-------------------------|-----------------------|--------------------|--------------------|
| % Séquences valides / piste 96.35 | Nb Séquences valides 202,710,191 | Nb Bases 40,947,458,582 | % >= Q30 92.91 | Score Qualité moyen 36.29 | | | | | |

Statistiques associées au traitement [READSET]



ÉVALUATION READSET : CHOIX DES RÉSOLUTIONS

La liste des résolutions est propre aux readsets et différente de celle des runs-lanes. Chaque institut (CNS / CNG) a sa propre liste de résolutions.

BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible

Sauvegarder Annuler

Général Avancé

| | | | | | | | |
|--------------------|--|---|-----------------------|------------------|------------------------------|---------------------|----------------------|
| Code | BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 | Nb Séquences utiles | 200,311,306 | Run / N° Piste | 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2 | | |
| Etat | Disponible | Nb Bases utiles | 39,920,324,496 | Type de Run | | | |
| Valide QC ? | Non | Valide BioInfo ? | Oui | Nb Cycles | | | |
| Comptes Rendus QC | Q30,duplicit > 30 | Comptes Rendus BioInfo | | | | | |
| Critères QC | Problème run lane abandonnée | Critères BioInfo | Low | | | | |
| Evalué par | | Evalué par | ngsrg (10/03/2014) | | | | |
| Détails évaluation | Problème quantité seq valides insuf seq utiles insuf | | | | | | |
| NGS-RG | Read Quality (vs I) | Mapping (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) Taxonomy (vs CLEAN) Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN) | | | | | |
| Données | Référence | | | | | | |
| Number | Sample input | FR (PE) aligned reads | RF (MP) aligned reads | FF aligned reads | RR aligned reads | Trans aligned reads | Single aligned reads |
| % total reads | | 30,938 | 30 | 32 | 24 | 4,044 | 1,358 |
| | | 77.30 % | 0.10 % | 0.10 % | 0.10 % | 10.10 % | 3.40 % |

← Catégorie de résolutions

Résolutions

Separation distance between MP reads (read length included)

Figure showing the distribution of separation distances between MP reads (including read length). The Y-axis is labeled "% of reads" and ranges from 0.0 to 1.0. The X-axis is labeled "# Separation" and ranges from 0 to 30. The plot shows a sharp peak at a separation of 1, followed by a gradual decline.



ÉVALUATION DES READSETS EN MASSE

Pour valider ou invalider des readsets en masse :

- Si les lots de séquences sont à « évaluation en attente » ou « évaluation en cours » (workflow normal) :
 - Aller sur Readsets > Evaluation ou Evaluation > Readsets. Filtrer les readsets au moyen des filtres de recherche et cliquer sur « Tout sélectionner ».
 - Cliquez sur « Editer » en haut à gauche du tableau ou dans l'en-tête Valide QC ? et choisir la validation à appliquer à tous les readsets sélectionnés.
 - Ne pas oublier de sauvegarder (en haut à gauche du tableau).
- Si les lots de séquences sont dans un état différent :
 - Bloqués à « contrôle qualité en attente/en cours » car le changement automatique ne s'est pas fait : les basculer à « contrôle qualité terminé » ou « évaluation en attente »;
 - Si les lots de séquences appartiennent tous au même run, il est possible de passer par l'interface du run, de faire éditer et « évaluer les readsets » (en sélectionnant ou non au préalable certaines lanes) (exemple : quelques lanes ont été abandonnées et je souhaite directement invalider les readsets qui s'y trouvent).

The screenshot shows the NGL-BI software interface with a toolbar at the top and a search/filter bar. Below is a table of readsets with columns for Code, Run, N° Piste, Projet, Echantillon, Date Run, Etat, Valide QC ?, and Valide BioInfo ?. A context menu is open over the 'Valide QC ?' column for the first row, with 'Non' highlighted. The table contains 10 results.

| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | Valide QC ? | Valide BioInfo ? |
|----------------------------------|-------------------------|----------|-------------|-------------|------------|------------|---|------------------------------|
| E421_CB_B00EUIT_1_D1DAGACXX.IND4 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 1 | EPIG421_421 | B00EUIT | 03/12/2012 | Disponible | <input checked="" type="checkbox"/> Oui | <input type="checkbox"/> Non |
| E421_CB_B00EPPR_1_D1DAGACXX.IND2 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 1 | EPIG421_421 | B00EPPR | 03/12/2012 | Disponible | <input checked="" type="checkbox"/> Oui | <input type="checkbox"/> Non |
| E410_FA_B00FPM4_5_D1DAGACXX.IND5 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 5 | EPIG410_410 | B00FPM4 | 03/12/2012 | Disponible | <input checked="" type="checkbox"/> Oui | <input type="checkbox"/> Non |
| E421_CB_B00EUJ1_1_D1DAGACXX.IND5 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 1 | EPIG421_421 | B00EUJ1 | 03/12/2012 | Disponible | <input checked="" type="checkbox"/> Oui | <input type="checkbox"/> Non |
| E410_FA_B00FPM3_4_D1DAGACXX.IND5 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 4 | EPIG410_410 | B00FPM3 | 03/12/2012 | Disponible | <input checked="" type="checkbox"/> Oui | <input type="checkbox"/> Non |
| E410_FA_B00FPMF_8_D1DAGACXX.IND6 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 8 | EPIG410_410 | B00FPMF | 03/12/2012 | Disponible | <input checked="" type="checkbox"/> Oui | <input type="checkbox"/> Non |
| E410_FA_B00FPM5_6_D1DAGACXX.IND5 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 6 | EPIG410_410 | B00FPM5 | 03/12/2012 | Disponible | <input checked="" type="checkbox"/> Oui | <input type="checkbox"/> Non |
| E410_FA_B00FPM6_7_D1DAGACXX.IND5 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 7 | EPIG410_410 | B00FPM6 | 03/12/2012 | Disponible | <input checked="" type="checkbox"/> Oui | <input type="checkbox"/> Non |
| E410_FA_B00EP3N_2_D1DAGACXX.IND5 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 2 | EPIG410_410 | B00EP3N | 03/12/2012 | Disponible | <input checked="" type="checkbox"/> Oui | <input type="checkbox"/> Non |



READSETS > HIGHLIGHT ET CRITÈRES D'ÉVALUATION

Des **highlights** (mise en couleur de la cellule contenant la donnée à tester) peuvent être mises en place si l'on connaît les métriques à tester et les valeurs seuils à leur associer. L'ensemble de ces informations constituent un **critère d'évaluation** (QC ou bioinfo).

Exemple [CNS] : éval. Readsets, critères « éval. blé MP masse ». Les highlights n'apparaissent que si un critère d'évaluation est sélectionné.

Readsets à Evaluer

| Sélect. un projet | Sélect. un échantillon | Regex pour le code | Run depuis le (jj/mm/aaaa) | Run jusqu'au (jj/mm/aaaa) | Configuration blé |
|-------------------------|------------------------|---------------------------|----------------------------|---------------------------|-------------------|
| EVAL. QC en attente | Sélect. une éval QC | Sélect. une éval bioinfo. | Sélect. des types de run | Sélect. un run | |
| Sélect. des instruments | Sélect. des resol. QC. | ReadSet évalué par : | | | |

Métriques à tester

| Code | % >= Q30 | Score Qualité moyen | Nb Séquences valides | Nb Séquences utiles | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | % Triticum aestivum + triticaceae + triticum | % Removed Reads (E. coli) | % Merged reads | Mediane size (bases) | Estimation % lectures dupliquées (paire) | Validé QC ? | Critères QC | Comptes Rendus QC | Validé Biolinfo ? | Comptes Rendus Biolinfo | Lien vers graph Z-score |
|---------------------------|----------|---------------------|----------------------|---------------------|--------------------------|----------|--------|-------------|------------|---------------------|--|---------------------------|----------------|--|--|-------------|-------------|-------------------|-------------------|-------------------------|-------------------------|
| AWK_DOSW_1_A7R3A.IND14 | 97.72 | 37.62 | 1,413,407 | 1,408,834 | 140217_MELISSE_A7R3A | 1 | AWK | AWK_D | 17/02/2014 | EVAL. QC en attente | | 67.13 | 20 | critères éval. blé PE masse critères éval. blé MP masse ✓ | | | | - | | Z-score | |
| BFB_AAGAO SW_1_A7R3A.IND8 | 94.34 | 36.52 | 1,673,772 | 1,657,257 | 140217_MELISSE_A7R3A | 1 | BFB | BFB_AAGA | 17/02/2014 | EVAL. QC en attente | | 94.23 | 142 | 79.01 | - | critè | | - | | Z-score | |
| AWU_AOSL_2_H84U3ADXX.BC7 | 93.83 | 35.50 | 6,532,879 | 6,427,835 | 140204_PLATINE_H84U3ADXX | 2 | AWU | AWU_A | 04/02/2014 | EVAL. QC en attente | | 83.31 | 172 | 9.70 | - | critè | | - | | Z-score | |
| BEA_PLOSW_1_A8F1N.IND31 | 90.36 | 35.10 | 72,158 | 71,845 | 140423_MELISSE_A8F1N | 1 | BEA | BEA_PL | 23/04/2014 | EVAL. QC en attente | | 97.88 | 191 | 0.04 | - | critè | | - | | Z-score | |
| BEA_PMOSW_1_A8F1N.IND32 | 87.68 | 34.21 | 227,916 | 226,972 | 140423_MELISSE_A8F1N | 1 | BEA | BEA_PM | 23/04/2014 | EVAL. QC en attente | | 97.38 | 181 | 0.46 | - | critè | | - | | Z-score | |
| BEA_PQOSW_1_A8F1N.IND35 | 90.88 | 35.28 | 246,847 | 246,149 | 140423_MELISSE_A8F1N | 1 | BEA | BEA_PQ | 23/04/2014 | EVAL. QC en attente | 0.01 | 97.92 | 191 | 0.10 | - | critè | | - | | Z-score | |
| BEA_PSOSW_1_A8F1N.IND37 | 89.27 | 34.77 | 183,119 | 182,758 | 140423_MELISSE_A8F1N | 1 | BEA | BEA_PS | 23/04/2014 | EVAL. QC en attente | | 97.92 | 188 | 0.10 | - | critè | | - | | Z-score | |
| BEA_QAOSW_1_A8F1N.IND40 | 85.16 | 33.45 | 208,099 | 207,401 | 140423_MELISSE_A8F1N | 1 | BEA | BEA_QA | 23/04/2014 | EVAL. QC en attente | 0.01 | 97.14 | 177 | | - | critè | | - | | Z-score | |
| BEA_QBOSW_1_A8F1N.IND41b | 88.54 | 34.45 | 217,259 | 216,830 | 140423_MELISSE_A8F1N | 1 | BEA | BEA_QB | 23/04/2014 | EVAL. QC en attente | 0.01 | 97.97 | 180 | 0.14 | - | critè | | - | | Z-score | |
| BEA_QCOSW_1_A8F1N.IND42 | 89.46 | 34.87 | 195,611 | 194,514 | 140423_MELISSE_A8F1N | 1 | BEA | BEA_QC | 23/04/2014 | EVAL. QC en attente | 0.01 | 97.54 | 192 | 0.65 | - | critè | | - | | Z-score | |

PAGE 70

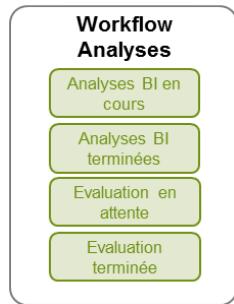
Évaluer des analyses et générer des highlights via des critères d'évaluation



ÉVALUER DES ANALYSES

Les analyses doivent être évaluées dans NGL-BI comme un run ou un readset :

- Via le menu **Analyses > Evaluation**
- (*même principe de fonctionnement que l'évaluation en masse de readsets*)
- Colonne « Valid ? » à renseigner et « Comptes Rendus » si besoin (non obligatoire)
- Une configuration peut être utilisée pour aider à l'évaluation (*exemple : config. Analyse Blé*)
- Des critères d'évaluation peuvent être utilisés pour générer des highlights (*exemple : critère éval analyse blé*)



Utiliser cette ligne pour renseigner la même valeur à toutes les lignes sélectionnées pour l'édition

| Code | Type | Code ReadSets Maître | Projects | Echantillons | Etat | Valid ? | Comptes Rendus |
|------------------------------|-------------------|---------------------------|----------|--------------|-----------------------|---------|----------------|
| BA_BFY_AAHKOSF_1_A7D4G.IND40 | BAC pool assembly | BFY_AAHKOSF_1_A7D4G.IND40 | BFY | BFY_AAHK | Evaluation en attente | Oui | |
| BA_BFY_AAHIOSF_1_A7D4G.IND39 | BAC pool assembly | BFY_AAHIOSF_1_A7D4G.IND39 | BFY | BFY_AAII | Evaluation en attente | Oui | |
| BA_BFY_AAHHOSF_1_A7D4G.IND38 | BAC pool assembly | BFY_AAHHOSF_1_A7D4G.IND38 | BFY | BFY_AAHH | Evaluation en attente | Oui | |
| BA_BFY_AAHGOSF_1_A7D4G.IND37 | BAC pool assembly | BFY_AAHGOSF_1_A7D4G.IND37 | BFY | BFY_AAHG | Evaluation en attente | Oui | |
| BA_BFY_AAHFOSF_1_A7D4G.IND36 | BAC pool assembly | BFY_AAHFOSF_1_A7D4G.IND36 | BFY | BFY_AAHF | Evaluation en attente | Oui | |
| BA_BFY_AAHEOSF_1_A7D4G.IND35 | BAC pool assembly | BFY_AAHEOSF_1_A7D4G.IND35 | BFY | BFY_AAHE | Evaluation en attente | Oui | |
| BA_BFY_AAHDOSF_1_A7D4G.IND34 | BAC pool assembly | BFY_AAHDOSF_1_A7D4G.IND34 | BFY | BFY_AAHD | Evaluation en attente | Oui | |
| BA_BFY_AAHCOSF_1_A7D4G.IND33 | BAC pool assembly | BFY_AAHCOSF_1_A7D4G.IND33 | BFY | BFY_AAHC | Evaluation en attente | Oui | |
| BA_BFY_AAHBOSF_1_A7D4G.IND32 | BAC pool assembly | BFY_AAHBOSF_1_A7D4G.IND32 | BFY | BFY_AAHB | Evaluation en attente | Oui | |

Merging % merging reads size
Contigage N50 cumul nb contigs max size assembled reads
Size Filter % lost bases
Scaffolding N50 cumul

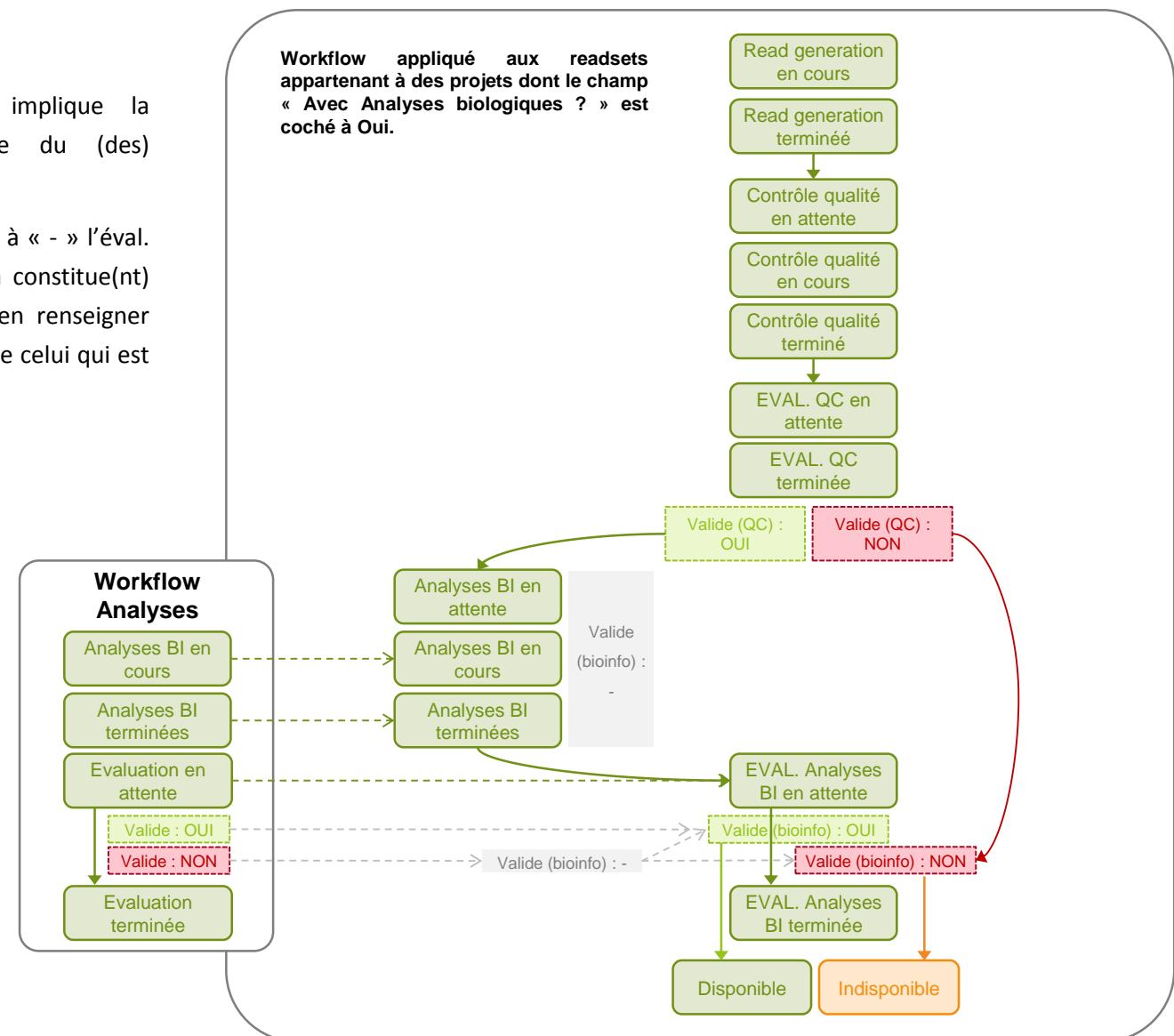


ÉVALUATION ANALYSES

ET INTERACTION AVEC LES READSETS QUI LA CONSTITUENT

- Règles mises en place :

- La validation d'une analyse implique la validation bioinfo automatique du (des) readset(s) qui la constitue(nt).
- L'**invalidation d'une analyse** laisse à « - » l'éval. bioinfo du (des) readset(s) qui la constitue(nt) afin de laisser le bio informaticien renseigner quel readset est invalide bioinfo de celui qui est valide bioinfo.



ANALYSES > HIGHLIGHTS ET CRITÈRES D'ÉVALUATION

Des **highlights** (mise en couleur de la cellule contenant la donnée à tester) peuvent être mises en place si l'on connaît les métriques à tester et les valeurs seuils à leur associer. L'ensemble de ces informations constituent un [critère d'évaluation](#).

Exemple [CNS] : évaluation d'analyses – critère « Analyses Blé ». Les highlights n'apparaissent que si un critère d'évaluation est sélectionné.

Sélect. des projets Sélect. des échantillons Regex pour le code Sélect. des types
Evaluation en attente Sélect. une évaluation Analyse évaluée par : Sélect. des résol.

Config. Analyse blé

Propriétés testées

Code Type Code ReadSets Maître Projects Echantillons Etat % merged reads Median size (bases) N50 contig size (bases) % assembled reads Assembly : % expected pool size après Contig Filter % bases perdues Number of scaffolds N50 scaffold size (bases) Scaffolding : % expected pool size Gap closing : % N Taille pool (bases) Couverture utile (readset maître) Couverture (Nb lect merg * mediane size / taille pool) % Removed Reads (E. coli) % Duplicates Pairs (readset maître) Valid ? Critères d'évaluation

BA_BFY_ACBKOSF_1_A9YMU.IND40 BAC pool assembly BFY_ACBKOSF_1_A9YMU.IND40 BFY BFY_ACBK Evaluation en attente 64,45 533 18 097 97,25 173,93 20,62 31 132 922 141,06 1,10 583 000 506,35 311,77 5,89 critères éval. Analyse blé ✓

BA_BFY_ACBIOSF_1_A9YMU.IND39 BAC pool assembly BFY_ACBIOSF_1_A9YMU.IND39 BFY BFY_ACBI Evaluation en attente 67,12 534 31 589 98,27 124,31 6,71 18 538 839 117,43 0,02 735 000 433,11 276,34 6,49 0,25

BA_BFY_ACBHOSF_1_A9YMU.IND38 BAC pool assembly BFY_ACBHOSF_1_A9YMU.IND38 BFY BFY_ACBH Evaluation en attente 65,59 533 22 381 97,58 144,97 10,78 18 601 348 132,82 1,32 762 000 472,52 295,69 5,72 0,26

BA_BFY_ACBEOSF_1_A9YMU.IND35 BAC pool assembly BFY_ACBEOSF_1_A9YMU.IND35 BFY BFY_ACBE Evaluation en attente 61,23 532 31 094 94,09 163,04 10,11 19 260 322 151,63 1,54 650 000 481,90 286,03 7,33 0,26

BA_BFY_ACBBOSF_1_A9YMU.IND32 BAC pool assembly BFY_ACBBOSF_1_A9YMU.IND32 BFY BFY_ACBB Evaluation en attente 66,62 534 17 491 97,47 137,75 11,16 17 677 550 126,71 1,63 835 000 398,28 252,48 7,30 0,25

BA_BFY_ACAKOSF_1_A9YMU.IND30 BAC pool assembly BFY_ACAKOSF_1_A9YMU.IND30 BFY BFY_ACAK Evaluation en attente 68,99 539 12 746 97,44 121,04 14,74 11 309 280 109,38 4,38 375 000 897,81 592,63 9,47 1,24

BA_BFY_ACAIOSF_1_A9YMU.IND29 BAC pool assembly BFY_ACAIOSF_1_A9YMU.IND29 BFY BFY_ACAI Evaluation en attente 67,30 540 7 263 97,19 93,09 27,02 28 122 671 71,18 1,66 713 000 329,03 211,91 8,49 0,50

BA_BFY_ACAHOSF_1_A9YMU.IND28 BAC pool assembly BFY_ACAHOSF_1_A9YMU.IND28 BFY BFY_ACAH Evaluation en attente 69,06 540 5 293 97,33 82,74 22,05 21 111 383 71,26 5,67 671 000 243,47 160,57 10,03 0,81

BA_BFY_ACAGOSF_1_A9YMU.IND27 BAC pool assembly BFY_ACAGOSF_1_A9YMU.IND27 BFY BFY_ACAG Evaluation en attente 69,78 539 11 553 96,68 111,29 15,02 19 127 094 98,25 2,54 778 000 294,67 196,43 10,13 0,37

BA_BFY_ACAFOSF_1_A9YMU.IND26 BAC pool assembly BFY_ACAFOSF_1_A9YMU.IND26 BFY BFY_ACAF Evaluation en attente 71,10 539 16 983 97,35 123,17 16,07 13 359 026 104,39 0,00 603 000 400,11 270,70 9,70 0,32

Pour connaître les règles de comparaison définissant les highlights, se référer au lien Alfresco mis dans les [Annexes](#), page Critères d'évaluation définissant les Highlights.



Fonctionnalités du tableau de résultats



FONCTIONNALITÉS DU TABLEAU RÉSULTATS

Tableau général :

- **Tout Sélectionner** : sélectionne toutes les lignes du tableau de la page courante ;
- **Annuler** : annule la sélection effectuée ou les valeurs renseignées au cours de l'édition (si la sauvegarde n'a pas encore eu lieu) ;
- **Afficher Détails** : « épingle » les objets sélectionnés dans le volet de gauche ; en cliquant sur ceux-ci on consulte leur interface individuelle ;
- **Export CSV** : permet d'exporter tous les résultats de la recherche dans un fichier .csv ;
- **Cacher** : permet de sélectionner les colonnes du tableau à cacher / à faire réapparaître ;
- **Editer (quand menu autre que recherche)** : permet d'éditer les lignes sélectionnées sur toutes les colonnes éditables ;
- **Enregistrer (quand menu autre que recherche)** : enregistre les valeurs renseignées en édition.

Colonnes :

- **Tri (croissant / décroissant)** : s'effectue sur tous les Résultats de la recherche, pas seulement sur les lignes du tableau de la page courante ;
- **Grouper** : permet de grouper toutes les lignes d'un même run, projet ou échantillon (selon la colonne qu'on a choisi de grouper) et de faire apparaître sur une ligne la somme, moyenne (ou autre) des valeurs de chaque colonne.
- **Cacher** : permet de cacher la colonne / de la faire réapparaître ;
- **Editer** : permet d'éditer les lignes sélectionnées sur cette colonne uniquement.

Tout Sélectionner

| Tout Sélectionner | | | | | | | | | | | Nombre de résultats de la recherche effectuée | | | | |
|-------------------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|---------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|---|--------------------------|--------------------------|----------------------------------|--|
| Annuler | | Afficher Détails | | Export CSV | | Cacher | | Tri | | Grouper | | Page courante | | Taille du tableau (nb de lignes) | |
| <input checked="" type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | |
| AMZ_AOSF_1_A9Y40.IND16 | 141006_MELISSE_A9Y40 | 1 | AMZ | AMZ_A | 06/10/2014 | Contrôle qualité en cours | --- | | | | | | --- | | |
| BIC_AOSN_1_AAUHU.IND8 | 140929_MIMOSA_AAUHU | 1 | BIC | BIC_A | 29/09/2014 | Disponible | Oui | | | | | Oui | | | |
| AMZ_AOSF_1_A9YBK.IND16 | 140929_MELISSE_A9YBK | 1 | AMZ | AMZ_A | 29/09/2014 | Disponible | Oui | | | | | Oui | | | |

Editer

| Editer | | | | | | | | | | |
|----------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|
| <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> |
| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | Valide QC ? | Comptes Rendus QC | Valide Biolinfo ? | Comptes Rendus Biolinfo |
| BEG_HOSW_2_C4ADYACXX.IND8 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 2 | BEG | BEG_H | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | --- | | | |
| BDD_BFOSW_7_C4ADYACXX.IND4 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 7 | BDD | BDD_BF | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | --- | | | |
| AWK_EMOSW_7_C4ADYACXX.IND1 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 7 | AWK | AWK_EM | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | --- | | | |



Fonction éditer dans un tableau



FONCTION ÉDITER DANS UN TABLEAU (1/2)

- Pour éditer des cellules dans un tableau, commencer par sélectionner les lignes à éditer, via le bouton « Sélectionner tout » si l'on souhaite sélectionner toutes les lignes du tableau affiché (NB : ne sélectionne pas tous les résultats de la recherche), ou en cliquant une par une sur chaque ligne concernée.
- Cliquer ensuite sur le bouton éditer.
- La 1^{ère} ligne qui s'affiche sert à renseigner une valeur 1 seule fois et de la propager à toutes les cellules en mode édition
- Exemple :

Bouton Editer du tableau permet d'éditer toutes les colonnes éditables en même temps.

| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | Valide QC ? | Critères QC | Comptes Rendus QC | Validé BioInfo ? | Comptes Rendus BioInfo |
|--|--------------------------|----------|--------|-------------|------------|---------------------|-------------|-------------|-------------------|------------------|------------------------|
| 1ère ligne utilisée pour propager une valeur à toutes les lignes sélectionnées pour l'édition. | | | | | | | | | | | |
| BEG_KOSW_3_C4ADYACXX.IND10 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 3 | BEG | BEG_K | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | --- | | | | --- |
| BDD_BFOSW_7_C4ADYACXX.IND4 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 7 | BDD | BDD_BF | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | --- | | | | --- |
| AWK_EMOSW_7_C4ADYACXX.IND1 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 7 | AWK | AWK_EM | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | Non | | fungi | - | - |
| BEG_JOSW_1_C4ADYACXX.IND9 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 1 | BEG | BEG_I | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | Non | | duplicat > 30 | - | - |
| BEG_JOSW_3_C4ADYACXX.IND9 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 3 | BEG | BEG_I | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | --- | | | --- | --- |
| BEG_JOSW_2_C4ADYACXX.IND9 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 2 | BEG | BEG_I | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | Non | | erreur dépôt ban | - | - |
| AWI_ACBAOSW_6_C4ADYACXX.IND6 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 6 | AWI | AWI_ACBA | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | --- | | | --- | --- |
| AWI_ACBAOSW_5_C4ADYACXX.IND6 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 5 | AWI | AWI_ACBA | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | Non | | Q30 | - | - |

Lignes sélectionnées individuellement, en cliquant dessus.

Chaque ligne renseignée indépendamment pour CR QC



FONCTION ÉDITER DANS UN TABLEAU (2/2)

- Le bouton « Editer » en haut à gauche du tableau permet d'édition toutes les colonnes éditables en même temps.

| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | Valide QC ? | Critères QC | Comptes Rendus QC | Validé BioInfo ? | Comptes Rendus BioInfo |
|----------------------------|--------------------------|----------|--------|-------------|------------|---------------------|-------------|-------------|-------------------|------------------|------------------------|
| BEG_KOSW_3_C4ADYACXX.IND10 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 3 | BEG | BEG_K | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | - | - | - | - | - |
| BDD_BFOSW_7_C4ADYACXX.IND4 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 7 | BDD | BDD_BF | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | - | - | - | - | - |
| AWK_EMOSW_7_C4ADYACXX.IND1 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 7 | AWK | AWK_EM | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | - | - | - | - | - |
| BEG_IOSW_1_C4ADYACXX.IND9 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 1 | BEG | BEG_I | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | - | - | - | - | - |
| BEG_IOSW_3_C4ADYACXX.IND9 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 3 | BEG | BEG_I | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | - | - | - | - | - |

- Le bouton « Editer » en haut d'un colonne permet d'édition uniquement cette colonne.

| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | Valide QC ? | Critères QC | Comptes Rendus QC | Validé BioInfo ? | Comptes Rendus BioInfo |
|----------------------------|--------------------------|----------|--------|-------------|------------|---------------------|-------------|-------------|-------------------|------------------|------------------------|
| BEG_KOSW_3_C4ADYACXX.IND10 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 3 | BEG | BEG_K | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | - | - | - | - | - |
| BDD_BFOSW_7_C4ADYACXX.IND4 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 7 | BDD | BDD_BF | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | - | - | - | - | - |
| AWK_EMOSW_7_C4ADYACXX.IND1 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 7 | AWK | AWK_EM | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | - | - | - | - | - |
| BEG_IOSW_1_C4ADYACXX.IND9 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 1 | BEG | BEG_I | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | - | - | - | - | - |
| BEG_IOSW_3_C4ADYACXX.IND9 | 140925_MERCURE_C4ADYACXX | 3 | BEG | BEG_I | 25/09/2014 | EVAL. QC en attente | - | - | - | - | - |



Exporter les résultats de tableaux en CSV



EXPORT DES RÉSULTATS EN CSV

Le bouton « Export CSV » situé au dessus du tableau permet d'exporter en fichier CSV l'ensemble des résultats affichés dans le tableau (disponible pour les menus run, readset, analyses). Si la fonction GROUPER est utilisée, l'export des lignes groupées (uniquement) est possible.

Screenshot of a bioinformatics analysis interface showing results for multiple samples. The interface includes a navigation bar with 'Readsets', 'Analyses', 'Statistiques', and 'Archives'. A user profile 'jguy' is visible in the top right.

The main area displays a list of samples with various metadata columns such as 'Code', 'Run', 'Type Run', 'N° Piste', 'Projet', 'Echantillon', 'Taille échantillon (bases)', 'Date Run', 'Etat', '% >= Q30', 'Score Qualité moyen', 'Nb Séquences valides', 'Couverture (Nb Bases/Taille échantillon)', 'Nb Séquences utiles', '% Déposé', 'Fraction de run', and '% Séquences valides / piste'. A blue box highlights the 'Nb Séquences valides' column.

A large blue arrow points from the bottom left towards the 'Export CSV' button, which is circled in blue. Another blue arrow points from the bottom right towards the '360 Résultat(s)' message at the top right of the table.

At the bottom, a message 'Export des 360 résultats' is displayed next to a dotted blue arrow pointing upwards towards the export button.

The bottom navigation bar shows a file icon and the path 'Readsets_20141020_1....csv'.

Fonctionnalité « GROUPER » dans un tableau



FONCTIONNALITÉ « GROUPER » DANS TABLEAU

- Grouper** : permet de grouper toutes les lignes d'un même run, projet ou échantillon (selon la colonne qu'on a choisi de grouper) et de faire apparaître sur une ligne la somme, moyenne (ou autre) des valeurs de chaque colonne.

| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Type d'échantillon | Taille échantillon (bases) | Date Run | Etat | % >= Q30 | Nb Séquences valides | Couverture (Nb Bases/Taille échantillon) | % Duplicates R1 | % Unknown::No hits | % Merged reads | Median size of merged reads (bases) | Valide QC ? | Comptes Rendus QC | Valide BioInfo ? | Comptes Rendus BioInfo |
|------------------------------|----------------------------|----------|--------|-------------|--------------------|----------------------------|------------|------------|----------|----------------------|--|-----------------|--------------------|----------------|-------------------------------------|-------------|-------------------------------------|------------------|------------------------|
| AEY_HAOSW_1_AAD7G.IND3 | 140922_MELISSE_AAD7G | 1 | AEY | AEY_HA | ADN Génomique | 3 300 000 | 22/09/2014 | Disponible | 77,82 | 1 523 759 | 231,80 | 0,89 | 35,25 | 85,28 | 231 | Oui | Problème qualité adaptateurs/Kmers | Oui | |
| AEY_GVOSW_1_AAD7G.IND2 | 140922_MELISSE_AAD7G | 1 | AEY | AEY_GV | ADN Génomique | 3 300 000 | 22/09/2014 | Disponible | 81,97 | 2 013 268 | 306,26 | 2,66 | 12,29 | 87,47 | 231 | Oui | Problème qualité adaptateurs/Kmers | Oui | |
| AEY_MIOSW_1_AAD7G.IND8 | 140922_MELISSE_AAD7G | 1 | AEY | AEY_MI | ADN Génomique | 3 300 000 | 22/09/2014 | Disponible | 82,59 | 3 180 098 | 483,76 | 51,94 | 48,85 | 87,84 | 233 | Oui | Problème qualité adaptateurs/Kmers | Oui | |
| AEY_MKOSW_1_AAD7G.IND4 | 140922_MELISSE_AAD7G | 1 | AEY | AEY_MK | ADN Génomique | 3 300 000 | 22/09/2014 | Disponible | 74,93 | 2 012 598 | 306,16 | 0,92 | 44,60 | 84,42 | 224 | Oui | Problème qualité adaptateurs/Kmers | Oui | |
| AEY_HFOSW_1_AAD7G.IND5 | 140922_MELISSE_AAD7G | 1 | AEY | AEY_HF | ADN Génomique | 3 300 000 | 22/09/2014 | Disponible | 86,99 | 3 415 900 | 519,63 | 13,18 | 0,55 | 87,58 | 241 | Oui | Problème qualité adaptateurs/Kmers | Oui | |
| AEY_GTOSW_1_AAD7G.IND1 | 140922_MELISSE_AAD7G | 1 | AEY | AEY_GT | ADN Génomique | 3 300 000 | 22/09/2014 | Disponible | 84,66 | 2 121 420 | 322,71 | 4,63 | 2,51 | 89,58 | 232 | Oui | Problème qualité adaptateurs/Kmers | Oui | |
| AEY_HGOSW_1_AAD7G.IND6 | 140922_MELISSE_AAD7G | 1 | AEY | AEY_HG | ADN Génomique | 3 300 000 | 22/09/2014 | Disponible | 87,57 | 3 161 718 | 480,96 | 29,27 | 0,64 | 87,82 | 244 | Oui | Problème qualité adaptateurs/Kmers | Oui | |
| AEY_HHOSW_1_AAD7G.IND7 | 140922_MELISSE_AAD7G | 1 | AEY | AEY_HH | ADN Génomique | 3 300 000 | 22/09/2014 | Disponible | 86,73 | 3 209 257 | 488,20 | 45,49 | 14,41 | 87,51 | 243 | Oui | Problème qualité adaptateurs/Kmers | Oui | |
| | | | AEY | | | 3 300 000 | | | 82,91 | 20 638 018 | 3 139,48 | 18,62 | 19,89 | 87,19 | 234,875 | | | | |
| AHX_BQAIOSF_1_HA4CYADXX.IND8 | 140922_FLUOR_HA4CYADXX | 1 | AHX | AHX_BOAI | ADN Métagénomique | 10 000 000 | 22/09/2014 | Disponible | 90,17 | 145 151 902 | 2 932,07 | 10,92 | 97,84 | 87,80 | 171 | Oui | | | |
| AHX_BPTIOSF_4_C3YNEACXX.IND6 | 140910_PHOSPHORE_C3YNEACXX | 4 | AHX | AHX_BPTI | ADN Métagénomique | 10 000 000 | 10/09/2014 | Disponible | 84,10 | 227 220 665 | 4 589,86 | 9,24 | 97,00 | 89,73 | 164 | Oui | | | |
| AHX_BPSIOSF_4_C3YEPACXX.IND5 | 140910_SOUFRE_C3YEPACXX | 4 | AHX | AHX_BPSI | ADN Métagénomique | 10 000 000 | 10/09/2014 | Disponible | 88,26 | 204 396 875 | 4 128,82 | 8,97 | 97,44 | 93,01 | 163 | Oui | | | |
| | | | AHX | | | 10 000 000 | | | 87,51 | 576 769 442 | 11 650,74 | 9,71 | 97,43 | 90,18 | 166 | | | | |
| ALP_KHOSW_8_C3YNEACXX.IND1 | 140910_PHOSPHORE_C3YNEACXX | 8 | ALP | ALP_KH | ADN Métagénomique | 10 000 000 | 10/09/2014 | Disponible | 86,25 | 64 569 420 | 1 304,30 | 79,58 | 99,53 | 0,25 | 137 | Oui | Problème quantité seq valides insuf | Oui | |
| | | | ALP | | | 10 000 000 | | | 86,25 | 64 569 420 | 1 304,30 | 79,58 | 99,53 | 0,25 | 137 | | | | |
| BDY_AACOSW_1_A9YNN.IND18 | 140915_MELISSE_A9YNN | 1 | BDY | BDY_AAC | Amplicon | 429 | 15/09/2014 | Disponible | 78,54 | 2 170 472 | 3 045 743,93 | 67,11 | 0,09 | 95,11 | 430 | Oui | | | |
| BDY_AADOSW_1_A9YNN.IND19 | 140915_MELISSE_A9YNN | 1 | BDY | BDY_AAD | Amplicon | 370 | 15/09/2014 | Disponible | 81,36 | 2 157 439 | 3 510 211,56 | 68,31 | 0,95 | 96,52 | 372 | Oui | | | |
| BDY_AAAOSW_1_A9YNN.IND5 | 140915_MELISSE_A9YNN | 1 | BDY | BDY_AAA | Amplicon | 370 | 15/09/2014 | Disponible | 80,07 | 1 962 135 | 3 192 446,68 | 71,97 | 0,69 | 97,50 | 372 | Oui | | | |
| BDY_AABOSW_1_A9YNN.IND22 | 140915_MELISSE_A9YNN | 1 | BDY | BDY_AAB | Amplicon | 429 | 15/09/2014 | Disponible | 78,31 | 1 697 052 | 2 381 410,97 | 69,74 | 0,14 | 95,10 | 429 | Oui | | | |
| | | | BDY | | #MULTI | | | | 79,57 | 7 987 098 | 12 129 813,13 | 69,28 | 0,47 | 96,06 | 400,75 | | | | |

Moyenne Somme Somme Moy. Moy. Moy. Moy. Moy.

Pour connaître les règles de calculs utilisés lorsque la fonction GROUPE est utilisée, se référer au lien Alfresco mis dans les Annexes, page colonnes supplémentaires et Comportement si la Fonctionnalité « Groupe » du tableau est utilisée.

| PAGE 83



GROUER SUR TOUTE LA SÉLECTION

- La fonction Grouper peut être utilisée sur une colonne du tableau OU sur toute la sélection.

Filtres Filtres supplémentaires Colonnes supplémentaires

Sélect. des projets Sélect. des échantillons Regex pour le code 01/09/2014 Run jusqu'au (jj/mm/aaaa)

Sélect. des états Sélect. une éval QC Sélect. une éval bioinfo. Sélect. des types de run Sélect. un run

Sélect. des instruments Sélect. des résol. QC. Sélect. des résol. bioinfo. ReadSet évalué par :

 Taille (10) ▾ 1228 Résultat(s)

Code N° Piste Projets Echantillon Date Run Etat Score Qualité moyen Nb Séquences valides Nb Bases % Duplicates Pairs Valide QC ? Comptes Rendus QC Valide BioInfo ? Comptes Rendus BioInfo

| | | | | | | | | | | | | | |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| A361_DA_D000P2X_8_C5J | C5JK2ACXX | 8 | AGING_361 | D000P2X | 27/11/2014 | EVAL_Analyse BI en attente | 36,65 | 145 252 241 | 29 340 952 682 | 0,58 | Oui | --- | --- |
| S464_RD_D000P3J_4_C5JK2ACXX.IND5 | 141127_HISEQ6_C5JK2ACXX | 4 | SPLICOTER_464 | D000P3J | 27/11/2014 | Analyse BI en attente | 36,1 | 62 846 149 | 12 694 922 098 | 33,01 | Oui | --- | --- |
| S464_RD_D000P3K_5_C5JK2ACXX.IND5 | 141127_HISEQ6_C5JK2ACXX | 5 | SPLICOTER_464 | D000P3K | 27/11/2014 | Analyse BI en attente | 35,76 | 44 644 698 | 9 018 228 996 | 39,87 | Oui | --- | --- |
| S464_RD_D000P2A_1_C5JK2ACXX.IND2 | 141127_HISEQ6_C5JK2ACXX | 1 | SPLICOTER_464 | D000P2A | 27/11/2014 | Analyse BI en attente | 35,86 | 45 751 991 | 9 241 902 182 | 40,67 | Oui | --- | --- |
| A361_DA_D000P2X_7_C5JK2ACXX.IND5 | 141127_HISEQ6_C5JK2ACXX | 7 | AGING_361 | D000P2X | 27/11/2014 | EVAL_Analyse BI en attente | 36,59 | 149 288 890 | 30 156 355 780 | 0,65 | Oui | --- | --- |
| S464_RD_D000P3S_3_C5JK2ACXX.IND15 | 141127_HISEQ6_C5JK2ACXX | 3 | SPLICOTER_464 | D000P3S | 27/11/2014 | Analyse BI en attente | 35,84 | 51 194 826 | 10 341 354 852 | 33,92 | Oui | --- | --- |
| S464_RD_D000P2F_2_C5JK2ACXX.IND7 | 141127_HISEQ6_C5JK2ACXX | 2 | SPLICOTER_464 | D000P2F | 27/11/2014 | Analyse BI en attente | 35,54 | 46 316 180 | 9 355 868 360 | 24,16 | Oui | --- | --- |
| S464_RD_D000P3Q_5_C5JK2ACXX.IND6 | 141127_HISEQ6_C5JK2ACXX | 5 | SPLICOTER_464 | D000P3Q | 27/11/2014 | Analyse BI en attente | 35,61 | 52 081 452 | 10 520 453 304 | 38,20 | Oui | --- | --- |
| S464_RD_D000P39_2_C5JK2ACXX.IND19 | 141127_HISEQ6_C5JK2ACXX | 2 | SPLICOTER_464 | D000P39 | 27/11/2014 | Analyse BI en attente | 35,38 | 48 823 082 | 9 862 262 564 | 33,68 | Oui | --- | --- |
| S464_RD_D000P41_6_C5JK2ACXX.IND21 | 141127_HISEQ6_C5JK2ACXX | 6 | SPLICOTER_464 | D000P41 | 27/11/2014 | Analyse BI en attente | 36,12 | 33 584 764 | 6 784 122 328 | 19,23 | Oui | --- | --- |
| **LIGNE GROUPEE sur toute la sélection ➡** | | | | | | | 34,660 | 84 902 834 267 | 17 096 785 211 434 | #ERROR | | | |

Pour connaître les règles de calculs utilisés lorsque la fonction GROUPE est utilisée, se référer au lien Alfresco mis dans les Annexes, page colonnes supplémentaires et Comportement si la Fonctionnalité « Groupe » du tableau est utilisée.

| PAGE 84



Renseigner des runs
Renseigner des readsets



RENSEIGNER DES RUNS : A CONSERVER

Le champ « **A conserver** » est utilisé par la bioinfo pour exclure du pipeline automatique les runs à ne pas effacer (actif au CNG).
 Ce champ peut être coché **à condition que le run ne soit pas déjà supprimé**.

141020_FLUOR_HAMUUADXX Evaluation en attente

Code 141020_FLUOR_HAMUUADXX Type RHS2500R

Etat Evaluation en attente Nb Clusters (total) 345 321 726

Valide ? --- % Clusters filt. (moyenne) 88,13

Comptes Rendus Nb Clusters filt. (total) 304 333 882

Critères Nb Bases (total) 94 039 169 538

Évalué par 0

A conserver ?

Supprimé Non



Le run peut être coché comme « à conserver »

140521_PHOSPHORE_C3G4EACXX Evaluation terminée

Code 140521_PHOSPHORE_C3G4EACXX Type RHS2000

Etat Evaluation terminée Nb Clusters (total) 1 753 940 162

Valide ? Oui % Clusters filt. (moyenne) 90,67

Comptes Rendus Nb Clusters filt. (total) 1 590 219 502

Critères Nb Bases (total) 332 355 875 918

Évalué par clouesse (03/06/2014)

A conserver ?

Supprimé Oui



Le run ne peut pas être coché comme « à conserver » ; il a déjà été supprimé.



RENSEIGNER DES READSETS

Il est possible d'indiquer si un readset a été envoyé au CCRT et / ou au collaborateur.

- Via l'interface individuelle du readset, onglet avancé :

AUE_APOSW_4_70HTYAAXX Disponible

Général Avancé

| | |
|---------------------------|--|
| SSID | 3028405793 |
| Date de l'archive | 27/09/2011 00:00:00 |
| Chemin | /env/cns/proj/projet_AUE/AP/RunsSolexa/110922_HELIUM_70HTYAAXX |
| Envoyé au CCRT ? | <input type="checkbox"/> |
| Envoyé au Collaborateur ? | <input type="checkbox"/> |
| Nom du fichier | AUE_APOSW_4_70HTYAAXX.fastq |
| Type de fichier | RAW |
| Utilisable | Oui |
| Label | READ1 |
| Encodage ASCII | 64 |
| Clé codage md5 | |

- Via le menu Readsets > Modification en masse

NGL-BI Evaluation ▾ Runs ▾ **Readsets ▾** Archives

Recherche Sélectionnez des projets Sélectionnez des échantillons Date Run depuis le (jj/mm/aaaa) Date Run jusqu'au (jj/mm/aaaa)

Sélectionnez des étapes Sélectionnez des types Sélectionnez une évaluation Sélectionnez des runs

Changement d'Etat Modification en masse

La modification en masse des readsets concerne les champs :

- Envoyé au CCRT ?
- Envoyé au collaborateur ?

| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | Validé QC ? | Validé BioInfo ? | Envoyé au CCRT ? | Envoyé au Collaborateur ? |
|----------------------------------|-------------------------|----------|-------------|-------------|------------|------------|-------------|------------------|-------------------------------------|-------------------------------------|
| E410_FA_B00FFPM4_5_D1DAGACXXIND5 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 5 | EPIG410_410 | B00FFPM4 | 03/12/2012 | Disponible | Oui | Oui | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> |
| E410_FA_B00FFPM4_8_D1DAGACXXIND6 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 8 | EPIG410_410 | B00FFPM4 | 03/12/2012 | Disponible | Oui | Oui | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> |
| E421_CB_B00EUJ1_1_D1DAGACXXIND6 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 1 | EPIG421_421 | B00EUJ1 | 03/12/2012 | Disponible | Oui | Oui | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> |
| E410_FA_B00FFPM2_4_D1DAGACXXIND5 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 4 | EPIG410_410 | B00FFPM3 | 03/12/2012 | Disponible | Oui | Oui | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> |
| E421_CB_B00EPPR_1_D1DAGACXXIND2 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 1 | EPIG421_421 | B00EPPR | 03/12/2012 | Disponible | Oui | Oui | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> |
| E421_CB_B00EUJ1_1_D1DAGACXXIND4 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 1 | EPIG421_421 | B00EUJ1 | 03/12/2012 | Disponible | Oui | Oui | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> |
| E410_FA_B00EP3N_2_D1DAGACXXIND5 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 2 | EPIG410_410 | B00EP3N | 03/12/2012 | Disponible | Oui | Oui | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> |
| E410_FA_B00FPLS_3_D1DAGACXXIND5 | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | 3 | EPIG410_410 | B00FPLS | 03/12/2012 | Disponible | Oui | Oui | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> |



Changer l'état d'un run, readset ou analyse (se référer au workflow)



CHANGER L' ÉTAT D'UN RUN (POSSIBLE EN MASSE)

Pour changer l'état d'un run, aller dans le menu **Runs > Changement d'état**.

- Filtrer le(s) run(s) à changer d'état et les sélectionner. Cliquer sur éditer (2 endroits possibles).

| Code | Type | Date Run | Etat | Validé ? |
|--------------------------|---------|------------|---------|----------|
| 140212_CARBONE_C384AACXX | RHS2000 | 17/01/1970 | Nouveau | -- |
| 140221_MELISSE_A7396 | RHS2000 | 17/01/1970 | Nouveau | -- |
| 140207_MERCURE_C381HACXX | RHS2000 | 17/01/1970 | Nouveau | Oui |
| 080201_HELIUM_2062WAAAXX | RGAlk | 01/02/2008 | Terminé | Oui |
| 080205_HELIUM_2062WAAAX2 | RGAlk | 05/02/2008 | Terminé | Oui |
| 080208_HELIUM_201WNAAAXX | RGAlk | 08/02/2008 | Terminé | Oui |
| 080228_HELIUM_201WGAAAXX | RGAlk | 28/02/2008 | Terminé | Oui |
| 080403_HELIUM_201WPAAAXX | RGAlk | 03/04/2008 | Terminé | Oui |
| 080528_HELIUM_20379AAXX | RGAlk | 28/05/2008 | Terminé | Oui |
| 080620_HELIUM_200NYAAXX | RGAlk | 20/06/2008 | Terminé | Oui |

- Choisir le nouvel état.

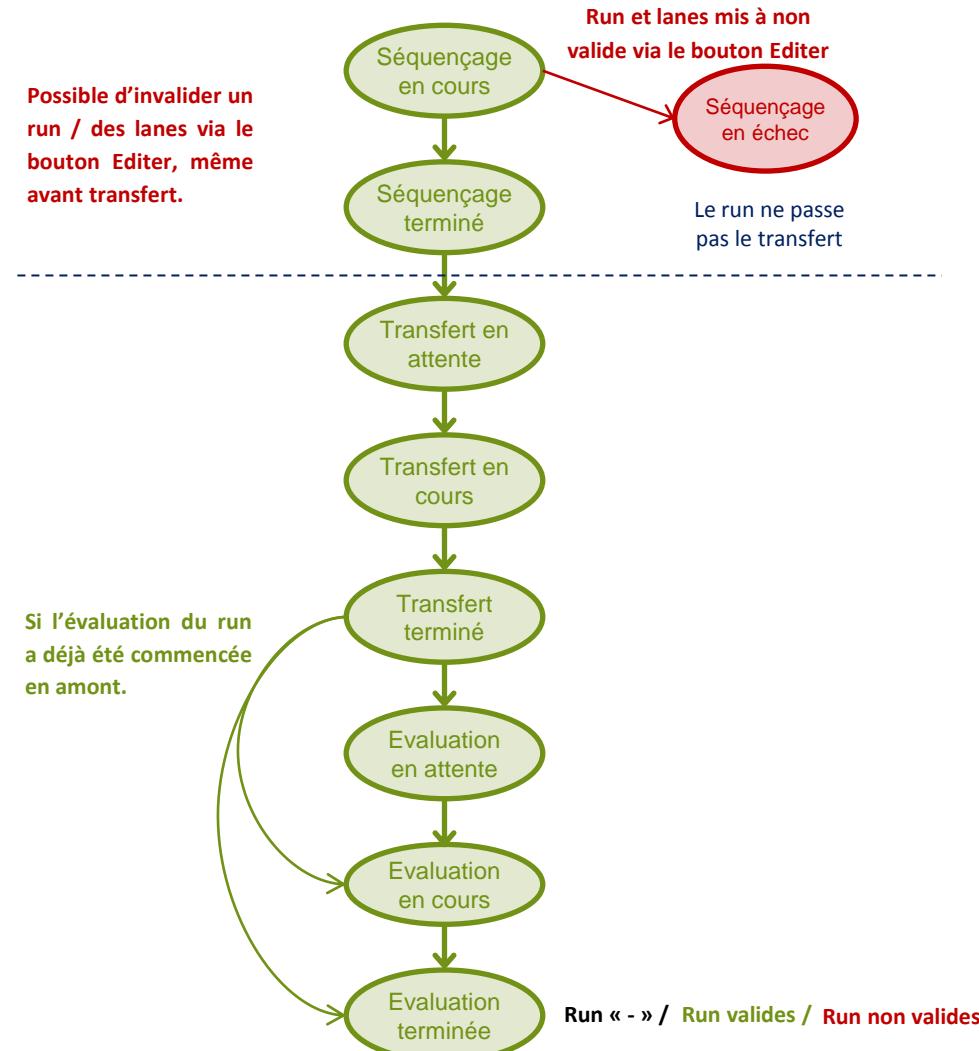
| Code | Type | Date Run | Etat | Validé ? |
|--------------------------|---------|------------|----------------------------|----------|
| 140212_CARBONE_C384AACXX | RHS2000 | 17/01/1970 | Nouveau | -- |
| 140221_MELISSE_A7396 | RHS2000 | 17/01/1970 | Séquençage en cours | -- |
| 140207_MERCURE_C381HACXX | RHS2000 | 17/01/1970 | Séquençage en echec | Oui |
| 080201_HELIUM_2062WAAAXX | RGAlk | 01/02/2008 | Séquençage terminé | Oui |
| 080205_HELIUM_2062WAAAX2 | RGAlk | 05/02/2008 | Read generation en attente | Oui |
| 080208_HELIUM_201WNAAAXX | RGAlk | 08/02/2008 | Read generation en cours | Oui |
| 080228_HELIUM_201WGAAAXX | RGAlk | 28/02/2008 | Read generation terminée | Oui |
| 080403_HELIUM_201WPAAAXX | RGAlk | 03/04/2008 | Evaluation en attente | Oui |
| 080528_HELIUM_20379AAXX | RGAlk | 28/05/2008 | Evaluation en cours | Oui |
| 080620_HELIUM_200NYAAXX | RGAlk | 20/06/2008 | Evaluation terminée | Oui |
| | | | Terminé | Oui |
| | | | Terminé | Oui |

- Enregistrer.



CAS PARTICULIER DU CHANGEMENT D'ÉTAT RUN À : SÉQUENÇAGE EN ÉCHEC

Si un run plante en cours de séquençage et qu'il ne passe pas le transfert, son état restera à « séquençage en cours » ; il est alors recommandé d'aller changer manuellement son état à « séquençage en échec ».



CAS PARTICULIER DU CHANGEMENT D'ÉTAT RUN À : SÉQUENÇAGE EN ÉCHEC

NGL-BI-UAT Evaluation ▾ Runs ▾ Readsets ▾ Archives

Recherche

140225_HISEQ3_C3FFJACXX Séquençage en échec

Editer

| Code | 140225_HISEQ3_C3FFJACXX | Type | RHS2000 | Nb Cycles | Version RTA |
|----------------|-------------------------------------|--|---------|-------------------|-------------------|
| Etat | Séquençage en échec | Nb Clusters (total) | | Ligne Contrôle | Version Flowcell |
| Validé ? | Non | % Clusters filt. (moyenne) | | Code Flowcell | Code Instrument |
| Comptes Rendus | Problème machine laser camera | Nb Clusters filt. (total) | | C3FFJACXX | HISEQ3 |
| | | Nb Bases (total) | | Position Flowcell | Type d'Instrument |
| Critères | Default | A conserver ? <input type="checkbox"/> | | | HISEQ2000 |
| Evalué par | jguy (05/03/2014) | | | | |

Détails évaluation : idéal : importer SAV au moment où on arrête le run

Pistes

| # | Validé ? | Comptes Rendus |
|---|------------|-------------------------------------|
| 1 | Non | Problème machine laser camera |
| 2 | Non | Problème machine laser camera |
| 3 | Non | Problème machine laser camera |
| 4 | Non | Problème machine laser camera |
| 5 | Non | Problème machine laser camera |
| 6 | Non | Problème machine laser camera |
| 7 | Non | Problème machine laser camera |
| 8 | Non | Problème machine |



CHANGER L'ÉTAT D'UN READSET (POSSIBLE EN MASSE)

Pour changer l'état d'un readset, aller dans le menu **Readsets > Changement d'état**.

- Filtrer le(s) readset(s) à changer d'état et les sélectionner. Cliquer sur éditer (2 endroits possibles).

| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | Valide QC ? | Valide BioInfo ? |
|------------------------------|--------------------------|----------|--------|-------------|------------|--------------|-------------|------------------|
| AFR_LOSU_5_624LGAXX | 100707_AZOTE_624LGAXX | 5 | AFR | AFR_L | 07/07/2010 | Indisponible | Non | Non |
| AQF_AQOSW_8_70GYNAAXX0 | 110513_HELIUM_70GYNAAXX | 8 | AQF | AQF_AQ | 13/05/2011 | Indisponible | Non | Non |
| AEG_BELOSS_1_70GYNAAXX | 110513_HELIUM_70GYNAAXX | 1 | AEG | AEG_BE | 13/05/2011 | Indisponible | Non | Non |
| AEG_BFOSS_2_70GYNAAXX | 110513_HELIUM_70GYNAAXX | 2 | AEG | AEG_BF | 13/05/2011 | Indisponible | Non | Non |
| AEG_BGOSS_3_70GYNAAXX | 110513_HELIUM_70GYNAAXX | 3 | AEG | AEG_BG | 13/05/2011 | Indisponible | Non | Non |
| AEG_BHOSS_4_70GYNAAXX | 110513_HELIUM_70GYNAAXX | 4 | AEG | AEG_BH | 13/05/2011 | Indisponible | Non | Non |
| ARC_CMBAOSW_1_662YWAAXXIND5 | 130711_BISMUTH_662YWAAXX | 1 | ARC | ARC_CMBA | 11/07/2013 | Indisponible | Non | Non |
| ARD_CCCAOSW_1_662YWAAXXIND12 | 130711_BISMUTH_662YWAAXX | 1 | ARD | ARD_CCCA | 11/07/2013 | Indisponible | Non | Non |
| ARC_BFVAOSW_2_662YWAAXXIND10 | 130711_BISMUTH_662YWAAXX | 2 | ARC | ARC_BFVA | 11/07/2013 | Indisponible | Non | Non |
| ARC_BISBOSW_2_662YWAAXXIND3 | 130711_BISMUTH_662YWAAXX | 2 | ARC | ARC_BISB | 11/07/2013 | Indisponible | Non | Non |

- Choisir le nouvel état.

| Code | Run | N° Piste | Projet | Echantillon | Date Run | Etat | Valide QC ? | Valide BioInfo ? |
|------------------------------|--------------------------|----------|--------|-------------|------------|-----------------------------|-------------|------------------|
| AFR_LOSU_5_624LGAXX | 100707_AZOTE_624LGAXX | 5 | AFR | AFR_L | 07/07/2010 | Nouveau | Non | Non |
| AQF_AQOSW_8_70GYNAAXX0 | 110513_HELIUM_70GYNAAXX | 8 | AQF | AQF_AQ | 13/05/2011 | Read generation en cours | Non | Non |
| AEG_BELOSS_1_70GYNAAXX | 110513_HELIUM_70GYNAAXX | 1 | AEG | AEG_BE | 13/05/2011 | Read generation terminée | Non | Non |
| AEG_BFOSS_2_70GYNAAXX | 110513_HELIUM_70GYNAAXX | 2 | AEG | AEG_BF | 13/05/2011 | Contrôle qualité en attente | Non | Non |
| AEG_BGOSS_3_70GYNAAXX | 110513_HELIUM_70GYNAAXX | 3 | AEG | AEG_BG | 13/05/2011 | Contrôle qualité en cours | Non | Non |
| AEG_BHOSS_4_70GYNAAXX | 110513_HELIUM_70GYNAAXX | 4 | AEG | AEG_BH | 13/05/2011 | Contrôle qualité terminé | Non | Non |
| ARC_CMBAOSW_1_662YWAAXXIND5 | 130711_BISMUTH_662YWAAXX | 1 | ARC | ARC_CMBA | 11/07/2013 | Evaluation en attente | Non | Non |
| ARD_CCCAOSW_1_662YWAAXXIND12 | 130711_BISMUTH_662YWAAXX | 1 | ARD | ARD_CCCA | 11/07/2013 | Evaluation en cours | Non | Non |
| ARC_BFVAOSW_2_662YWAAXXIND10 | 130711_BISMUTH_662YWAAXX | 2 | ARC | ARC_BFVA | 11/07/2013 | Evaluation terminée | Non | Non |
| ARC_BISBOSW_2_662YWAAXXIND3 | 130711_BISMUTH_662YWAAXX | 2 | ARC | ARC_BISB | 11/07/2013 | Disponible | Non | Non |
| | | | | | | Indisponible | Non | Non |

- Enregistrer.



CHANGER L'ÉTAT D'UNE ANALYSE (POSSIBLE EN MASSE)

Pour changer l'état d'une analyse, aller dans le menu **Analyse > Changement d'état**.

- Filtrer la ou les analyses à changer d'état et les sélectionner. Cliquer sur éditer (2 endroits possibles).

| Code | Type | Code ReadSets Maîtres | Projects | Echantillons | Etat | Valid ? | Comptes Rendus |
|------------------------------|-------------------|---------------------------|----------|--------------|---------------------|---------|----------------|
| BA_BFY_ACBFOSF_1_A9YMU.IND36 | BAC pool assembly | BFY_ACBFOSF_1_A9YMU.IND36 | BFY | BFY_ACBF | Evaluation terminée | Oui | |
| BA_BFY_ACBDOSF_1_A9YMU.IND34 | BAC pool assembly | BFY_ACBDOSF_1_A9YMU.IND34 | BFY | BFY_ACBD | Evaluation terminée | Oui | |
| BA_BFY_ACBCOSF_1_A9YMU.IND33 | BAC pool assembly | BFY_ACBCOSF_1_A9YMU.IND33 | BFY | BFY_ACBC | Evaluation terminée | Oui | |
| BA_BFY_ACBAOSF_1_A9YMU.IND31 | BAC pool assembly | BFY_ACBAOSF_1_A9YMU.IND31 | BFY | BFY_ACBA | Evaluation terminée | Oui | |
| BA_BFY_ACADOSF_1_A9YMU.IND24 | BAC pool assembly | BFY_ACADOSF_1_A9YMU.IND24 | BFY | BFY_ACAD | Evaluation terminée | Oui | |
| BA_BFY_ABSIOSF_1_AA0HC.IND39 | BAC pool assembly | BFY_ABSIOSF_1_AA0HC.IND39 | BFY | BFY_ABSI | Evaluation terminée | Oui | |
| BA_BFY_ABSFOSF_1_AA0HC.IND36 | BAC pool assembly | BFY_ABSFOSF_1_AA0HC.IND36 | BFY | BFY_ABSF | Evaluation terminée | Oui | |
| BA_BFY_ABSEOSF_1_AA0HC.IND35 | BAC pool assembly | BFY_ABSEOSF_1_AA0HC.IND35 | BFY | BFY_ABSE | Evaluation terminée | Oui | |
| BA_BFY_ABSDOSF_1_AA0HC.IND34 | BAC pool assembly | BFY_ABSDOSF_1_AA0HC.IND34 | BFY | BFY_ABSD | Evaluation terminée | Oui | |
| BA_BFY_ABSCOSF_1_AA0HC.IND33 | BAC pool assembly | BFY_ABSCOSF_1_AA0HC.IND33 | BFY | BFY_ABSC | Evaluation terminée | Oui | |

- Choisir le nouvel état (bandeau du haut pour propager l'état à toutes les analyses sélectionnées).

| Code | Type | Code ReadSets Maîtres | Projects | Echantillons | Etat | Valid ? | Comptes Rendus |
|------------------------------|-------------------|---------------------------|----------|--------------|---|---------|----------------|
| BA.BFY_AADKOSF_1_A737Y.IND40 | BAC pool assembly | BFY_AADKOSF_1_A737Y.IND40 | BFY | BFY_AADK | Evaluation terminée | --- | |
| BA.BFY_AADIOSF_1_A737Y.IND39 | BAC pool assembly | BFY_AADIOSF_1_A737Y.IND39 | BFY | BFY_AADI | Evaluation terminée | --- | |
| BA.BFY_AADHOSF_1_A737Y.IND38 | BAC pool assembly | BFY_AADHOSF_1_A737Y.IND38 | BFY | BFY_AADH | Evaluation terminée | --- | |
| BA.BFY_AADGOSF_1_A737Y.IND37 | BAC pool assembly | BFY_AADGOSF_1_A737Y.IND37 | BFY | BFY_AADG | Evaluation en attente | --- | |
| BA.BFY_AADFOSF_1_A737Y.IND36 | BAC pool assembly | BFY_AADFOSF_1_A737Y.IND36 | BFY | BFY_AADF | Evaluation en attente | --- | |
| BA.BFY_AADEOSF_1_A737Y.IND35 | BAC pool assembly | BFY_AADEOSF_1_A737Y.IND35 | BFY | BFY_AADE | Evaluation en attente | --- | |
| BA.BFY_AADDOSF_1_A737Y.IND34 | BAC pool assembly | BFY_AADDOSF_1_A737Y.IND34 | BFY | BFY_AADD | Evaluation en attente | --- | |

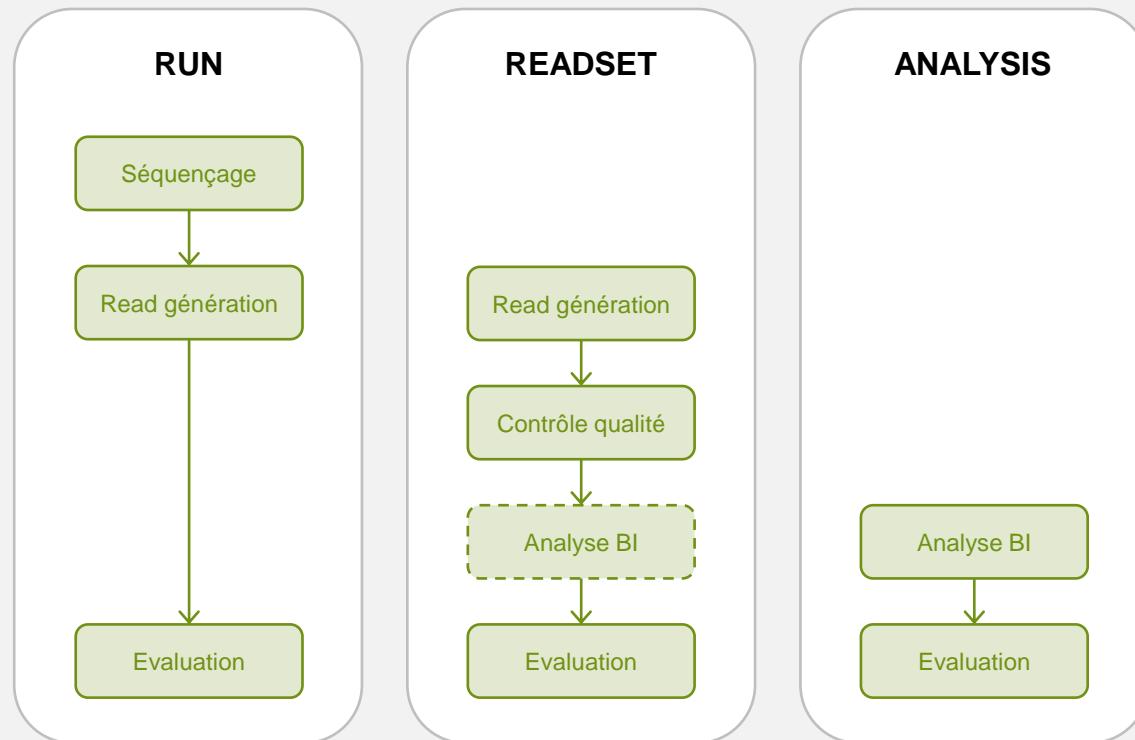
- Enregistrer.



Workflow RUN, READSET et ANALYSES



WORKFLOWS SIMPLIFIÉS

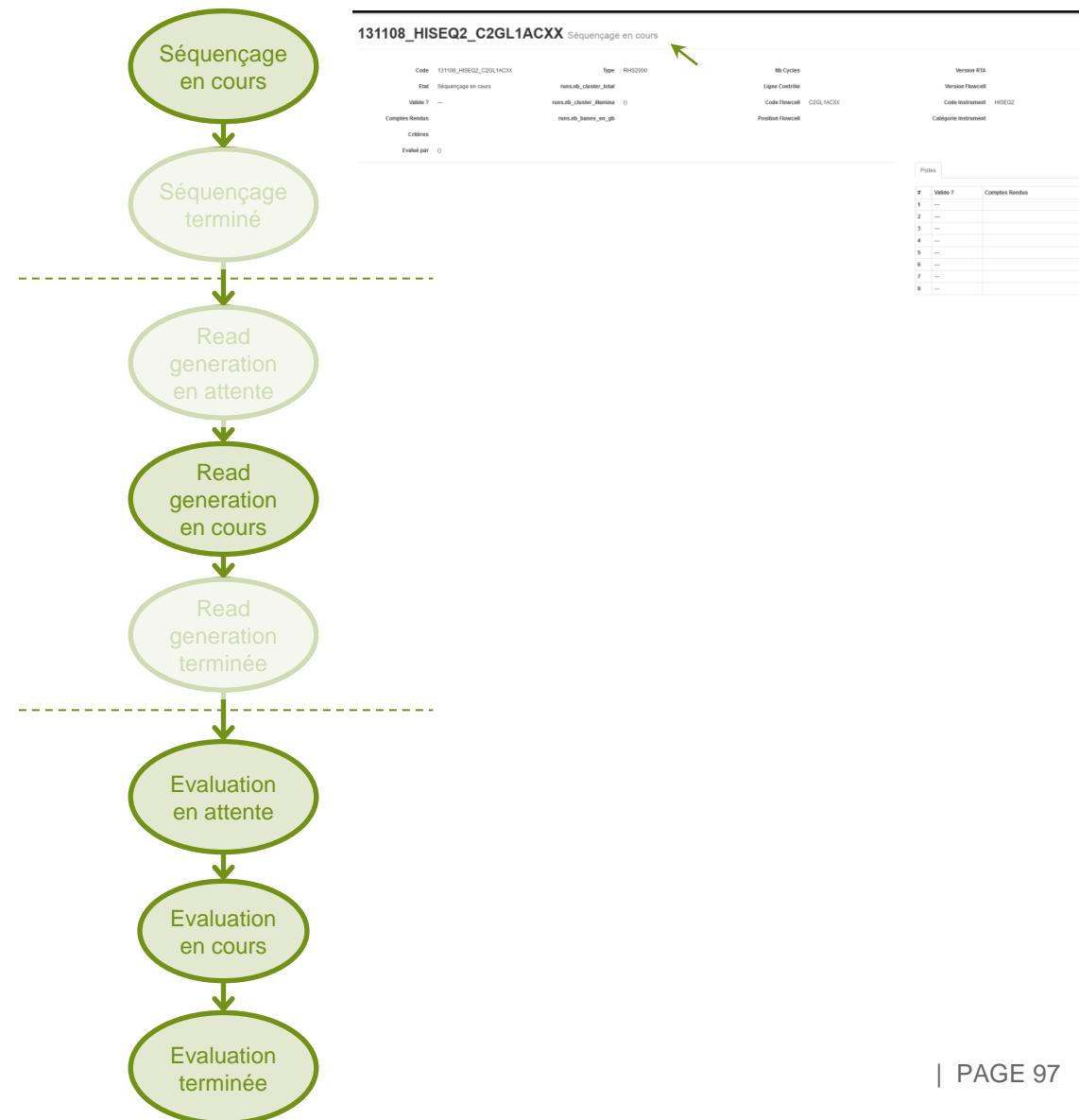


Workflow RUN et vues détaillées des interfaces



WORKFLOW RUN

1. Séquençage en cours : création automatique du run
→ interface du run visible dans NGL_BI.



1. RUN EN COURS DE SÉQUENÇAGE

NGL-BI Evaluation ▾ Runs ▾ Readsets ▾ Archives

Rechercher

131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

| Code | 131108_HISEQ2_C2GL1ACXX | Type | RHS2000 | Nb Cycles | Version RTA |
|----------------|-------------------------|-----------------------------|---------|-------------------|---------------------------|
| Etat | Séquençage en cours | Nb clusters (total) | | Ligne Contrôle | Version Flowcell |
| Validé ? | --- | Nb clusters filtrés (total) | | Code Flowcell | C2GL1ACXX |
| Comptes Rendus | | Nb bases (total) | | Position Flowcell | Code Instrument HISEQ2 |
| Critères | | | | | Type instrument HISEQ2000 |
| Évalué par | (0) | | | | |

Pistes

| # | Validé ? | Comptes Rendus |
|---|----------|----------------|
| 1 | --- | |
| 2 | --- | |
| 3 | --- | |
| 4 | --- | |
| 5 | --- | |
| 6 | --- | |
| 7 | --- | |
| 8 | --- | |

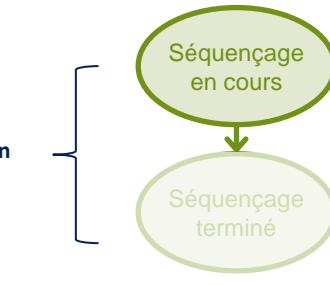
ReadSets (0)

| N° Piste | Code | % Séquences valides / piste | Nb Séquences Valides | Nb Bases | Q30 | Score Qualité Moyen | Validé Prod ? | Validé BioInfo ? |
|----------|------|-----------------------------|----------------------|----------|-----|---------------------|---------------|------------------|
|----------|------|-----------------------------|----------------------|----------|-----|---------------------|---------------|------------------|



WORKFLOW RUN

1. Séquençage en cours : création automatique du run
→ interface du run visible dans NGL_BI.
2. Import(s) SAV Summary Report en cours ou à la fin du run
→ données visualisables dans l'interface du run.
→ Paramétrable : alerting SAV



131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

| Code | | Type | RH42000 | Nb Cycles | | Version RTA | |
|----------------|----------------|----------------|--------------------------|----------------|---------------|-----------------|----------------------|
| Etat | | | runs_nb_cluster_total | Ligne Contrôle | Code FluoCell | Code Instrument | Catégorie Instrument |
| Validé ? | — | | runs_nb_cluster_terminée | | | | |
| Comptes Rendus | | | runs_nb_beacons_en_gb | | | | |
| Créées | | | | | | | |
| Evalué par | 0 | | | | | | |
| Run 1 | | | | | | | |
| Density | % Cluster FF | % Phos/Prophan | Runs (0) | Runs (0) | Cycles Err | % Error Rate | % Error Rate |
| 56.00 | 88.80 | 0.110 / 0.171 | 285.880 | 229.980 | 81.900 | 100 | 5.40 +/- 0.10 |
| 75.00 | 84.20 | 0.140 / 0.181 | 208.160 | 193.580 | 83.400 | 100 | 0.70 +/- 0.07 |
| 75.00 | 84.20 | 0.110 / 0.172 | 273.040 | 228.280 | 88.900 | 100 | 1.30 +/- 0.20 |
| 70.00 | 93.80 | 0.114 / 0.182 | 184.720 | 183.800 | 94.200 | 100 | 0.80 +/- 0.06 |
| 84.00 | 92.80 | 0.124 / 0.185 | 158.580 | 148.25 | 95.700 | 100 | 0.90 +/- 0.06 |
| 59.00 | 94.70 | 0.110 / 0.187 | 180.460 | 175.050 | 93.900 | 100 | 0.90 +/- 0.06 |
| 87.00 | 92.80 | 0.110 / 0.179 | 180.460 | 175.050 | 93.900 | 100 | 0.90 +/- 0.06 |
| 100.00 | 92.80 +/- 0.02 | 0.125 / 0.181 | 155.440 | 146.740 | 95.400 | 100 | 1.30 +/- 0.08 |
| 58.00 | 91.00 | 0.110 / 0.187 | 175.850 | 164.580 | 94.800 | 100 | 1.00 +/- 0.10 |
| 63.00 | 93.80 | 0.110 / 0.182 | 175.850 | 164.580 | 94.800 | 100 | 0.80 +/- 0.05 |
| Run 2 | | | | | | | |
| Density | % Cluster FF | % Phos/Prophan | Runs (0) | Runs (0) | Cycles Err | % Error Rate | % Error Rate |
| 56.00 | 88.80 | 0.110 / 0.181 | 285.880 | 229.980 | 78.100 | 100 | 5.40 +/- 0.10 |
| 75.00 | 84.20 | 0.110 / 0.181 | 208.160 | 193.580 | 83.700 | 100 | 0.70 +/- 0.07 |
| 75.00 | 84.20 | 0.110 / 0.187 | 273.040 | 228.280 | 88.900 | 100 | 1.30 +/- 0.20 |
| 70.00 | 93.80 | 0.114 / 0.182 | 184.720 | 183.800 | 91.100 | 100 | 0.80 +/- 0.06 |
| 84.00 | 92.80 | 0.124 / 0.185 | 158.580 | 148.25 | 95.700 | 100 | 0.90 +/- 0.06 |
| 59.00 | 94.70 | 0.110 / 0.187 | 180.460 | 175.050 | 93.900 | 100 | 0.90 +/- 0.06 |
| 87.00 | 92.80 | 0.110 / 0.179 | 180.460 | 175.050 | 93.900 | 100 | 0.90 +/- 0.06 |
| 100.00 | 92.80 +/- 0.02 | 0.125 / 0.181 | 155.440 | 146.740 | 95.400 | 100 | 1.30 +/- 0.08 |
| 58.00 | 91.00 | 0.110 / 0.187 | 175.850 | 164.580 | 94.800 | 100 | 1.00 +/- 0.10 |
| 63.00 | 93.80 | 0.110 / 0.182 | 175.850 | 164.580 | 94.800 | 100 | 0.80 +/- 0.05 |
| Run 3 | | | | | | | |
| Density | % Cluster FF | % Phos/Prophan | Runs (0) | Runs (0) | Cycles Err | % Error Rate | % Error Rate |
| 56.00 | 88.80 | 0.110 / 0.171 | 285.880 | 229.980 | 78.100 | 100 | 5.40 +/- 0.10 |
| 75.00 | 84.20 | 0.140 / 0.181 | 208.160 | 193.580 | 83.700 | 100 | 0.70 +/- 0.07 |
| 75.00 | 84.20 | 0.110 / 0.172 | 273.040 | 228.280 | 88.900 | 100 | 1.30 +/- 0.20 |
| 70.00 | 93.80 | 0.114 / 0.182 | 184.720 | 183.800 | 91.100 | 100 | 0.80 +/- 0.06 |
| 84.00 | 92.80 | 0.124 / 0.185 | 158.580 | 148.25 | 95.700 | 100 | 0.90 +/- 0.06 |
| 59.00 | 94.70 | 0.110 / 0.187 | 180.460 | 175.050 | 93.900 | 100 | 0.90 +/- 0.06 |
| 87.00 | 92.80 | 0.110 / 0.179 | 180.460 | 175.050 | 93.900 | 100 | 0.90 +/- 0.06 |
| 100.00 | 92.80 +/- 0.02 | 0.125 / 0.181 | 155.440 | 146.740 | 95.400 | 100 | 1.30 +/- 0.08 |
| 58.00 | 91.00 | 0.110 / 0.187 | 175.850 | 164.580 | 94.800 | 100 | 1.00 +/- 0.10 |
| 63.00 | 93.80 | 0.110 / 0.182 | 175.850 | 164.580 | 94.800 | 100 | 0.80 +/- 0.05 |



2. DONNÉES SAV ET ALERTING

121203_HISEQ7_D1DAGACXX Séquençage en cours

| Code | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | Type | RHS2000 | Nb Cycles | 101 | Version RTA | 1.13.48 | | | | | | | | | | | |
|----------------|------------------------------|----------------------------|-----------------|-------------------|--------------|----------------------|--------------------|----------------|---------------|-----------------------|-----------------------|------------------------|---------------------|----------------------|---------|--|--|--|
| Etat | Séquençage en cours | Nb Clusters (total) | 1,217,697,789 | Ligne Contrôle | 1 | Version Flowcell | HiSeq Flow Cell v3 | | | | | | | | | | | |
| Valide ? | -- | % Clusters filt. (moyenne) | 93.93 | Code Flowcell | D1DAGACXX | Code Instrument | HISEQ7 | | | | | | | | | | | |
| Comptes Rendus | | Nb Bases (total) | 1,143,757,649 | Position Flowcell | A | Catégorie Instrument | | | | | | | | | | | | |
| Critères | | runs.nbBase | 239,045,348,641 | | | | | | | | | | | | | | | |
| Evalué par | 0 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Sav | | | | | | Pistes | | | | | | | | | | | | |
| Read 1 | | | | | | # | Valide ? | Comptes Rendus | | | | | | | | | | |
| # | Density (K/mm ²) | % Cluster PF | % Phas/Prephas | Reads (M) | Reads PF (M) | % >= Q30 | Cycles Err Rated | % Alignement | % Error Rate | % Error Rate Cycle 35 | % Error Rate Cycle 75 | % Error Rate Cycle 100 | Intensity Cycle 1 | % Intensity Cycle 20 | Alertes | | | |
| 1 | 1,033.00 +/- 56.00 | 80.60 +/- 8.60 | 0.152 / 0.171 | 285.600 | 229.590 | 86.900 | 100 | 0.40 +/- 0.10 | 0.43 +/- 0.22 | 0.25 +/- 0.21 | 0.34 +/- 0.26 | 0.43 +/- 0.22 | 5,154.00 +/- 247.00 | 79.90 +/- 1.40 | | | | |
| 2 | 756.00 +/- 75.00 | 92.70 +/- 1.60 | 0.149 / 0.181 | 209.100 | 193.560 | 93.400 | 100 | 0.70 +/- 0.00 | 0.27 +/- 0.06 | 0.14 +/- 0.07 | 0.20 +/- 0.06 | 0.27 +/- 0.06 | 5,594.00 +/- 234.00 | 81.00 +/- 1.10 | | | | |
| 3 | 988.00 +/- 63.00 | 84.20 +/- 6.60 | 0.150 / 0.172 | 273.040 | 229.290 | 88.600 | 100 | 1.30 +/- 0.20 | 0.35 +/- 0.11 | 0.23 +/- 0.19 | 0.27 +/- 0.12 | 0.35 +/- 0.11 | 5,135.00 +/- 259.00 | 79.80 +/- 1.20 | | | | |
| 4 | 704.00 +/- 84.00 | 93.00 +/- 1.60 | 0.134 / 0.182 | 194.720 | 180.850 | 94.300 | 100 | 0.80 +/- 0.10 | 0.27 +/- 0.06 | 0.14 +/- 0.08 | 0.20 +/- 0.06 | 0.27 +/- 0.06 | 5,450.00 +/- 272.00 | 83.50 +/- 1.10 | | | | |
| 5 | 566.00 +/- 63.00 | 94.70 +/- 0.80 | 0.134 / 0.185 | 156.590 | 148.25 | 95.700 | 100 | 0.80 +/- 0.00 | 0.25 +/- 0.06 | 0.14 +/- 0.08 | 0.18 +/- 0.06 | 0.25 +/- 0.06 | 5,585.00 +/- 229.00 | 83.90 +/- 1.10 | | | | |
| 6 | 689.00 +/- 67.00 | 92.60 +/- 1.60 | 0.121 / 0.179 | 190.460 | 176.050 | 93.900 | 100 | 0.80 +/- 0.00 | 0.25 +/- 0.07 | 0.15 +/- 0.11 | 0.19 +/- 0.07 | 0.25 +/- 0.07 | 4,410.00 +/- 195.00 | 82.60 +/- 1.20 | | | | |
| 7 | 562.00 +/- 58.00 | 94.50 +/- 1.10 | 0.125 / 0.181 | 155.440 | 146.740 | 95.400 | 100 | 1.30 +/- 0.00 | 0.26 +/- 0.13 | 0.14 +/- 0.08 | 0.19 +/- 0.12 | 0.26 +/- 0.13 | 4,523.00 +/- 189.00 | 83.00 +/- 1.30 | | | | |
| 8 | 636.00 +/- 82.00 | 93.80 +/- 1.50 | 0.133 / 0.182 | 175.850 | 164.590 | 94.800 | 100 | 1.00 +/- 0.10 | 0.26 +/- 0.05 | 0.14 +/- 0.07 | 0.19 +/- 0.05 | 0.26 +/- 0.05 | 5,400.00 +/- 186.00 | 84.00 +/- 1.30 | | | | |
| Read 2 | | | | | | | | | | | | | | | Alertes | | | |
| # | Density (K/mm ²) | % Cluster PF | % Phas/Prephas | Reads (M) | Reads PF (M) | % >= Q30 | Cycles Err Rated | % Alignement | % Error Rate | % Error Rate Cycle 35 | % Error Rate Cycle 75 | % Error Rate Cycle 100 | Intensity Cycle 1 | % Intensity Cycle 20 | Alertes | | | |
| 1 | 1,033.00 +/- 56.00 | 80.60 +/- 8.60 | 0.191 / 0.186 | 285.600 | 229.590 | 78.100 | 100 | 0.40 +/- 0.10 | 0.90 +/- 0.68 | 0.54 +/- 0.55 | 0.77 +/- 0.65 | 0.90 +/- 0.68 | 4,598.00 +/- 587.00 | 80.50 +/- 1.30 | | | | |
| 2 | 756.00 +/- 75.00 | 92.70 +/- 1.60 | 0.191 / 0.195 | 209.100 | 193.560 | 90.700 | 100 | 0.70 +/- 0.10 | 0.43 +/- 0.05 | 0.17 +/- 0.03 | 0.33 +/- 0.05 | 0.43 +/- 0.05 | 5,130.00 +/- 330.00 | 81.00 +/- 0.90 | | | | |
| 3 | 988.00 +/- 63.00 | 84.20 +/- 6.60 | 0.195 / 0.187 | 273.040 | 229.290 | 83.400 | 100 | 1.20 +/- 0.20 | 0.67 +/- 0.28 | 0.35 +/- 0.26 | 0.54 +/- 0.29 | 0.67 +/- 0.28 | 4,658.00 +/- 600.00 | 80.70 +/- 1.00 | | | | |



PROCÉDURE D'IMPORT DES DONNÉES SAV

- Sur séquenceur, SAV (Illumina Sequencing Analysis Viewer) > Copy to clipboard

Séquenceur Illumina Viewer 3.1.11 | MERCURE_MERCURE_C4VN4ACXX

Run Folder: U:\MERCURE\131205_MERCURE_C598ACXX

| Analysis | Imaging | Summary | Flowcell | Yield | Cycles | Reads | Indexing |
|------------|---------|---------|----------|-------|-------------|-------|----------|
| | | | | % | % | % | |
| Read 1 (J) | 8.3 | 0.0 | 0.0 | 0.0 | 0.0 | 0.0 | |
| Read 2 | 105.5 | 0.0 | 0.0 | 0.55 | 0.02 (0.00) | 0.0 | 0.0 |
| Total | 105.3 | 0.0 | 0.0 | 0.56 | 76.7 | 0.0 | 0.0 |

Read 1

| Lane | Title | Density (Bases/m²) | Cluster PF (%) | Phosphoresc. | Reads (M) | Reads PF (M) | % > Q20 | Yield (M) | Cycles | Reads | Aligned (%) |
|-------|-------|--------------------|----------------|---------------|-----------|--------------|---------|-----------|--------|-------|-------------|
| 1 | 96 | 732 +/- 64 | 91.97 +/- 1.36 | 0.240 / 0.162 | 202.31 | 105.78 | 90.1 | 16.0 | 100 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 2 | 96 | 744 +/- 100 | 92.96 +/- 0.90 | 0.240 / 0.162 | 205.57 | 106.49 | 92.9 | 17.0 | 100 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 3 | 96 | 817 +/- 80 | 91.97 +/- 1.23 | 0.198 / 0.146 | 223.95 | 106.21 | 91.3 | 26.5 | 100 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 4 (C) | 96 | 955 +/- 80 | 90.90 +/- 1.37 | 0.177 / 0.146 | 236.41 | 210.91 | 91.1 | 21.0 | 100 | 0.0 | 0.5 +/- 0.1 |
| 5 | 96 | 723 +/- 64 | 93.36 +/- 1.77 | 0.170 / 0.122 | 199.99 | 106.31 | 93.4 | 16.0 | 100 | 0.0 | 0.7 +/- 0.1 |
| 6 | 96 | 687 +/- 87 | 93.74 +/- 1.49 | 0.177 / 0.132 | 190.04 | 177.77 | 93.8 | 17.0 | 100 | 0.0 | 0.4 +/- 0.1 |
| 7 | 96 | 949 +/- 86 | 94.86 +/- 1.58 | 0.195 / 0.157 | 234.80 | 196.45 | 90.3 | 18.0 | 100 | 0.0 | 0.5 +/- 0.1 |
| 8 | 96 | 824 +/- 100 | 93.36 +/- 1.34 | 0.207 / 0.162 | 227.93 | 206.79 | 90.8 | 26.1 | 100 | 0.0 | 0.5 +/- 0.1 |

Read 2 (I)

| Lane | Title | Density (Bases/m²) | Cluster PF (%) | Phosphoresc. | Reads (M) | Reads PF (M) | % > Q20 | Yield (M) | Cycles | Reads | Aligned (%) |
|-------|-------|--------------------|----------------|---------------|-----------|--------------|---------|-----------|--------|-------|-------------|
| 1 | 96 | 732 +/- 64 | 91.97 +/- 1.36 | 0.000 / 0.000 | 202.31 | 105.78 | 52.7 | 1.1 | 0 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 2 | 96 | 744 +/- 100 | 92.96 +/- 0.90 | 0.000 / 0.000 | 205.57 | 106.49 | 52.8 | 1.1 | 0 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 3 | 96 | 817 +/- 80 | 91.97 +/- 1.23 | 0.000 / 0.000 | 223.95 | 106.21 | 52.7 | 0.0 | 0 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 4 (C) | 96 | 955 +/- 80 | 90.90 +/- 1.37 | 0.000 / 0.000 | 236.41 | 210.91 | 49.3 | 1.0 | 0 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 5 | 96 | 723 +/- 64 | 93.36 +/- 1.77 | 0.000 / 0.000 | 199.99 | 106.31 | 47.7 | 1.0 | 0 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 6 | 96 | 687 +/- 87 | 93.74 +/- 1.49 | 0.000 / 0.000 | 190.04 | 177.77 | 48.5 | 1.1 | 0 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 7 | 96 | 949 +/- 86 | 94.86 +/- 1.58 | 0.000 / 0.000 | 234.80 | 196.45 | 43.9 | 1.2 | 0 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 8 | 96 | 824 +/- 100 | 93.36 +/- 1.34 | 0.000 / 0.000 | 227.93 | 206.79 | 48.9 | 1.2 | 0 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |

Read 3 (K)

| Lane | Title | Density (Bases/m²) | Cluster PF (%) | Phosphoresc. | Reads (M) | Reads PF (M) | % > Q20 | Yield (M) | Cycles | Reads | Aligned (%) |
|-------|-------|--------------------|----------------|---------------|-----------|--------------|---------|-----------|--------|-------|-------------|
| 1 | 96 | 732 +/- 64 | 91.97 +/- 1.36 | 0.187 / 0.110 | 202.31 | 105.78 | 52.8 | 1.1 | 0 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 2 | 96 | 744 +/- 100 | 92.96 +/- 0.90 | 0.140 / 0.130 | 205.57 | 106.49 | 52.9 | 1.1 | 0 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 3 | 96 | 817 +/- 80 | 91.97 +/- 1.23 | 0.189 / 0.146 | 223.95 | 106.21 | 52.7 | 0.0 | 0 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 4 (C) | 96 | 955 +/- 80 | 90.90 +/- 1.37 | 0.177 / 0.146 | 236.41 | 210.91 | 52.3 | 0.0 | 0 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 5 | 96 | 723 +/- 64 | 93.36 +/- 1.77 | 0.170 / 0.122 | 199.99 | 106.31 | 52.1 | 0.0 | 0 | 0.0 | 0.0 +/- 0.0 |
| 6 | 96 | 687 +/- 87 | 93.74 +/- 1.49 | 0.129 / 0.132 | 190.04 | 177.77 | 50.5 | 1.0 | 0 | 0.0 | 0.7 +/- 0.1 |
| 7 | 96 | 949 +/- 86 | 94.86 +/- 1.58 | 0.140 / 0.155 | 234.80 | 196.45 | 50.4 | 1.0 | 0 | 0.0 | 0.5 +/- 0.1 |
| 8 | 96 | 824 +/- 100 | 93.36 +/- 1.34 | 0.162 / 0.154 | 227.93 | 206.79 | 50.8 | 1.0 | 0 | 0.0 | 0.5 +/- 0.1 |

Copy to Clipboard... Generate IVC Plots...

- Aller dans le répertoire du séquenceur, dans le dossier IMPORT_SAV : on y trouve un fichier CSV vide du nom du run. L'ouvrir.
- Copier/coller dans ce fichier le summary report et enregistrer sous > CSV (séparateur point virgule).

seq3 (\nfs12.seq.local) (R:) ▶ MERCURE ▶ IMPORT_SAV

| Nom | Modifié le | Type |
|--------------------------------|------------------|-------------|
| 141106_MERCURE_0272_BC4VNPACXX | 06/11/2014 14:30 | Fichier CSV |

- L'import se fait automatiquement dans NGL-BI.

141029_HISEQ5_C4VN4ACXX Séquençage en cours

| Code | Type | Run ID | No Cycles | Ligne Contrôle |
|---------------------------------|---------|--------|-----------|---------------------------------------|
| 141029_HISEQ5_C4VN4ACXX | RH12100 | | | Code Froid: C4VN4ACXX |
| Etat: Démarquer en cours | | | | % Cycles Rm (moyenne) |
| Valeu: ? | | | | No Cycles Rm (total) |
| Complex Rm | | | | Position Froid |
| Critères | | | | No Bases (total) |
| Evalué par: script (05/11/2014) | | | | Version RTA |
| | | | | Version Froid |
| | | | | A consigner: <input type="checkbox"/> |
| | | | | Supprimer: <input type="checkbox"/> |

Détails évaluation

| Run 1 |
|--|
| # Density (Bases/m²) % Cluster Phosphoresc. % Processing Reads (M) Read PF (M) % > Q20 Cycles Err % Cycles Err % Alignment % Error Rate Cycle 35 % Error Rate Cycle 75 % Error Rate Cycle 1 % Intensity Cycle 20 % |
| 1 96 732 +/- 64 91.97 +/- 1.36 0.240 / 0.162 202.31 105.78 90.1 16.0 100 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 2 96 744 +/- 100 92.96 +/- 0.90 0.240 / 0.162 205.57 106.49 92.9 1.1 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 3 96 817 +/- 80 91.97 +/- 1.23 0.198 / 0.146 223.95 106.21 92.7 0.0 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 4 (C) 96 955 +/- 80 90.90 +/- 1.37 0.177 / 0.146 236.41 210.91 91.1 21.0 100 0.5 +/- 0.1 |
| 5 96 723 +/- 64 93.36 +/- 1.77 0.170 / 0.122 199.99 106.31 93.4 16.0 100 0.7 +/- 0.1 |
| 6 96 687 +/- 87 93.74 +/- 1.49 0.129 / 0.132 190.04 177.77 93.8 17.0 100 0.8 +/- 0.1 |
| 7 96 949 +/- 86 94.86 +/- 1.58 0.140 / 0.155 234.80 196.45 90.4 1.0 100 0.5 +/- 0.1 |
| 8 96 824 +/- 100 93.36 +/- 1.34 0.162 / 0.154 227.93 206.79 90.8 1.0 100 0.5 +/- 0.1 |

Read 2

| Run 2 |
|--|
| # Density (Bases/m²) % Cluster Phosphoresc. % Processing Reads (M) Read PF (M) % > Q20 Cycles Err % Cycles Err % Alignment % Error Rate Cycle 35 % Error Rate Cycle 75 % Error Rate Cycle 1 % Intensity Cycle 20 % |
| 1 96 732 +/- 64 91.97 +/- 1.36 0.000 / 0.000 202.31 105.78 52.7 1.1 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 2 96 744 +/- 100 92.96 +/- 0.90 0.000 / 0.000 205.57 106.49 52.8 1.1 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 3 96 817 +/- 80 91.97 +/- 1.23 0.000 / 0.000 223.95 106.21 52.7 0.0 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 4 (C) 96 955 +/- 80 90.90 +/- 1.37 0.000 / 0.000 236.41 210.91 49.3 1.0 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 5 96 723 +/- 64 93.36 +/- 1.77 0.000 / 0.000 199.99 106.31 47.7 1.0 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 6 96 687 +/- 87 93.74 +/- 1.49 0.000 / 0.000 190.04 177.77 48.5 1.1 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 7 96 949 +/- 86 94.86 +/- 1.58 0.000 / 0.000 234.80 196.45 43.9 1.2 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 8 96 824 +/- 100 93.36 +/- 1.34 0.000 / 0.000 227.93 206.79 48.9 1.2 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |

Read 3

| Run 3 |
|--|
| # Density (Bases/m²) % Cluster Phosphoresc. % Processing Reads (M) Read PF (M) % > Q20 Cycles Err % Cycles Err % Alignment % Error Rate Cycle 35 % Error Rate Cycle 75 % Error Rate Cycle 1 % Intensity Cycle 20 % |
| 1 96 732 +/- 64 91.97 +/- 1.36 0.187 / 0.110 202.31 105.78 52.8 1.1 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 2 96 744 +/- 100 92.96 +/- 0.90 0.140 / 0.130 205.57 106.49 52.9 1.1 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 3 96 817 +/- 80 91.97 +/- 1.23 0.189 / 0.146 223.95 106.21 52.7 0.0 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 4 (C) 96 955 +/- 80 90.90 +/- 1.37 0.177 / 0.146 236.41 210.91 52.3 0.0 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 5 96 723 +/- 64 93.36 +/- 1.77 0.170 / 0.122 199.99 106.31 52.1 0.0 0 0.0 0.0 +/- 0.0 |
| 6 96 687 +/- 87 93.74 +/- 1.49 0.129 / 0.132 190.04 177.77 50.5 1.0 0 0.0 0.7 +/- 0.1 |
| 7 96 949 +/- 86 94.86 +/- 1.58 0.140 / 0.155 234.80 196.45 50.4 1.0 0 0.0 0.5 +/- 0.1 |
| 8 96 824 +/- 100 93.36 +/- 1.34 0.162 / 0.154 227.93 206.79 50.8 1.0 0 0.0 0.5 +/- 0.1 |

- [disponible au CNG] Génération automatique d'alertes sur les données importées en cours de séquençage :
- Alertes envoyées par mail ;
- Sur la base de seuils (BAD/FLAG) définis au préalable ;
- Règles vérifiées à chaque import de summary report ;
- Notifications visibles dans l'interface du run, au niveau des lanes.

STRUCTURE DU MAIL D'ALERTE SAV

ALERTING SAV - Run 121023_HISEQ10_C177JACXX - Message (HTML)

Fichier **Message**

Ignorer Supprimer Répondre Répondre à tous Transférer Plus Actions rapides Déplacer Règles OneNote Marquer comme non lu Assurer un suivi Traduire Rechercher Associer Sélectionner Modification Zoom

De : garnier@cng.fr ; ...
 À : garnier@cng.fr ; ...
 Cc :
 Objet : ALERTING SAV - Run 121023_HISEQ10_C177JACXX

Date : mer. 18/12/2013 14:22

Tri par RUN → Run 121023_HISEQ10_C177JACXX

Tri par READ → • read1

N° des lanes et cyclesErrRated →

Visualisation des données SAV [BAD] et [FLAG]

| Lane | BAD | FLAG |
|-------------------------------|---|---|
| Number=2 cyclesErrRated=99 | <ul style="list-style-type: none"> ◦ clusterDensity=1100 ◦ clusterPFPerc=61.0 | <ul style="list-style-type: none"> ◦ phasing=0.55 ◦ prephasing=0.57 ◦ errorRatePerc=0.73 |
| Number=7 cyclesErrRated=99 | <ul style="list-style-type: none"> ◦ greaterQ30Perc=70.0 | |
| Number=8 cyclesErrRated=99 | | <ul style="list-style-type: none"> ◦ % aligned=0.3 |

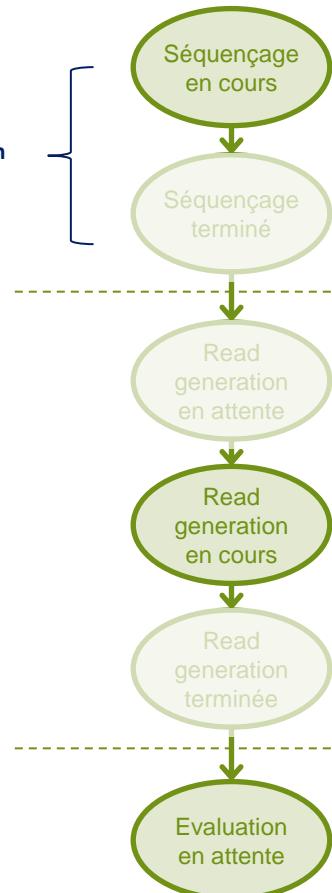
• read2

| Lane | BAD | FLAG |
|-------------------------------|---|---|
| Number=1 cyclesErrRated=99 | <ul style="list-style-type: none"> ◦ errorRatePercCycle35=1.1 | <ul style="list-style-type: none"> ◦ errorRatePercCycle35=0.9 |
| Number=2 cyclesErrRated=99 | <ul style="list-style-type: none"> ◦ clusterDensity=1100 ◦ clusterPFPerc=61.0 | <ul style="list-style-type: none"> ◦ phasing=0.33 ◦ prephasing=0.42 ◦ errorRatePerc=0.91 |
| Number=7 cyclesErrRated=99 | <ul style="list-style-type: none"> ◦ greaterQ30Perc=55.0 | |
| Number=8 cyclesErrRated=99 | | <ul style="list-style-type: none"> ◦ % aligned=0.3 |



WORKFLOW RUN

1. Séquençage en cours : création automatique du run
→ interface du run visible dans NGL_BI.
2. Import(s) SAV Summary Report en cours ou à la fin du run
→ données visualisables dans l'interface du run.
3. Transfert terminé → données d'NGS_RG importées dans NGL_BI et visibles dans l'interface du run.
4. Passage automatique à « Evaluation en attente ».



131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

| # | Validé ? | Comptes Rendus |
|---|----------|----------------|
| 1 | — | |
| 2 | — | |
| 3 | — | |
| 4 | — | |
| 5 | — | |
| 6 | — | |
| 7 | — | |
| 8 | — | |

131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

| Code | Type | Etat | Nb Cycles | Ligne Contrôle | Version RTA |
|-------------------------|---------|-------------------------|-----------|----------------|-------------|
| 131108_HISEQ2_C2GL1ACXX | RH42000 | Séquençage en cours | 0 | C2GL1ACXX | HISEQ2 |
| | | rms_nb_cluster_total | | | |
| | | rms_nb_cluster_terminée | 0 | | |
| | | rms_nb_bases_en_gb | | | |
| | | | | | |

131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

| Créées | Évalué par |
|--------|------------|
| | |

131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

| # | Validé ? | Comptes Rendus |
|---|----------|----------------|
| 1 | — | |
| 2 | — | |
| 3 | — | |
| 4 | — | |
| 5 | — | |
| 6 | — | |
| 7 | — | |
| 8 | — | |

121107_HISEQ1_D094VACXX Évaluation en attente

| # | Validé ? | Comptes Rendus |
|---|----------|----------------|
| 1 | — | |
| 2 | — | |
| 3 | — | |
| 4 | — | |
| 5 | — | |
| 6 | — | |
| 7 | — | |
| 8 | — | |

121107_HISEQ1_D094VACXX Évaluation en attente

| Code | Type | Etat | Nb Cycles | Ligne Contrôle | Version RTA |
|-------------------------|---------|-------------------------|-----------------------|----------------|-------------|
| 121107_HISEQ1_D094VACXX | RH42000 | Évaluation en attente | 51 | D094VACXX | HISEQ1 |
| | | rms_nb_cluster_total | 1,280,047,824 | | |
| | | rms_nb_cluster_terminée | 1,174,422,554 (91,75) | | |
| | | rms_nb_bases_en_gb | 68,119,829,712 | | |
| | | | | | |

121107_HISEQ1_D094VACXX Évaluation en attente

| Créées | Évalué par |
|--------|--------------------|
| | pattern(2/11/2013) |

121107_HISEQ1_D094VACXX Évaluation en attente

| # | Validé ? | Comptes Rendus |
|---|----------|----------------|
| 1 | — | |
| 2 | — | |
| 3 | — | |
| 4 | — | |
| 5 | — | |
| 6 | — | |
| 7 | — | |
| 8 | — | |



3. TRANSFERT TERMINÉ | 4. ÉVALUATION EN ATTENTE

NGL-BI Evaluation ▾ Runs ▾ Readsets ▾ Archives

Runs à Evaluer

121107_HISEQ1_D094VACXX Evaluation en attente

Sauvegarder Annuler

| | | | | | | | | |
|---|-------------------------|-----------------------------|-------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|--|--------------------------------------|---------|
| Code | 121107_HISEQ1_D094VACXX | Type | RHS2000 | Nb Cycles | 51 | Version RTA | 1.13.48 | |
| Etat | Evaluation en attente | Nb clusters (total) | 1,280,047,824 | Ligne Contrôle | 8 | Version Flowcell | HiSeq Flow Cell v3 | |
| Validé ? | - | Nb clusters filtrés (total) | 1,174,462,564 (91.75) | Code Flowcell | D094VACXX | Code Instrument | HISEQ1 | |
| Comptes Rendus | | Nb bases (total) | 68,110,828,712 | Position Flowcell | B | Catégorie Instrument | | |
| Critères | | | | | | | | |
| Évalué par galbini (21/11/2013) | | | | | | | | |
| <input type="button" value="ngsrg"/> <input type="button" value="sav"/> | | | | | | | | |
| # | Nb Cycles | Nb Clusters | % Clusters Filtrés (illumina) | Nb Cluster Filtrés (illumina) | % Séquences Filtrées (interne) | Nb Séquences (filtre illumina + interne) | Nb Bases (filtre illumina + interne) | % Perte |
| 1 | 51,0 | 134,586,023 | 94.96 | 127,800,396 | 98.65 | 126,080,079 | 6,430,084,029 | |
| 2 | 51,0 | 163,569,830 | 93.47 | 152,891,412 | 99.24 | 151,727,191 | 7,738,086,741 | |
| 3 | 51,0 | 178,101,407 | 92.28 | 164,357,623 | 97.58 | 160,374,386 | 8,179,093,686 | |
| 4 | 51,0 | 147,531,752 | 88.31 | 130,287,593 | 99.02 | 129,010,590 | 6,579,540,090 | |
| 5 | 51,0 | 170,135,954 | 92.01 | 156,542,724 | 99.32 | 155,484,614 | 7,929,715,314 | |
| 6 | 51,0 | 158,386,268 | 89.34 | 141,501,489 | 99.25 | 140,436,044 | 7,162,238,244 | |
| 7 | 51,0 | 180,379,018 | 90.12 | 162,556,744 | 99.33 | 161,461,951 | 8,234,559,501 | |
| 8 | 51,0 | 147,357,572 | 94.01 | 138,524,583 | 1.52 | 2,100,387 | 107,119,737 | |

Pistes

| | | |
|---|----------|----------------|
| # | Validé ? | Comptes Rendus |
| 1 | - | |
| 3 | - | |
| 4 | - | |
| 5 | - | |
| 6 | - | |
| 7 | - | |
| 8 | - | |

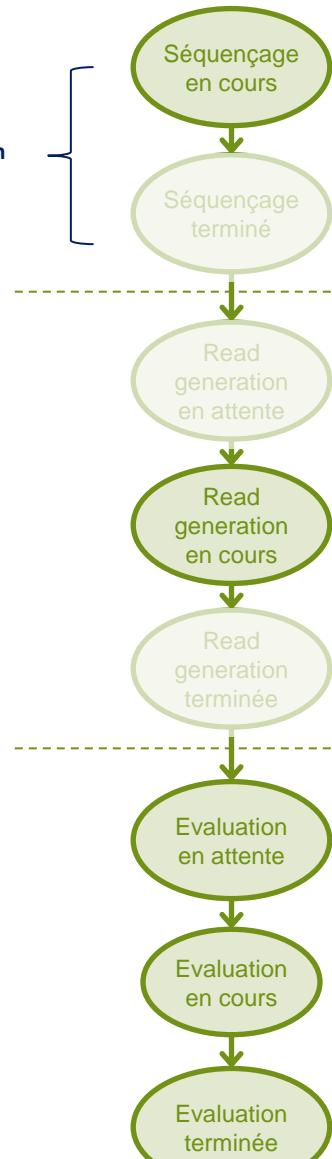
ReadSets (10)

| N° Piste | Code | % Séquences valides / piste | Nb Séquences Valides | Nb Bases | Q30 | Score Qualité Moyen | Validé Prod ? | Validé BioInfo ? |
|----------|---------------------------------|-----------------------------|----------------------|----------------|-------|---------------------|---------------|------------------|
| 1 | E421_CB_B00EPKR_1_D1DAGACXXIND2 | 37 | 66,141,643 | 13,360,611,886 | 92.7 | 36.15 | --- | --- |
| 1 | E421_CB_B00EUIT_1_D1DAGACXXIND4 | 38 | 66,712,820 | 13,475,989,640 | 92.81 | 36.2 | --- | --- |
| 1 | E421_CB_B00EUJ1_1_D1DAGACXXIND5 | 22 | 39,157,090 | 7,909,732,180 | 92.88 | 36.21 | --- | --- |
| 2 | E410_FA_B00EP3N_2_D1DAGACXXIND5 | 93 | 133,223,439 | 26,911,134,678 | 90.73 | 35.47 | --- | --- |
| 3 | E410_FA_B00PLS_3_D1DAGACXXIND5 | 92 | 124,226,220 | 25,093,696,440 | 90.58 | 35.43 | --- | --- |
| 4 | E410_FA_B00FP3_4_D1DAGACXXIND5 | 93 | 124,118,098 | 25,071,855,796 | 90.22 | 35.31 | --- | --- |
| 5 | E410_FA_B00FP4_5_D1DAGACXXIND5 | 93 | 138,916,918 | 28,061,217,436 | 89.66 | 35.18 | --- | --- |
| 6 | E410_FA_B00FP5_6_D1DAGACXXIND5 | 92 | 147,023,056 | 29,698,657,312 | 89.51 | 35.1 | --- | --- |
| 7 | E410_FA_B00FP6_7_D1DAGACXXIND5 | 93 | 128,230,516 | 25,902,564,232 | 90.72 | 35.45 | --- | --- |
| 8 | E410_FA_B00FPF_8_D1DAGACXXIND6 | 83 | 79,975,130 | 16,154,976,260 | 92.6 | 36.03 | --- | --- |

PAGE 104

WORKFLOW RUN

1. Séquençage en cours : création automatique du run
→ interface du run visible dans NGL_BI.
 2. Import(s) SAV Summary Report en cours ou à la fin du run
→ données visualisables dans l'interface du run.
 3. Transfert terminé → données d'NGS_RG importées dans NGL_BI et visibles dans l'interface du run.
 4. Passage automatique à « Evaluation en attente ».
 5. Evaluation du run (et lanes)
 6. Un run entièrement évalué (i.e. RUN + toutes les LANES) passe automatiquement à « évaluation terminée ».



(écrans pris sur différents runs)

131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

121107 HISEQ1 D094VACXX Evaluation en att

| Code | 121117_HESQ01_0004AC0X | Type | RHE2000 | Nb Cycles | 51 | Version RTA | 1.13.48 |
|-----------------|----------------------------------|-------------------------------|------------------------------|---------------------------------|-----------------------------------|-----------------------------------|----------------------|
| Etat | Evaluation en attente | | | Ligne Contrôle | B | Version Firmware | HESQ01 |
| Date | 7/10/2017 | | | Code Hesq | D094AC0X | Code Instrument | HESQ01 |
| Complexé Rendus | | | | Position Rendus | B | Position Rendus | Categorie Instrument |
| Critères | | | | | | | |
| Evolutif par | groupe (21/10/2013) | | | | | | |
| Nombre | | | | | | | |
| # | Nb Séquences Filtrées (Biomasse) | % Clusters Filtrés (Biomasse) | Nb Cluster Filtrés (Biomass) | % Séquences Filtrées (Internes) | Nb Séquences (Biomass + Internes) | Nb Séquences (Biomass + Internes) | % Partie |
| 1 | 134,583,023 ± 0.95 | 88.65 | 127,800,296 | 88.65 | 128,080,079 | 84,430,084,029 | |
| 2 | 133,599,830 ± 0.47 | 99.24 | 129,281,412 | 99.24 | 131,727,191 | 77,036,985,741 | |
| 3 | 133,599,830 ± 0.47 | 99.24 | 129,281,412 | 99.24 | 131,727,191 | 77,036,985,741 | |
| 4 | 147,311,752 ± 0.31 | 100.02 | 130,267,993 | 100.02 | 130,915,580 | 87,579,540,009 | |
| 5 | 170,135,854 ± 0.21 | 100.32 | 156,542,724 | 100.32 | 155,484,614 | 73,879,710,314 | |
| 6 | 170,135,854 ± 0.21 | 100.32 | 156,542,724 | 100.32 | 155,484,614 | 73,879,710,314 | |
| 7 | 170,135,854 ± 0.21 | 100.32 | 156,542,724 | 100.32 | 155,484,614 | 73,879,710,314 | |

121203_HISEQ7_D1DAGACXX Evaluation terminée

| Code | Type | Nb-Cycles | Version RTA |
|-------------------------|----------------------|----------------------|----------------------|
| 121203_HSEQ07_D/DAGAC00 | HSEQ2000 | 101 | 1.13.40 |
| Etat | | Ligne Contrôle | Version Flossel |
| Evaluation terminée | | 1 | HSEQ[Row Cell.v2] |
| Compte Rendus | | Code Flossel | Instrument |
| res01 | rnm_ab_cluster_total | 1.217.997.789 | HSEQ07 |
| res02 | rnm_ab_cluster_mean | 1.143.757.549 (0.93) | |
| res03 | rnm_ab_bseen_mg_ip | 230.045.548.541 | |
| Critères | | Position Flossel | Catégorie Instrument |
| Low | | A | |
| Evalué par | (par 15/01/2013) | | |

6. EVALUATION TERMINÉE

NGL-BI Evaluation▼ Runs▼ Readsets▼ Archives

Runs à Évaluer 121203_HISEQ7_D1DAGACXX Evaluation terminée Sauvegarder Annuler

Sauvegarde réussie.

| Code | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | Type | RHS2000 | Nb Cycles | 101 | Version RTA | 1.13.48 |
|----------------|-------------------------|--------------------------|-----------------------|-------------------|-----------|----------------------|--------------------|
| Etat | Evaluation terminée | runs.nb_cluster_total | 1,217,697,789 | Ligne Contrôle | 1 | Version Flowcell | HiSeq Flow Cell v3 |
| Validé ? | Oui | runs.nb_cluster_illumina | 1,143,757,649 (93.93) | Code Flowcell | D1DAGACXX | Code Instrument | HISEQ7 |
| Comptes Rendus | reso1, reso2, reso3 | runs.nb_bases_en_gb | 239,045,348,641 | Position Flowcell | A | Catégorie Instrument | |
| Critères | Low | | | | | | |
| Evalué par | jguy (10/12/2013) | | | | | | |

ngsrg sav

| # | Nb Cycles | Nb Clusters | % Clusters Filtrés (illumina) | Nb Cluster Filtrés (illumina) | % Séquences Filtrées (interne) | Nb Séquences (filtre illumina + interne) | Nb Bases (filtre illumina + interne) | % Perte |
|---|-----------|-------------|-------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|--|--------------------------------------|---------|
| 1 | 101,101 | 189,116,299 | 93.4 | 176,641,897 | 99.26 | 175,327,073 | 35,416,068,746 | 3 |
| 2 | 101,101 | 153,970,984 | 93.99 | 144,714,120 | 98.99 | 143,245,849 | 28,935,661,498 | 7 |
| 3 | 101,101 | 147,022,449 | 94.36 | 138,725,497 | 96.36 | 133,673,081 | 27,001,962,362 | 8 |
| 4 | 101,101 | 143,428,210 | 94.28 | 135,228,393 | 98.63 | 133,376,759 | 26,942,105,318 | 7 |
| 5 | 101,101 | 161,139,741 | 93.65 | 150,911,677 | 98.8 | 149,102,517 | 30,118,708,434 | 7 |
| 6 | 101,101 | 172,322,696 | 93.12 | 160,466,218 | 98.95 | 158,786,308 | 32,074,834,216 | 8 |
| 7 | 101,101 | 148,274,740 | 94.05 | 139,458,662 | 98.79 | 137,768,267 | 27,829,189,934 | 7 |
| 8 | 101,101 | 102,422,670 | 95.3 | 97,611,185 | 97.81 | 95,476,421 | 19,286,237,042 | 17 |

Pistes

| # | Validé ? | Comptes Rendus |
|---|----------|----------------|
| 1 | Oui | |
| 2 | Non | reso1, reso3 |
| 3 | Oui | |
| 4 | Oui | |
| 5 | Oui | reso2 |
| 6 | Oui | |
| 7 | Oui | |
| 8 | Oui | |

| N° Piste | Code | % Séquences valides / piste | Nb Séquences Valides | Nb Bases | Q30 | Score Qualité Moyen | Validé Prod ? | Validé BioInfo ? |
|----------|----------------------------------|-----------------------------|----------------------|----------------|-------|---------------------|---------------|------------------|
| 1 | E421_CB_B00EPPR_1_D1DAGACXX.IND2 | 37 | 66,141,643 | 13,360,611,886 | 92.7 | 36.15 | --- | --- |
| 1 | E421_CB_B00EUIT_1_D1DAGACXX.IND4 | 38 | 66,712,820 | 13,475,989,640 | 92.81 | 36.2 | --- | --- |
| 1 | E421_CB_B00EUJ_1_D1DAGACXX.IND5 | 22 | 39,157,090 | 7,909,732,180 | 92.88 | 36.21 | --- | --- |
| 2 | E410_FA_B00EP3N_2_D1DAGACXX.IND5 | 93 | 133,223,439 | 26,911,134,678 | 90.73 | 35.47 | --- | --- |
| 3 | E410_FA_B00FPLS_3_D1DAGACXX.IND5 | 92 | 124,226,220 | 25,093,696,440 | 90.58 | 35.43 | --- | --- |
| 4 | E410_FA_B00FPMS_4_D1DAGACXX.IND5 | 93 | 124,118,098 | 25,071,855,796 | 90.22 | 35.31 | --- | --- |
| 5 | E410_FA_B00FPMS_5_D1DAGACXX.IND5 | 93 | 138,916,918 | 28,061,217,436 | 89.66 | 35.18 | --- | --- |
| 6 | E410_FA_B00FPMS_6_D1DAGACXX.IND5 | 92 | 147,023,056 | 29,698,657,312 | 89.51 | 35.1 | --- | --- |
| 7 | E410_FA_B00FPMS_7_D1DAGACXX.IND5 | 93 | 128,230,516 | 25,902,564,232 | 90.72 | 35.45 | --- | --- |
| 8 | E410_FA_B00FPMS_8_D1DAGACXX.IND6 | 83 | 79,975,130 | 16,154,976,260 | 92.6 | 36.03 | --- | --- |

| PAGE 106

WORKFLOW RUN

(écrans pris sur différents runs)

1. Séquençage en cours : création automatique du run
→ interface du run visible dans NGL_BI.

2. Import(s) SAV Summary Report en cours ou à la fin du run
→ données visualisables dans l'interface du run.

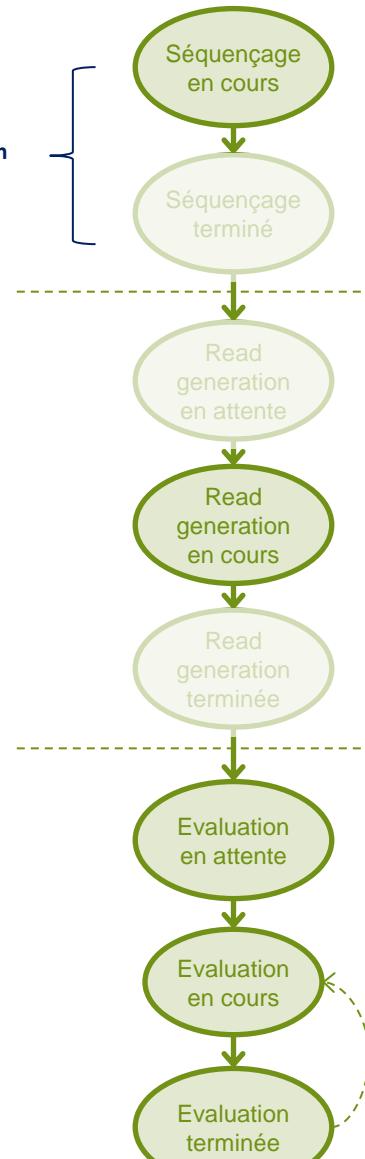
3. Transfert terminé → données d'NGS_RG importées dans NGL_BI et visibles dans l'interface du run.

4. Passage automatique à « Evaluation en attente ».

5. Evaluation du run (et lanes)

6. Un run entièrement évalué (i.e. RUN + toutes les LANES) passe automatiquement à « évaluation terminée ».

Rq : Un run à « évaluation terminée » repasse automatiquement à « évaluation en cours » si l'on remet à « - » une des évaluations (run ou lanes).



131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

| Code | 131108_HISEQ2_C2GL1ACXX | Type | RH52000 | Nb Cycles | Ligne Contrôle | Version RTA |
|----------------|-------------------------|------------------------|---------|--------------|-----------------|----------------------|
| Etat | Séquençage en cours | runs_nb_cluster_total | 0 | Runs | Code Floucell | Version Floucell |
| Validé ? | — | runs_nb_cluster_Bureau | 0 | % | Code Instrument | Catégorie Instrument |
| Comptes Rendus | | runs_nb_bureau_gb | | | | |
| Critères | | Evalué par | 0 | | | |
| Read 1 | | | | | | |
| Acc | | Acc | | | | |
| Intensity | Intensity (kmv2) | % Cluster | PF | Phas/Préphas | Runs | Runs % |
| 0.790 00 +/- | 0.33 00 +/- | 0.134 1 162 | 0.181 | 194,720 | 180,850 | 94,200 100 |
| 75.00 | 75.00 | 194,720 | 180,850 | 94,200 100 | 0.80 +/- 0.15 | 0.27 +/- 0.08 |
| 75.00 +/- | 0.148 0 181 | 219,150 | 193,400 | 93,400 100 | 0.78 +/- 0.08 | 0.24 +/- 0.08 |
| 75.00 | 1.60 | | | | 0.06 | |
| 3 160 +/- | 84.29 +/- | 273,172 | 239,230 | 88,000 100 | 1.30 +/- 0.20 | 0.32 +/- 0.10 |
| 75.00 | 1.60 | | | | 0.27 +/- 0.12 | 0.35 +/- 0.11 |
| 70.94 +/- | 93.30 +/- | 194,720 | 180,850 | 94,300 100 | 0.80 +/- 0.15 | 0.18 +/- 0.08 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.07 | |
| 84.00 | 84.79 +/- | 156,550 | 140,700 | 95,700 100 | 0.89 +/- 0.05 | 0.26 +/- 0.06 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.14 +/- 0.05 | 0.25 +/- 0.06 |
| 88.00 +/- | 92.64 +/- | 180,450 | 176,070 | 93,800 100 | 0.84 +/- 0.05 | 0.21 +/- 0.07 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.10 +/- 0.11 | 0.18 +/- 0.07 |
| 85.00 +/- | 94.50 +/- | 125 1 181 | 124,440 | 145,740 | 100 | 1.30 +/- 0.05 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.21 +/- 0.06 | 0.18 +/- 0.12 |
| 84.00 +/- | 93.30 +/- | 175,850 | 164,500 | 94,800 100 | 1.00 +/- 0.10 | 0.14 +/- 0.07 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.26 +/- 0.05 | 0.16 +/- 0.05 |
| 82.00 | | | | | 0.05 | |
| Read 2 | | | | | | |
| Acc | | | | | | |
| Intensity | Intensity (kmv2) | % Cluster | PF | Phas/Préphas | Runs | Runs % |
| 0.790 00 +/- | 0.33 00 +/- | 0.134 1 162 | 0.181 | 194,720 | 180,850 | 94,300 100 |
| 75.00 | 75.00 | 194,720 | 180,850 | 94,300 100 | 0.80 +/- 0.15 | 0.27 +/- 0.08 |
| 75.00 | 1.60 | | | | 0.06 | |
| 3 160 +/- | 84.29 +/- | 273,172 | 239,230 | 88,000 100 | 1.30 +/- 0.20 | 0.32 +/- 0.10 |
| 75.00 | 1.60 | | | | 0.27 +/- 0.12 | 0.35 +/- 0.11 |
| 70.94 +/- | 93.30 +/- | 194,720 | 180,850 | 94,300 100 | 0.80 +/- 0.15 | 0.18 +/- 0.08 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.07 | |
| 84.00 | 84.79 +/- | 156,550 | 140,700 | 95,700 100 | 0.89 +/- 0.05 | 0.26 +/- 0.06 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.14 +/- 0.05 | 0.25 +/- 0.06 |
| 88.00 +/- | 92.64 +/- | 180,450 | 176,070 | 93,800 100 | 0.84 +/- 0.05 | 0.21 +/- 0.07 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.10 +/- 0.11 | 0.18 +/- 0.07 |
| 85.00 +/- | 94.50 +/- | 125 1 181 | 124,440 | 145,740 | 100 | 1.30 +/- 0.05 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.21 +/- 0.06 | 0.18 +/- 0.12 |
| 84.00 +/- | 93.30 +/- | 175,850 | 164,500 | 94,800 100 | 1.00 +/- 0.10 | 0.14 +/- 0.07 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.26 +/- 0.05 | 0.16 +/- 0.05 |
| 82.00 | | | | | 0.05 | |
| Read 3 | | | | | | |
| Acc | | | | | | |
| Intensity | Intensity (kmv2) | % Cluster | PF | Phas/Préphas | Runs | Runs % |
| 0.790 00 +/- | 0.33 00 +/- | 0.134 1 162 | 0.181 | 194,720 | 180,850 | 94,300 100 |
| 75.00 | 75.00 | 194,720 | 180,850 | 94,300 100 | 0.80 +/- 0.15 | 0.27 +/- 0.08 |
| 75.00 | 1.60 | | | | 0.06 | |
| 3 160 +/- | 84.29 +/- | 273,172 | 239,230 | 88,000 100 | 1.30 +/- 0.20 | 0.32 +/- 0.10 |
| 75.00 | 1.60 | | | | 0.27 +/- 0.12 | 0.35 +/- 0.11 |
| 70.94 +/- | 93.30 +/- | 194,720 | 180,850 | 94,300 100 | 0.80 +/- 0.15 | 0.18 +/- 0.08 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.07 | |
| 84.00 | 84.79 +/- | 156,550 | 140,700 | 95,700 100 | 0.89 +/- 0.05 | 0.26 +/- 0.06 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.14 +/- 0.05 | 0.25 +/- 0.06 |
| 88.00 +/- | 92.64 +/- | 180,450 | 176,070 | 93,800 100 | 0.84 +/- 0.05 | 0.21 +/- 0.07 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.10 +/- 0.11 | 0.18 +/- 0.07 |
| 85.00 +/- | 94.50 +/- | 125 1 181 | 124,440 | 145,740 | 100 | 1.30 +/- 0.05 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.21 +/- 0.06 | 0.18 +/- 0.12 |
| 84.00 +/- | 93.30 +/- | 175,850 | 164,500 | 94,800 100 | 1.00 +/- 0.10 | 0.14 +/- 0.07 |
| 84.00 | 1.60 | | | | 0.26 +/- 0.05 | 0.16 +/- 0.05 |
| 82.00 | | | | | 0.05 | |

121107_HISEQ1_D094VACXX Évaluation en attente

| Code | 121107_HISEQ1_D094VACXX | Type | RH52000 | Nb Cycles | Ligne Contrôle | Version RTA |
|----------------|-------------------------|------------------------|-----------------------|--------------|-----------------|----------------------|
| Etat | Évaluation en attente | runs_nb_cluster_total | 1,280,472,624 | Runs | Code Floucell | Version Floucell |
| Validé ? | — | runs_nb_cluster_Bureau | 1,174,402,554 (91.7%) | % | Code Instrument | Catégorie Instrument |
| Comptes Rendus | | runs_nb_bureau_gb | 68,118,529,712 | | | |
| Critères | | Evalué par | patom (2/11/2013) | | | |
| Read 1 | | | | | | |
| Acc | | | | | | |
| Intensity | Intensity (kmv2) | % Cluster | PF | Phas/Préphas | Runs | Runs % |
| 0.110 00 +/- | 0.100 00 +/- | 124,595,023 | 94,450 | | 127,835,398 | 96,450 |
| 1 110 | 110,101 | 153,713,789 | 93,4 | | 152,881,412 | 99,24 |
| 1 110 | 110,101 | 172,220,832 | 92,28 | | 164,357,623 | 97,58 |
| 1 110 | 110,101 | 147,531,752 | 88,21 | | 130,287,593 | 99,02 |
| 1 110 | 110,101 | 175,125,854 | 92,61 | | 155,542,724 | 99,32 |
| 1 110 | 110,101 | 161,129,281 | 93,68 | | 160,911,077 | 98,84 |
| 1 110 | 110,101 | 148,747,474 | 84,05 | | 130,456,162 | 97,99 |
| 1 110 | 110,101 | 182,422,679 | 95,3 | | 181,495,421 | 97,81 |
| 1 110 | 110,101 | 181,129,289 | 93,4 | | 180,511,387 | 97,26 |
| 1 110 | 110,101 | 172,220,832 | 93,12 | | 166,495,218 | 98,95 |
| 1 110 | 110,101 | 147,531,752 | 84,05 | | 130,456,162 | 97,99 |
| 1 110 | 110,101 | 175,125,854 | 92,61 | | 155,542,724 | 99,32 |
| 1 110 | 110,101 | 161,129,281 | 93,68 | | 160,911,077 | 98,84 |
| 1 110 | 110,101 | 148,747,474 | 84,05 | | 130,456,162 | 97,99 |
| 1 110 | 110,101 | 182,422,679 | 95,3 | | 181,495,421 | 97,81 |

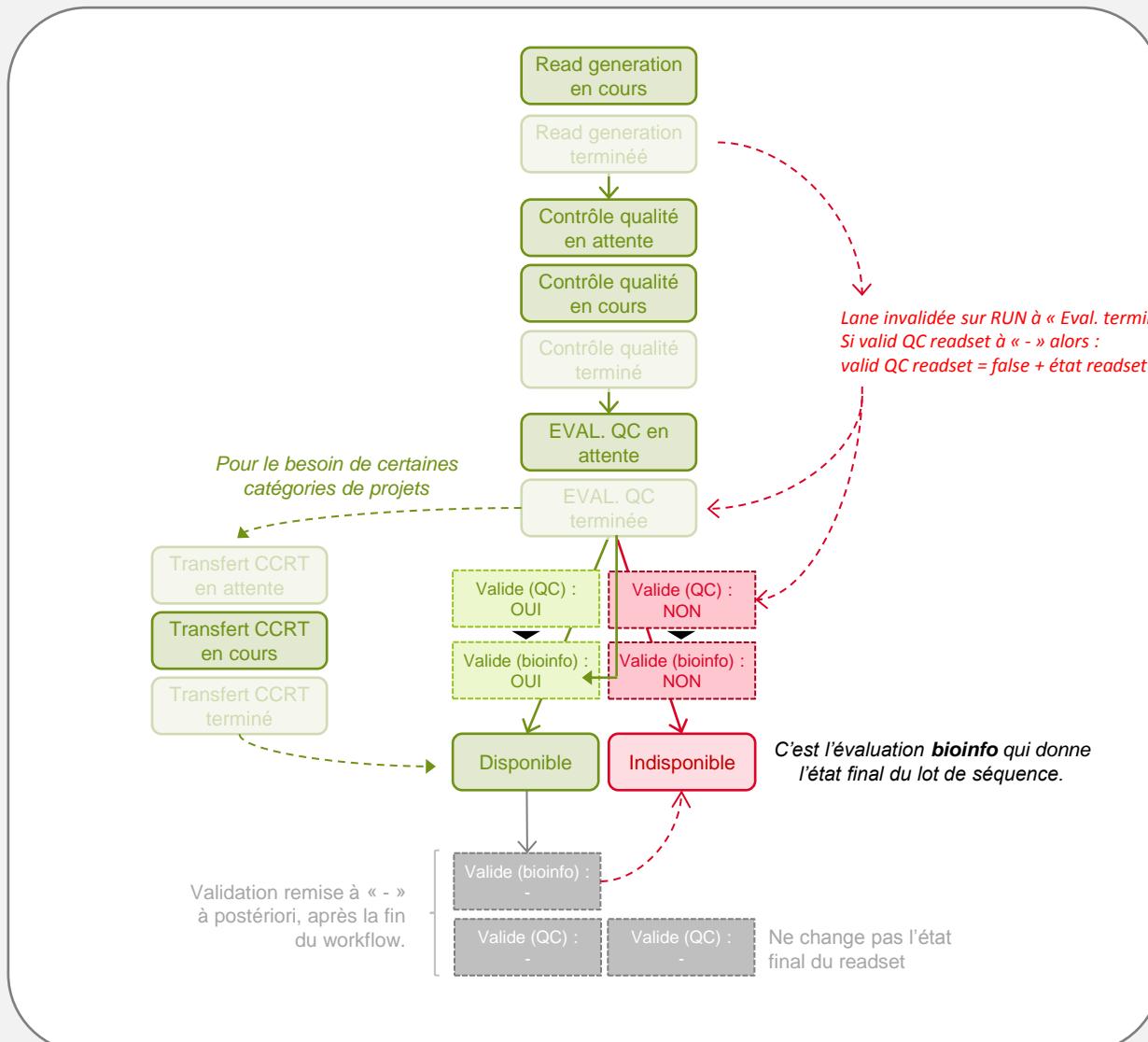
121203_HISEQ7_D1DAGACXX Évaluation terminée

| Code | 121203_HISEQ7_D1DAGACXX | Type | RH52000 | Nb Cycles | Ligne Contrôle | Version RTA |
|----------------|-------------------------|------------------------|------------------------|--------------|-----------------|----------------------|
| Etat | Évaluation terminée | runs_nb_cluster_total | 1,217,887,788 | Runs | Code Floucell | Version Floucell |
| Validé ? | Oui | runs_nb_cluster_Bureau | 1,143,757,649 (93,93%) | % | Code Instrument | Catégorie Instrument |
| Comptes Rendus | | runs_nb_bureau_gb | 238,045,348,641 | | | |
| Critères | | Evalué par | (patom 2/12/2013) | | | |
| Read 1 | | | | | | |
| Acc | | | | | | |
| Intensity | Intensity (kmv2) | % Cluster | PF | Phas/Préphas | Runs | Runs % |
| 0.101 00 +/- | 0.100 00 +/- | 181,129,289 | 93,4 | | 180,511,387 | 97,81 |
| 2 101 | 101,101 | 153,713,789 | 93,99 | | 144,714,120 | 98,99 |
| 2 101 | 101,101 | 147,224,434 | 94,36 | | 132,725,407 | 99,36 |
| 2 101 | 101,101 | 172,220,832 | 93,12 | | 166,495,218 | 98,95 |
| 2 101 | 101,101 | 147,531,752 | 84,05 | | 130,456,162 | 97,99 |
| 2 101 | 101,101 | 148,747,474 | 84,05 | | 130,456,162 | 97,99 |
| 2 101 | 101,101 | 182,422,679 | 95,3 | | 181,495,421 | 97,81 |
| 2 101 | 101,101 | 181,129,289 | 93,4 | | 180,511,387 | 97,81 |
| 2 101 | 101,101 | 172,220,832 | 93,12 | | 166,495,218 | 98,95 |
| 2 101 | 101,101 | 147,531,752 | 84,05 | | 130,456,162 | 97,99 |
| 2 101 | 101,101 | 148,747,474 | 84,05 | | 130,456,162 | 97,99 |
| 2 101 | 101,101 | 182,422,679 | 95,3 | | 181,495,421 | 97,81 |

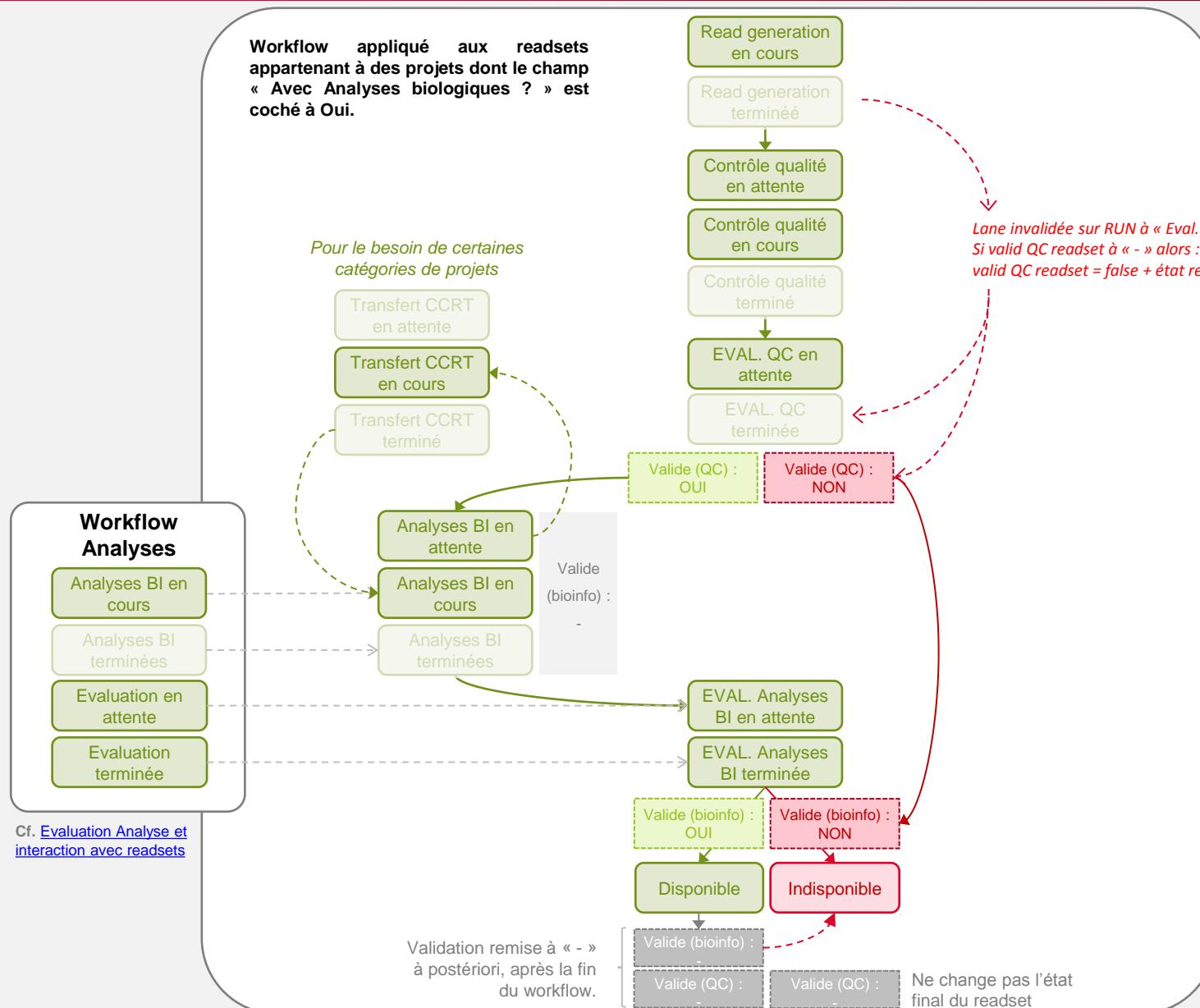
Workflow READSET



WORKFLOW READSET « CLASSIQUE »



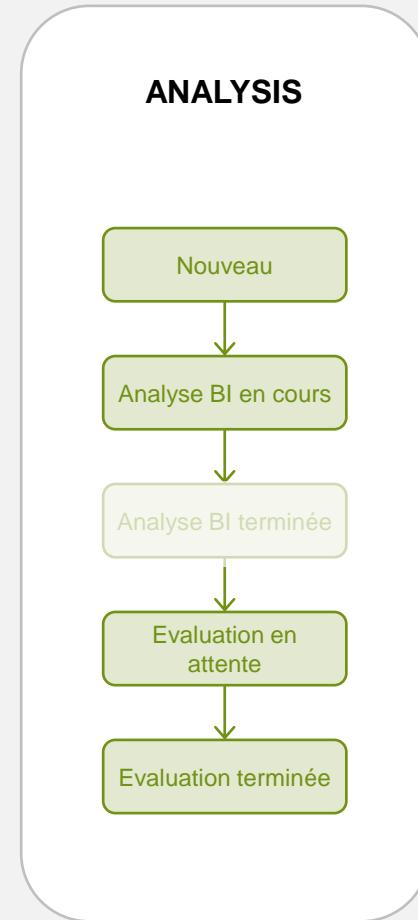
WORKFLOW READSET AVEC ANALYSES BIOLOGIQUES



Workflow ANALYSE



WORKFLOW ANALYSE



ANNEXES



LEXIQUE

- **Analyse** : objet créé à partir d'un ou plusieurs readsets, sur lequel des traitements peuvent être effectués, exemple : analyses blé.
Pour certains projets, le contrôle qualité « classique » n'est pas suffisant pour évaluer (éval. bioinfo) les readsets. Sur ces projets, tagués au préalable comme devant comporter des analyses biologiques, vont être générées des « analyses », effectuées à partir d'un ou plusieurs readsets.
- **Configuration (de reporting)** : format de tableau donné, avec des colonnes supplémentaires par rapport au tableau par défaut, *exemples : configuration blé, configuration tara, configuration Analyse Blé.*
- **Critères d'évaluation** : « protocole » utilisé pour l'évaluation d'un run, d'un readset ou d'une analyse, *exemples : critères run RHS2000 2x100, critère readsets blé PE masse...* Les documents ValuationCriteria enregistrés dans la base listent l'ensemble des statistiques à tester avec leurs seuils limites et permettent d'afficher des highlights.
- **FC** : abréviation de Flowcell.
- **Highlight** : mise en couleur de la cellule d'une statistique au moment où un critère d'évaluation est sélectionné, *exemple : vert (OK) si < X%, orange (warning) si entre X et Y%, rouge (BAD) si >Y%,* à condition que la statistique soit listée dans un document ValuationCriteria avec une règle de comparaison par rapport à un ou plusieurs seuils limites. Une fois le critère d'évaluation enregistré, l'highlight reste visible à tout moment.
- **Lane** : piste d'une flowcell.
- **NGL_BI** = NGL_Bio-Informatique : gestion des analyses primaires de Bio-Informatique. Interfaces de suivi et d'évaluation des runs, readsets et analyses ; visualisation des statistiques issues des pipelines ngs-rg, ngs-qc et ngs-ba.
- **Readset** = lot de séquence ; correspond à un sample ayant subi une prep. de banque, déposé sur une piste avec un index donné (ou non indexé).
- **Résolution** : correspond à un compte-rendu (d'abandon ou non ; peut être informatif) à notifier au niveau du run, de la lane, du readset ou de l'analyse.
- **Run** : expérience de séquençage sur N cycles (*ex : de 50 cycles à 2x300 cycles*), qui correspond à 1 flowcell, SR (*1 read de n cycles*) ou PE (*2 reads de n cycles*), déposée sur un séquenceur et générant des readsets.
- **Traitement (NGL)** : un traitement bio-informatique génère des statistiques qui sont importées dans NGL_BI au niveau du run, des lanes, des readsets ou analyses ; il existe plusieurs catégories de traitements : séquençage / transfert / qualité / analyse biologique ; exemples :
 - **SAV** (*cat. séquençage*) : ce traitement permet d'importer les statistiques en cours de séquençage (ou à la fin) à partir du logiciel SAV (Sequencing Analysis Viewer) présent sur les séquenceurs ;
 - **NGS-RG** (*cat. transfert*) : correspond au transfert et démultiplexage ;
 - **Read Quality** (*cat. qualité*) : analyse qualité des readsets en terme de distribution nucléotides, taille des lectures, contamination adaptateurs...
 - **Assembly** (*cat. ba*) : statistiques d'assemblage effectué sur une analyse.
- **Workflow** : enchaînement des états pris par un run, readset ou analyse (*workflows différents qui peuvent interagir entre eux*) ; les états s'enchaînent automatiquement selon des règles métier définies ; certains changements manuels sont toutefois possibles.



CRITÈRES D'ÉVALUATION DÉFINISSANT LES HIGHLIGHTS

[Lien html \(= nom du document\)](#) actif en mode diaporama : cliquer sur le lien => ouverture d'une page Alfresco => visualiser dans le navigateur ou télécharger le document.

➤ RUN :

- [CNS_Highlight_RUN.xlsx \(NGS-RG et SAV\)](#) : regroupe les **ValuationCriteria** suivants :
 - RHS2000 2x101
 - RHS2500 2x101
 - RHS2500R 2x101 ; RHS2500R 2x151 ; RHS2500R 2x251
 - MISEQ 2x101 ; MISEQ 2x151 ; MISEQ 2x251 ; MISEQ 2x301
- [CNG_critère évaluation_highlight_run.xlsx](#) : regroupe les **ValuationCriteria** suivants :
 - RHS2000 2x101
 - RHS2500 2x101

➤ READSET :

- [CNS_Highlight_READSET_masse_blé.xlsx](#) : regroupe les **ValuationCriteria** suivants :
 - critères éval. blé MP masse
 - critères éval. blé PE masse
- [CNS_ValuationCriteria_RNAseq.xlsx](#)
- [CNS_ValuationCriteria_PhylloAlps.xlsx](#)
- CNS_ValuationCriteria_BII_BIK

➤ ANALYSE :

- [CNS_Highlight_ANALYSES_blé.xlsx](#) : regroupe les **ValuationCriteria** suivants :
 - critères éval. Analyse blé



REPORTING CONFIGURATION

Lien html (= nom du document) actif en mode diaporama : cliquer sur le lien => ouverture d'une page Alfresco => visualiser dans le navigateur ou télécharger le document.

➤ REPORTING CONFIGURATION :

- [CNS - Config report_readsets_tara.xlsx](#)
- [CNS - Config report_readsets_blé.xlsx](#)
- [Config report_readsets_RNAseq.xlsx](#)
- [Config report_readsets_PhylloAlps.xlsx](#)
- [CNS - Config report_analyses_blé.xlsx](#)



COLONNES SUPPLÉMENTAIRES ET COMPORTEMENT SI LA FONCTIONNALITÉ « GROUPE » DU TABLEAU EST UTILISÉE

Lien html (= nom du document) actif en mode diaporama : cliquer sur le lien => ouverture d'une page Alfresco => visualiser dans le navigateur ou télécharger le document.

➤ Colonnes supplémentaires :

- [Liste des statistiques_mode reporting_mode graphique.xlsx](#) : regroupe l'ensemble des propriétés disponibles dans « Colonnes supplémentaires » et le comportement (Somme, moyenne, ...) à adopter lors de l'utilisation de la fonctionnalité GROUPE dans le tableau résultat.

| Filtres | Filtres supplémentaires | Colonnes supplémentaires | | |
|--|--|---|---|---|
| <input type="checkbox"/> Type Run | <input type="checkbox"/> Nb Bases | <input type="checkbox"/> % Duplicates R2 | <input type="checkbox"/> % Chloroplast | <input type="checkbox"/> % Merged reads |
| <input type="checkbox"/> Ref. collaborateur | <input type="checkbox"/> Couverture (Nb Bases/Taille échantillon) | <input type="checkbox"/> % Duplicates Pairs | <input type="checkbox"/> % Mitochondri | <input type="checkbox"/> Median size of merged reads (bases) |
| <input type="checkbox"/> Type d'échantillon | <input type="checkbox"/> Nb Séquences utiles | <input type="checkbox"/> % Reads trim. R1 | <input type="checkbox"/> % Triticum aestivum + triticeae + triticum | <input type="checkbox"/> Average size of merged reads (bases) |
| <input type="checkbox"/> Taille échantillon (bases) | <input type="checkbox"/> Nb Bases utiles | <input type="checkbox"/> % Reads trim. R2 | <input type="checkbox"/> % Fungi | <input type="checkbox"/> % FR (PE) aligned reads |
| <input type="checkbox"/> Type Processus Banque (code) | <input type="checkbox"/> Couverture utile (Nb Bases utiles/Taille échantillon) | <input type="checkbox"/> Stored Pairs ap. trimming | <input type="checkbox"/> % Unknown::No hits | <input type="checkbox"/> Estimated PE insert size |
| <input type="checkbox"/> Type Processus Banque (label) | <input type="checkbox"/> % Déposé | <input type="checkbox"/> % Removed Reads (E. coli) | <input type="checkbox"/> % rRNA R1 | <input type="checkbox"/> % RF (MP) aligned reads |
| <input type="checkbox"/> % >= Q30 | <input type="checkbox"/> Fraction de run | <input type="checkbox"/> Remaining Reads ap. decontamPhiX | <input type="checkbox"/> % rRNA R2 | <input type="checkbox"/> Estimated MP insert size |
| <input type="checkbox"/> Score Qualité moyen | <input type="checkbox"/> % Séquences valides / piste | <input type="checkbox"/> % Bacteria | <input type="checkbox"/> % rRNA single | <input type="checkbox"/> Archive ID |
| <input type="checkbox"/> Nb Séquences valides | <input type="checkbox"/> % Duplicates R1 | <input type="checkbox"/> % Eukaryota | <input type="checkbox"/> Useful Sequences ap. Sorting Ribo | <input type="checkbox"/> Date d'Archive |



ETATS WORKFLOW : NOMS ET CODES

Run

| State Name | State Code |
|----------------------------|------------|
| Evaluation en attente | IW-V |
| Evaluation en cours | IP-V |
| Evaluation terminée | F-V |
| Nouveau | N |
| Read generation en attente | IW-RG |
| Read generation en cours | IP-RG |
| Read generation terminée | F-RG |
| Séquençage en cours | IP-S |
| Séquençage en échec | FE-S |
| Séquençage terminé | F-S |
| Terminé | F |

ReadSet

| State Name | State Code |
|-----------------------------|------------|
| Analyse BI en attente | IW-BA |
| Analyse BI en cours | IP-BA |
| Analyse BI terminée | F-BA |
| Contrôle qualité en attente | IW-QC |
| Contrôle qualité en cours | IP-QC |
| Contrôle qualité terminé | F-QC |
| Disponible | A |
| EVAL. Analyse BI en attente | IW-VBA |
| EVAL. Analyse BI terminée | F-VBA |
| EVAL. QC en attente | IW-VQC |
| EVAL. QC en cours | IP-VQC |
| EVAL. QC terminée | F-VQC |
| Indisponible | UA |
| Nouveau | N |
| Read generation en cours | IP-RG |
| Read generation terminée | F-RG |
| Transfert CCRT en attente | IW-TF |
| Transfert CCRT en cours | IP-TF |
| Transfert CCRT terminé | F-TF |

Analysis

| State Name | State Code |
|-----------------------|------------|
| Analyse BI en cours | IP-BA |
| Analyse BI terminée | F-BA |
| Evaluation en attente | IW-V |
| Evaluation terminée | F-V |
| Nouveau | N |

