

DE LA RECHERCHE À L'INDUSTRIE



# NGL-BI

DOCUMENTATION UTILISATEURS

# SOMMAIRE (1/2)

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



# SOMMAIRE (2/2)



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

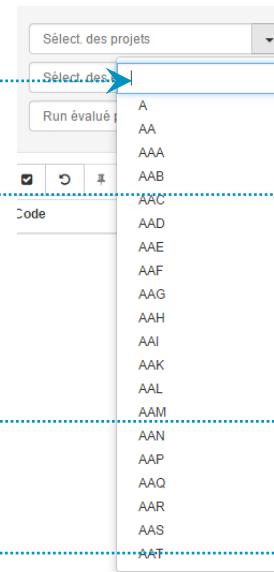
- Type de lectures (SR / PE);
- Nb cycles Read 1 (*saisie libre : nb exact de cycles R1 après transfert, ex : 101, 151, 201, 301...*)

**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

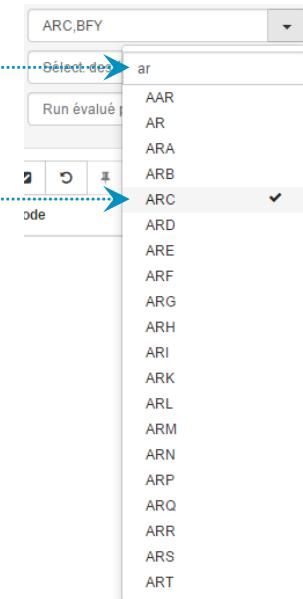
- Pour sélectionner un ou plusieurs projet(s), taper des lettres qui composent le nom / code du projet dans la cellule située en haut de la liste déroulante.



- 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**

Lorsqu'un projet / échantillon / ou toute autre valeur d'une liste déroulante est sélectionnée, elle réapparaît en haut de la liste, afin de pouvoir facilement désélectionner une valeur si besoin.



# 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_SOUFRE_C39V5ACXX	RHS2000	08/01/2014	Terminé	Oui
140108_SOUFRE_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_SOUFRE_C39V5ACXX	RHS2000	08/01/2014	Terminé	Oui
140108_SOUFRE_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
- 141024\_MIMOSA\_ABCJT
- 141023\_MELISSE\_AAUNG
- 141022\_CARBONE\_C4VM6ACXX

**141027\_PLATINE\_H072KAMXX Séquençage en cours**

Code	141027_PLATINE_H072KAMXX	Type	RHS2500R	Nb Cycles	Code Instrument	PLATINE									
Etat	Séquençage en cours	Nb Clusters (total)		Ligne Contrôle	Type d'Instrument	HISEQ2500									
Valide ?	---	% Clusters filt. (moyenne)		Code Flowcell	H072KAMXX	Date Run	27/10/2014								
Comptes Rendus		Nb Clusters filt. (total)		Position Flowcell		Date fin RG									
Critères		Nb Bases (total)		Version RTA											
Évalué par	(0)	A conserver ? <input type="checkbox"/>		Version Flowcell											
Supprimé Non															
Détails évaluation															
<span>Pistes</span> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th>#</th> <th>Validé ?</th> <th>Comptes Rendus</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1</td> <td>---</td> <td></td> </tr> <tr> <td>2</td> <td>---</td> <td></td> </tr> </tbody> </table>							#	Validé ?	Comptes Rendus	1	---		2	---	
#	Validé ?	Comptes Rendus													
1	---														
2	---														

Readsets (0)
Détails

| 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	<a href="#">Visualiser workflow (cf. page suiv.)</a>	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.



141008\_SOUFRE\_C4A65ACXX Evaluation terminée

RHS2000

1 520 393 260  
88,48

1 345 304 718

281 168 686 062

Non

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

Run status flow

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

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.



# 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								
#	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

Pistes		
#	Valide ?	Comptes Rendus
1	---	
2	---	
3	---	
4	---	
5	---	
-		

Readsets (10)

N° Piste
Code
Etat
% déposé
% Séquences valides / piste
Nb Séquences valides
Nb Bases
% >= Q30
Score Qualité moyen
Validé QC ?
Validé 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	---	---

ReadSets (10)
Permet de filtrer sur les lanes qu'on veut visualiser.

1,6
▼

1  
2  
3  
4  
5  
6 ▼  
7  
8  
9  
10

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

EUIT\_1\_D1DAGACXX.IND4  
EPPR\_1\_D1DAGACXX.IND2  
EUJ1\_1\_D1DAGACXX.IND5  
EP3N\_2\_D1DAGACXX.IND5  
PLS\_3\_D1DAGACXX.IND5  
E41U\_F\_A\_BuuUFPM3\_4\_D1DAGACXX.IND5

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

Voir Readsets
|
Evaluer Readsets

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.

| PAGE 19

# 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>% &gt;= 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)

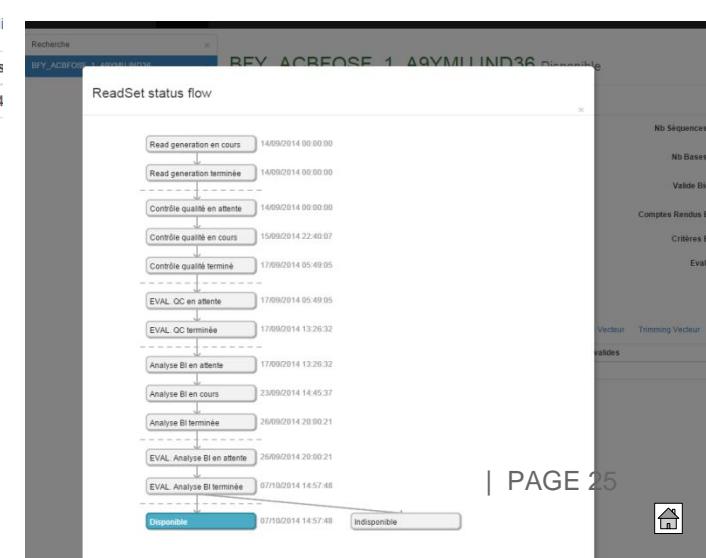
Général	Avancé	Infos échantillon	Infos workflow
Etat	Date	readsets.workflow.who	
Nouveau	30/03/2015 13:58:33	nsgsg	
Read generation en cours	30/03/2015 13:58:33	nsgsg	
Read generation terminée	30/03/2015 21:26:10	nsgsg	
Contrôle qualité en attente	30/03/2015 21:26:10	nsgsg	
Contrôle qualité en cours	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

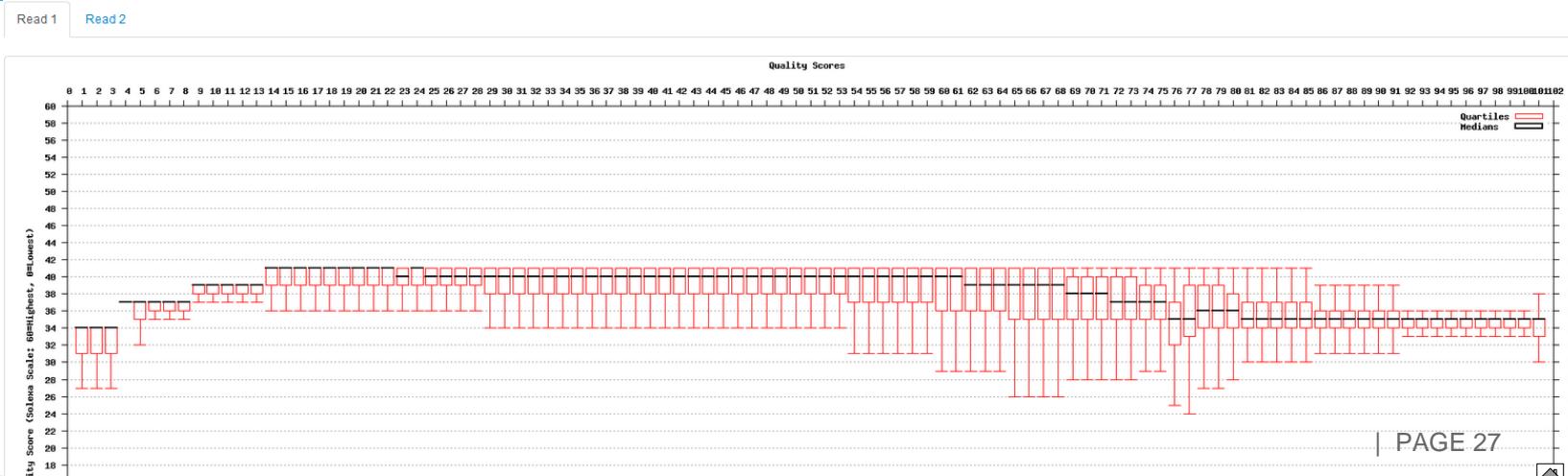
Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

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)

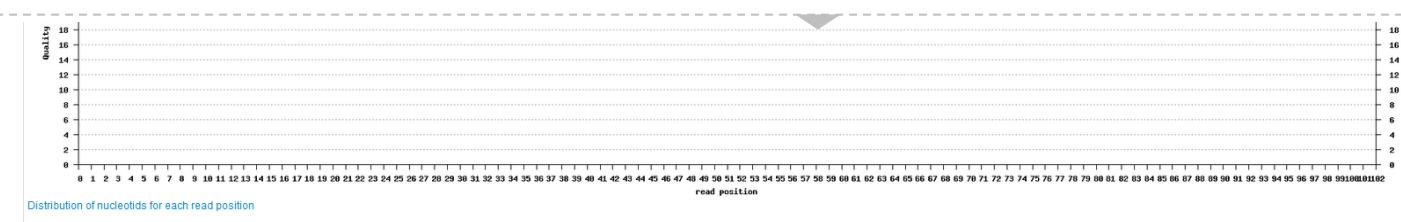


# INTERFACE READSET – DÉTAILS (5/14)

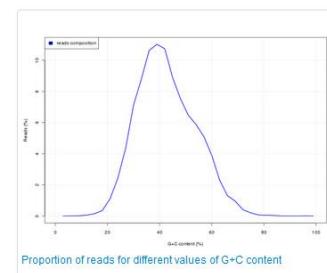
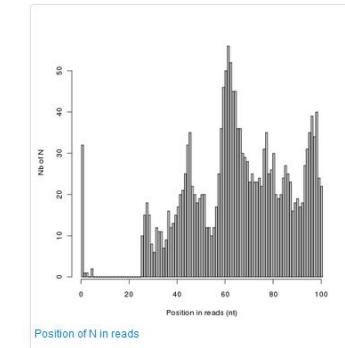
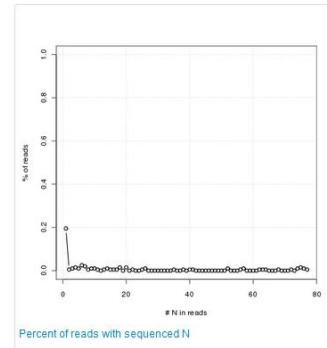
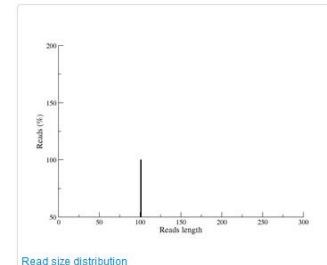
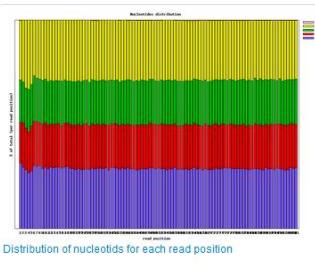
Onglets  
traitements  
[READSET]

→ 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

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]

	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)

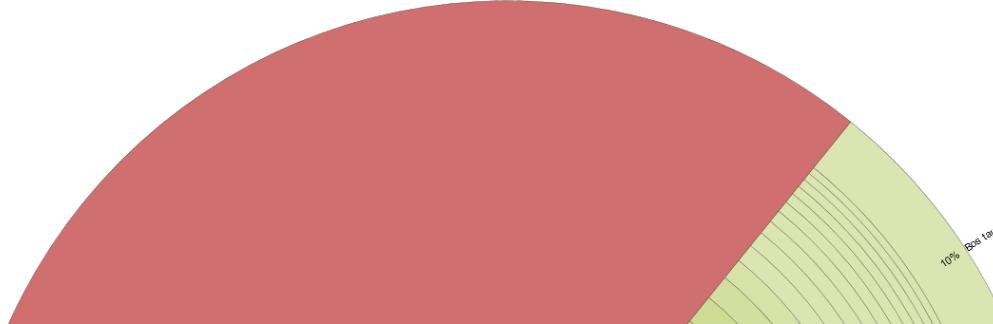
Bilans **Krona** Arbre phylogénétique

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

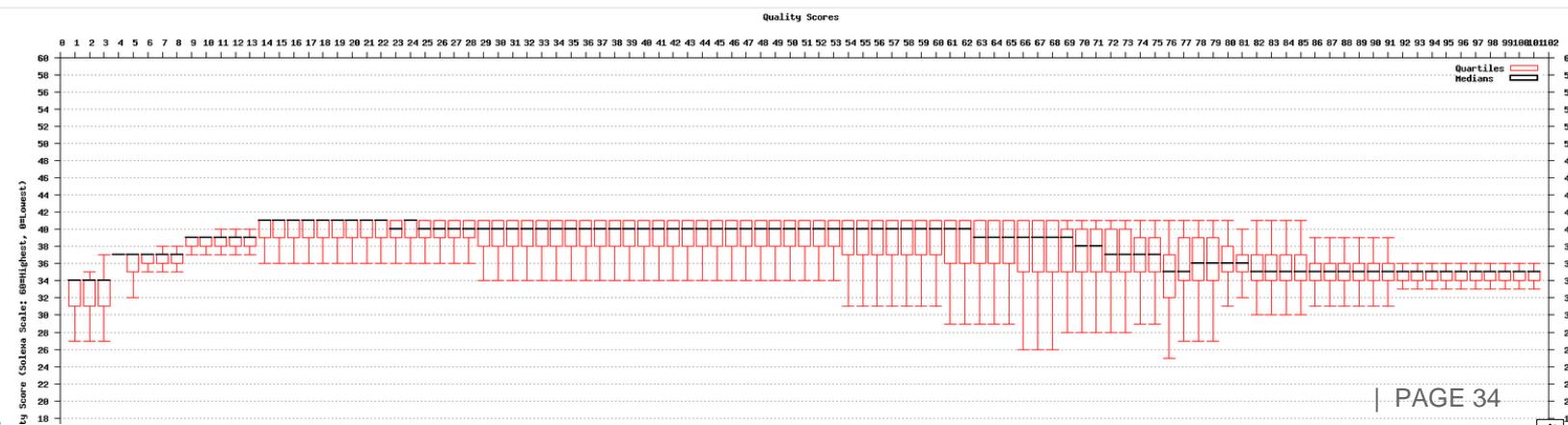
Code	BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2	Nb Séquences utiles	200,311,306	Run / N° Piste	140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2
Etat	Disponible	Nb Bases utiles	39,920,324,496	Type de Run	RHS2000
Valide QC ?	Non	Valide BioInfo ?	Oui	Nb Cycles	209
Comptes Rendus QC	Problème qualité Q30 duplicat > 30	Comptes Rendus BioInfo			
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



# 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)		

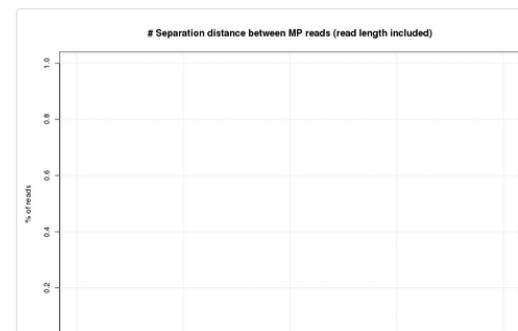
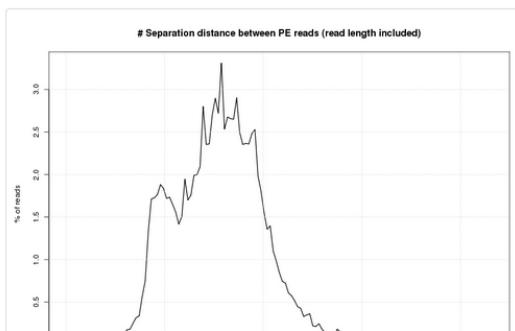
Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

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

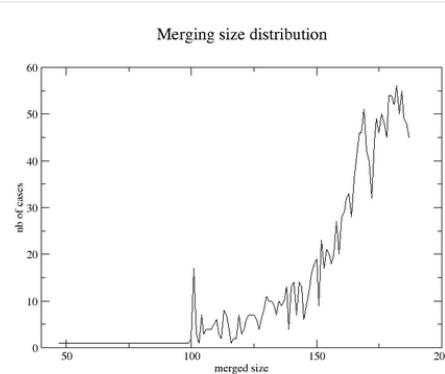
Code	BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2	Nb Séquences utiles	200,311,306	Run / N° Piste	140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2
Etat	Disponible	Nb Bases utiles	39,920,324,496	Type de Run	RHS2000
Valide QC ?	Non	Valide BioInfo ?	Oui	Nb Cycles	209
Comptes Rendus QC	Problème qualité Q30 duplicat > 30	Comptes Rendus BioInfo			
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

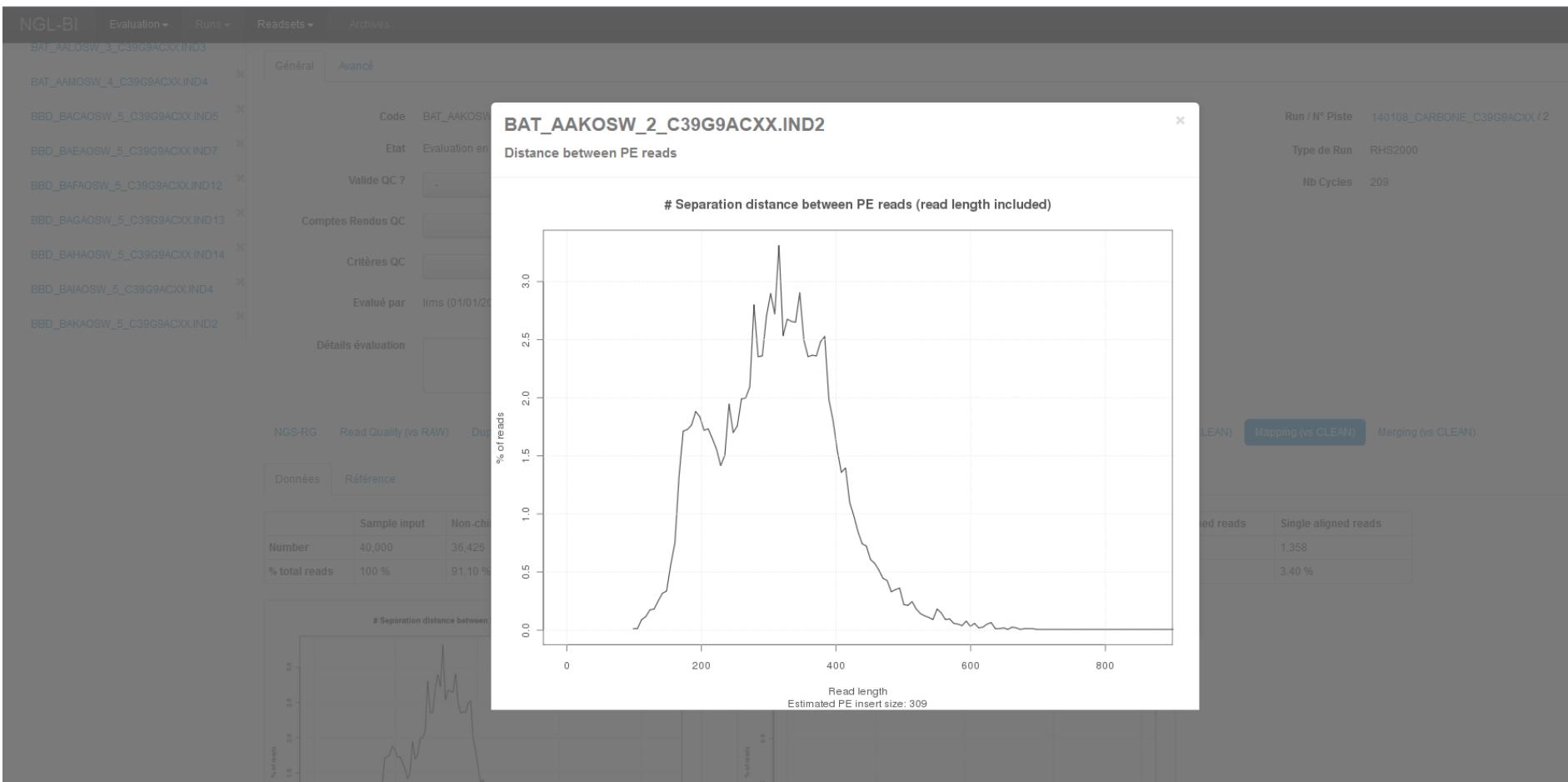


\* pas encore  
disponible pour le CNG



# 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

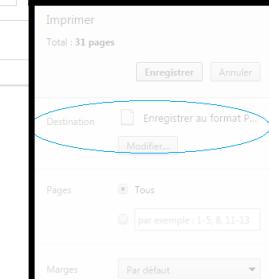
Validé QC ? : Oui      Valide BioInfo ? : ---      Nb Cycles : 609

BFY\_ABTDOSF\_1\_A9YMU.IND4 Analyse BI en cours

Code	BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4
Validé 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
Validé BioInfo ?	---
Comptes Rendus BioInfo	
Critères BioInfo	
Evalué par	clouesse (17/09/2014)

Détails évaluation

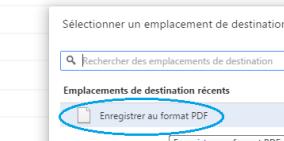
Nom du fichier	Type de fichier	Utilisable	Label
BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4.fastq	RAW	Non	READ1



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

Validé 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. p31).

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 ».

**Filtres**

Sélection des projets, Sélection des échantillons, Regex pour le code, Run depuis le (jj/mm/aaaa), Run jusqu'au (jj/mm/aaaa), Sélection des types de run, Sélection d'un run, Sélection de colonne

Sélection des états, Sélection d'un éval QC, Sélection d'un éval bioinfo, Sélection des types de run, Sélection d'un run, Sélection de colonne

Sélection des instruments, Sélection des résol. QC, Sélection des résol. QC, Sélection d'un run, Sélection de colonne

ReadSet évalué par :

**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.**

**Colonnes supplémentaires**

% >= Q30, Score Qualité moyen, 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

**Colonnes ajoutées**

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
	83.77	33.29	3.400	0.034	0.155	6.280	1.140	67.425	530	Oui		---	
	82.07	32.82	3.300	0.033	0.305	5.020	0.630	62.445	525	Oui		---	
	84.58	33.54	3.300	0.033	0.255	5.100	0.580	82.835	500	Oui		---	
	83.55	33.22	3.400	0.034	0.140	6.060	0.980	66.490	529	Oui		---	
	83.46	33.22	3.400	0.034	0.320	5.660	0.690	66.130	531	Oui		---	
	83.61	33.25	3.300	0.033	0.245	5.330	0.470	80.795	501	Oui		---	

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

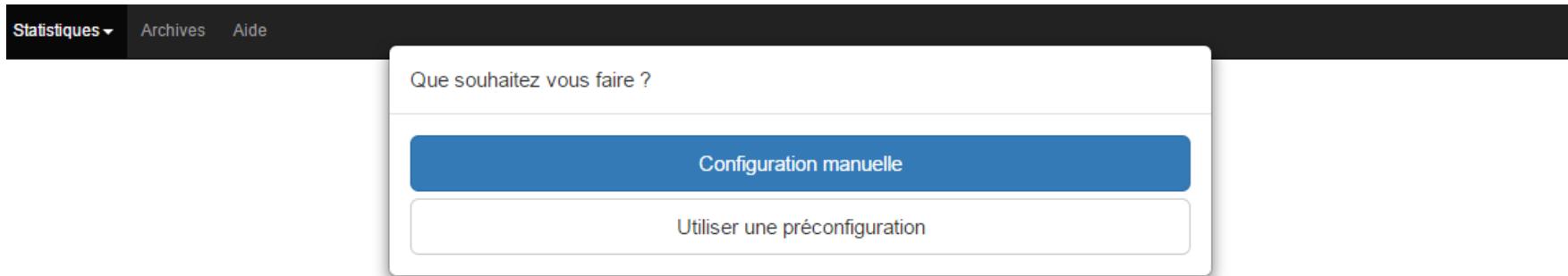
PAGE 46

# 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. The table columns are 'Propriété', 'Type', 'Paramètres', and 'Nombre de Résultats'. The first row shows 'Nb Séquences utiles' as 'Propriété', 'z-score' as 'Type', and '["projectCodes":["BCM"], "fromDate":1398722400000]' as 'Paramètres'. The 'Nombre de Résultats' column shows '26'. The second row shows '% Bacteria' as 'Propriété', 'z-score' as 'Type', and 'simple-value' as 'Paramètres'. The 'Nombre de Résultats' column shows '1'. A red dashed box highlights the bottom right corner of the table area.

\* 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

$\sigma$  : 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	0.3
14	0.2
15	0.3
16	0.4
17	0.5
18	0.3
19	0.2
20	0.3
21	0.4
22	0.5
23	0.6
24	0.7
25	0.8
26	0.5
27	0.3
28	0.4
29	0.5
30	0.6
31	0.7
32	0.8
33	0.5
34	0.3
35	0.4
36	0.5
37	0.6
38	0.7
39	0.8
40	0.5
41	0.3
42	0.4
43	0.5
44	0.6
45	0.7
46	0.8
47	0.5
48	0.3
49	0.4
50	0.5
51	0.6
52	0.7
53	0.8
54	0.5
55	0.3
56	0.4
57	0.5
58	0.6
59	0.7
60	0.8
61	0.5
62	0.3
63	0.4
64	0.5
65	0.6
66	0.7
67	0.8
68	0.5
69	0.3
70	0.4
71	0.5
72	0.6
73	0.7
74	0.8
75	0.5
76	0.3
77	0.4
78	0.5
79	0.6
80	0.7
81	0.8
82	0.5
83	0.3
84	0.4
85	0.5
86	0.6
87	0.7
88	0.8
89	0.5
90	0.3
91	0.4
92	0.5
93	0.6
94	0.7
95	0.8
96	0.5
97	0.3
98	0.4
99	0.5
100	0.6
101	0.7
102	0.8
103	0.5
104	0.3
105	0.4
106	0.5
107	0.6
108	0.7
109	0.8
110	0.5
111	0.3
112	0.4
113	0.5
114	0.6
115	0.7
116	0.8
117	0.5
118	0.3
119	0.4
120	0.5
121	0.6
122	0.7
123	0.8
124	0.5
125	0.3
126	0.4
127	0.5
128	0.6
129	0.7
130	0.8
131	0.5
132	0.3
133	0.4
134	0.5
135	0.6
136	0.7
137	0.8
138	0.5
139	0.3
140	0.4
141	0.5
142	0.6
143	0.7
144	0.8
145	0.5
146	0.3
147	0.4
148	0.5
149	0.6
150	0.7
151	0.8
152	0.5
153	0.3
154	0.4
155	0.5
156	0.6
157	0.7
158	0.8
159	0.5
160	0.3
161	0.4
162	0.5
163	0.6
164	0.7
165	0.8
166	0.5
167	0.3
168	0.4
169	0.5
170	0.6
171	0.7
172	0.8
173	0.5
174	0.3
175	0.4
176	0.5
177	0.6
178	0.7
179	0.8
180	0.5
181	0.3
182	0.4
183	0.5
184	0.6
185	0.7
186	0.8
187	0.5
188	0.3
189	0.4
190	0.5
191	0.6
192	0.7
193	0.8
194	0.5
195	0.3
196	0.4
197	0.5
198	0.6
199	0.7
200	0.8

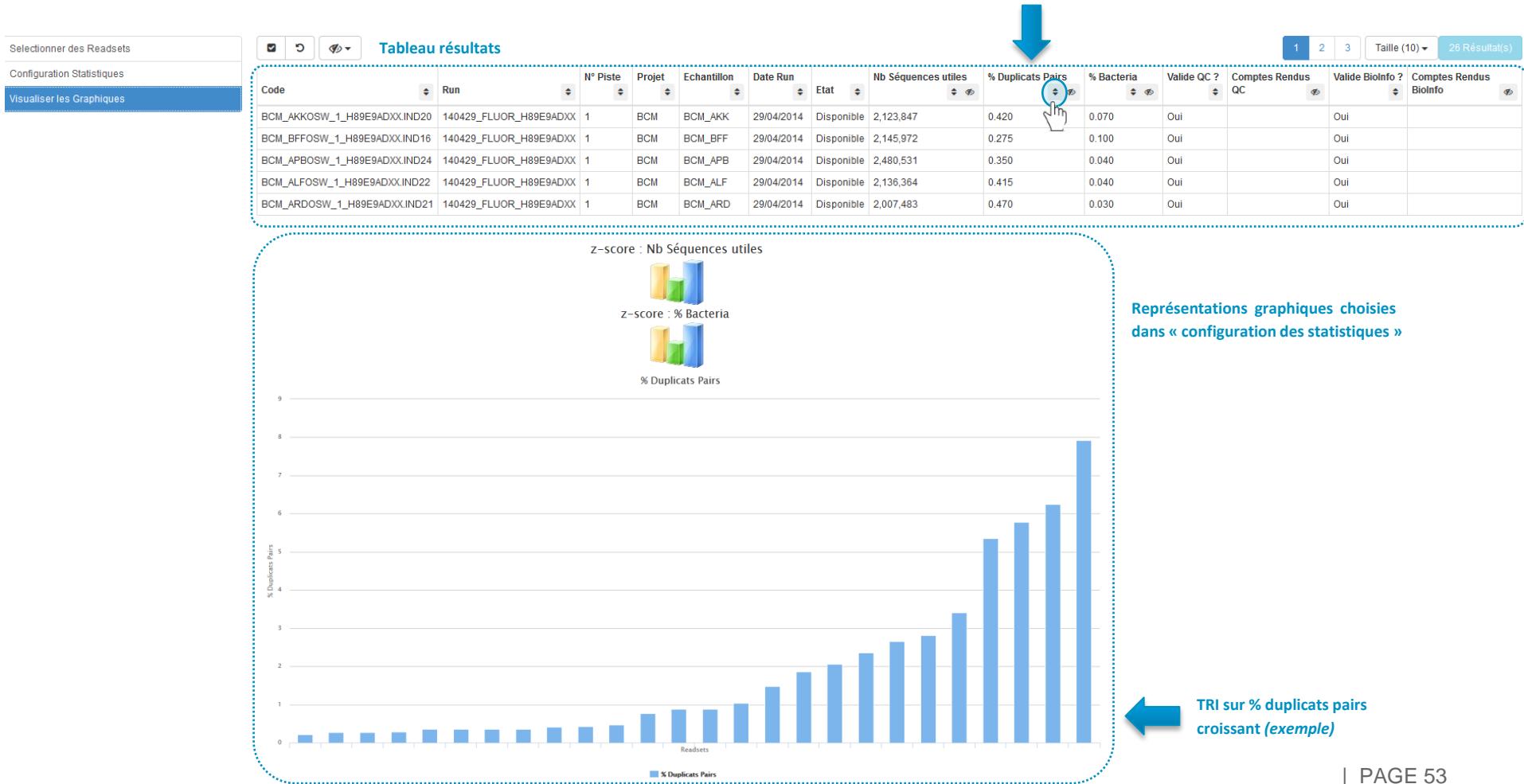
Représentations graphiques choisies dans « configuration des statistiques »



# TRI SUR LES COLONNES DU TABLEAU ET INTERACTION AVEC LES GRAPHIQUES

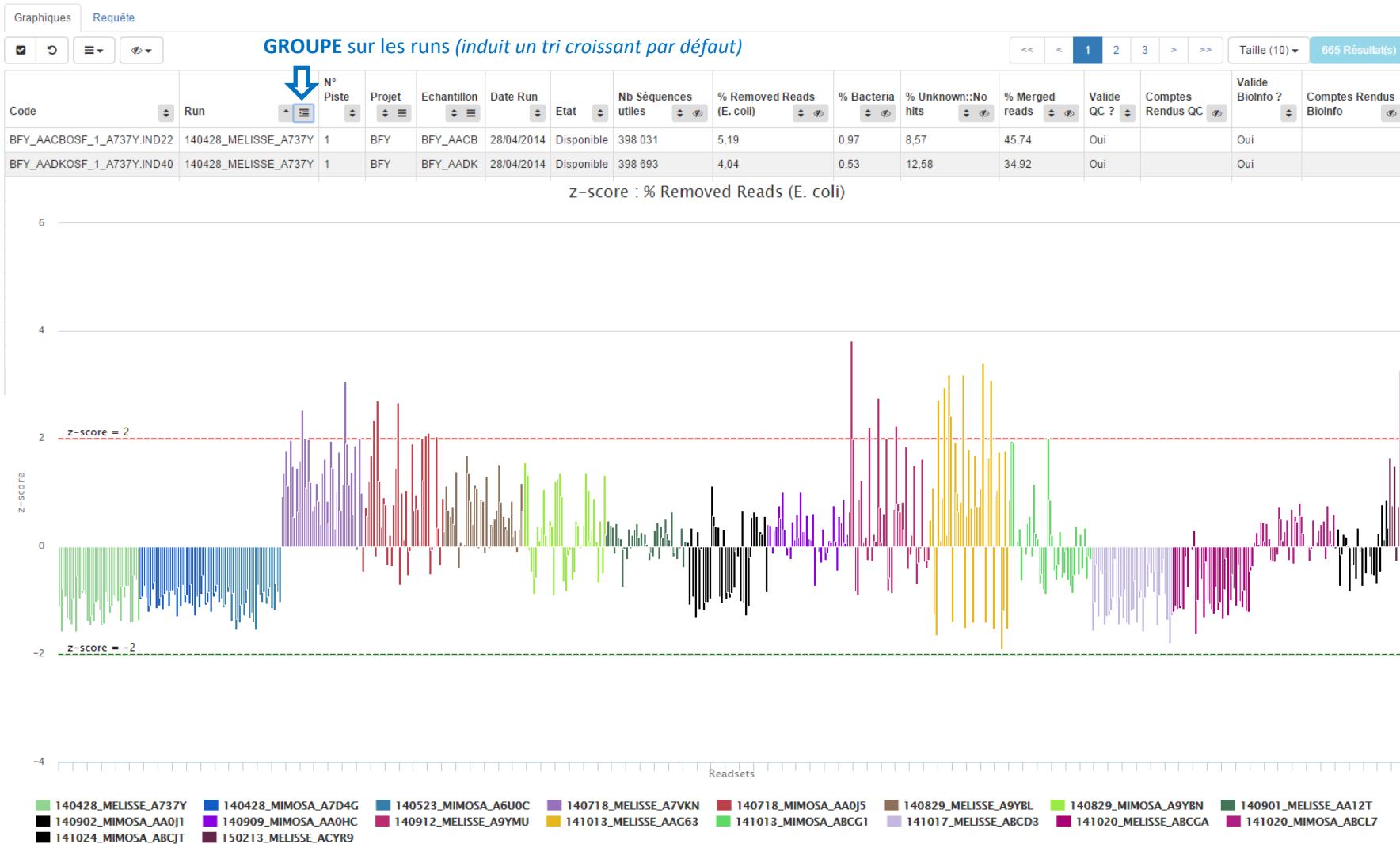
## ➤ Visualiser les graphiques

- 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.



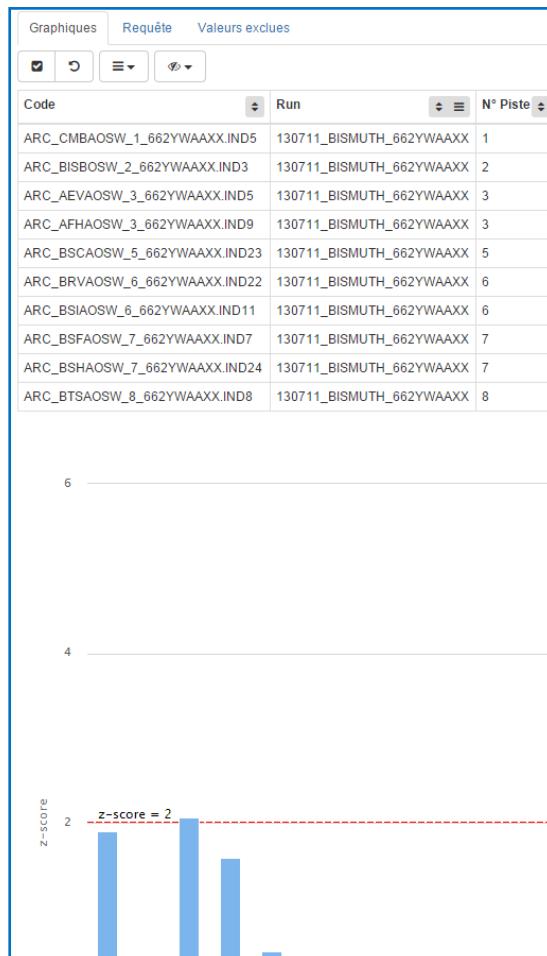
# VISUALISER DES SÉRIES EN GROUPANT SUR DES COLONNES DU TABLEAU

- 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\_D0KDVACXX.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.

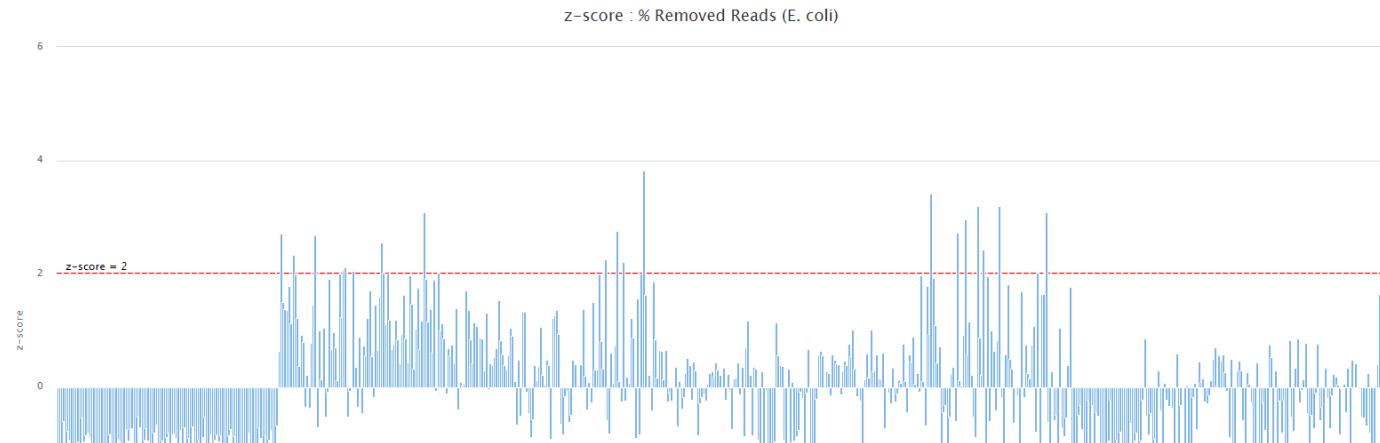
- Configuration BFY Mate-Pair
- Configuration BFY Paired-End
- Configuration BFZ Paired-End
- Configuration BFZ Mate-Pair

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

Graphiques   Requête

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

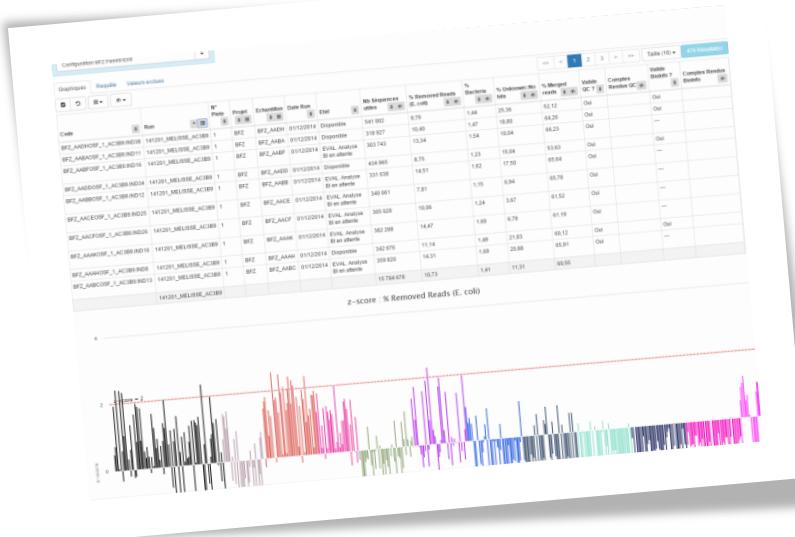
Code	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Date Run	Etat	Nb Séquences utiles	% Removed Reads (E. coli)	% Bacteria	% Unknown::No hits	% Merged reads	Validé QC ?	Comptes Rendus QC	Validé BioInfo ?	Comptes Rendus BioInfo
BFY_AAGHOSF_1_A7D4G.IND28	140428_MIMOSA_A7D4G	1	BFY	BFY_AAGH	28/04/2014	EVAL Analyse Bi en 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/ng/I/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 software 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
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		Nb Bases (total)	340,176,933,679				
Evalué par	ngsrg (25/02/2014)						
Détails évaluation							

**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	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** →

#	Validé ?	Comptes Rendus
1	Non	fluidique
3	Oui	indéterminé
4	Non	chiller
5	Oui	pelletier
6	...	fluidique
7	Non	laser
8	Oui	camera

**Résolutions**

- Problème machine
- indéterminé
- chiller
- pelletier
- fluidique
- laser
- camera
- lentille
- pb de vidé
- PE module
- cBot
- Problème réactifs
- indéterminé

**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
Valide ?	-	% Clusters filt. (moyenne)	94.86	Code Flowcell	A6U0C	Code Instrument	MIMOSA
Comptes Rendus	-	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 checked="" type="checkbox"/>			
Evalué par	jguy (11/06/2014)						
Détails évaluation	depot 8pM nbre de bases un peu faible						

*Métriques à tester*

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	301,301	20,553,440	94.86	19,497,460	99.51	19,401,366	11,679,622,332	1.67	1	-	-

Readsets (30)

Sélect. des lanes

Voir 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_AA2GOSF_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 (Runmin)	% Séquences Minima (Intern)	Nb Séquences (Minima Runmax + Intern)	Nb Bases (Minima Runmax + Intern)	% Perdu	#	Valide ?	Complex Rendus
1	101.101	210.403.100	91.95	211.017.343	99.26	210.405.895	43.500.070.090	3.01	1	Oui	
2	101.101	229.103.349	92.54	212.110.407	99.18	210.391.797	42.499.142.994	3.95	2	Oui	
3	101.101	210.083.175	91.27	209.037.304	99.20	227.320.054	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	220.050.071	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	99.35	219.973.823	44.434.712.240	1.98	8	Oui	

Nº Prise	Code	Etat	% dépend	% Séquences valides / prisée	Nb Séquences valides	Nb Bases	% == Q30	Score Qualité moyen	Valide GC ?	Valide Biobits ?
1	NGS_BI_ShotWk_1_C39G9ACXX.IND1	Contrôle qualité en attente	07.09	206.195.849	41.011.561.298	89.64	34.60	—	—	—



# READSET – ÉVALUATION

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de séquence →

**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 ?	- <span style="border: 1px solid blue; padding: 2px;">Valide QC ?</span>
Comptes Rendus QC Non obligatoire	<span style="border: 1px solid blue; padding: 2px;">CR multi valeurs</span>
Critères QC Non obligatoire	<span style="border: 1px solid blue; padding: 2px;">Critères d'évaluation utilisés</span>
Evalué par	lims (01/01/2000) <span style="border: 1px solid blue; padding: 2px;">User et Date</span>
Détails évaluation Non obligatoire	<span style="border: 1px solid blue; padding: 2px;">Commentaire (saisie libre) pour apporter des détails à l'évaluation</span>

Nb Séquences utiles	200,311,306
Nb Bases utiles	39,920,324,496
Validé Biolinfo ?	- <span style="border: 1px solid blue; padding: 2px;">Notion de valide bioinfo</span>
Comptes Rendus Biolinfo Non obligatoire	<span style="border: 1px solid blue; padding: 2px;">Commentaire (saisie libre) pour apporter des détails à l'évaluation</span>
Critères Biolinfo Non obligatoire	<span style="border: 1px solid blue; padding: 2px;">Commentaire (saisie libre) pour apporter des détails à l'évaluation</span>
Evalué par	lims (28/01/2014)

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	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]



# 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. 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 the following details:

- Header:** NGL-BI, Evaluation, Runs, Readsets, Archives, User: jguy.
- Search Bar:** Sélectionnez des projets, Sélectionnez des échantillons, Mettez une regex pour le code, Date Run depuis le (jj/mm/aaaa), Date Run jusqu'au (jj/mm/aaaa).
- Filter Bar:** Sélectionnez des états, Sélectionnez une éval QC, Sélectionnez une éval bioinfo, Sélectionnez des types de run, Sélectionnez des runs.
- Toolbar:** Icons for search, refresh, and other operations.
- Data Grid:** A table with columns: Code, Run, N° Piste, Projet, Echantillon, Date Run, Etat, Valide QC ?, Valide BioInfo ?.
- Row Selection:** The first row (E421\_CB\_B00EUIT\_1\_D1DAGACXX.IND4) is selected.
- Context Menu:** An open context menu is shown over the 'Valide QC ?' column of the selected row. The menu items are: Oui, Non, and a separator line followed by three dropdown menus.
- Buttons:** 10 Résultat(s), Taille (10).



# 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

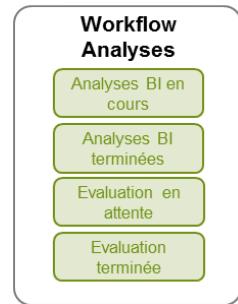
# Évaluer des analyses et générer des highlights via des critères d'évaluation



# 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	

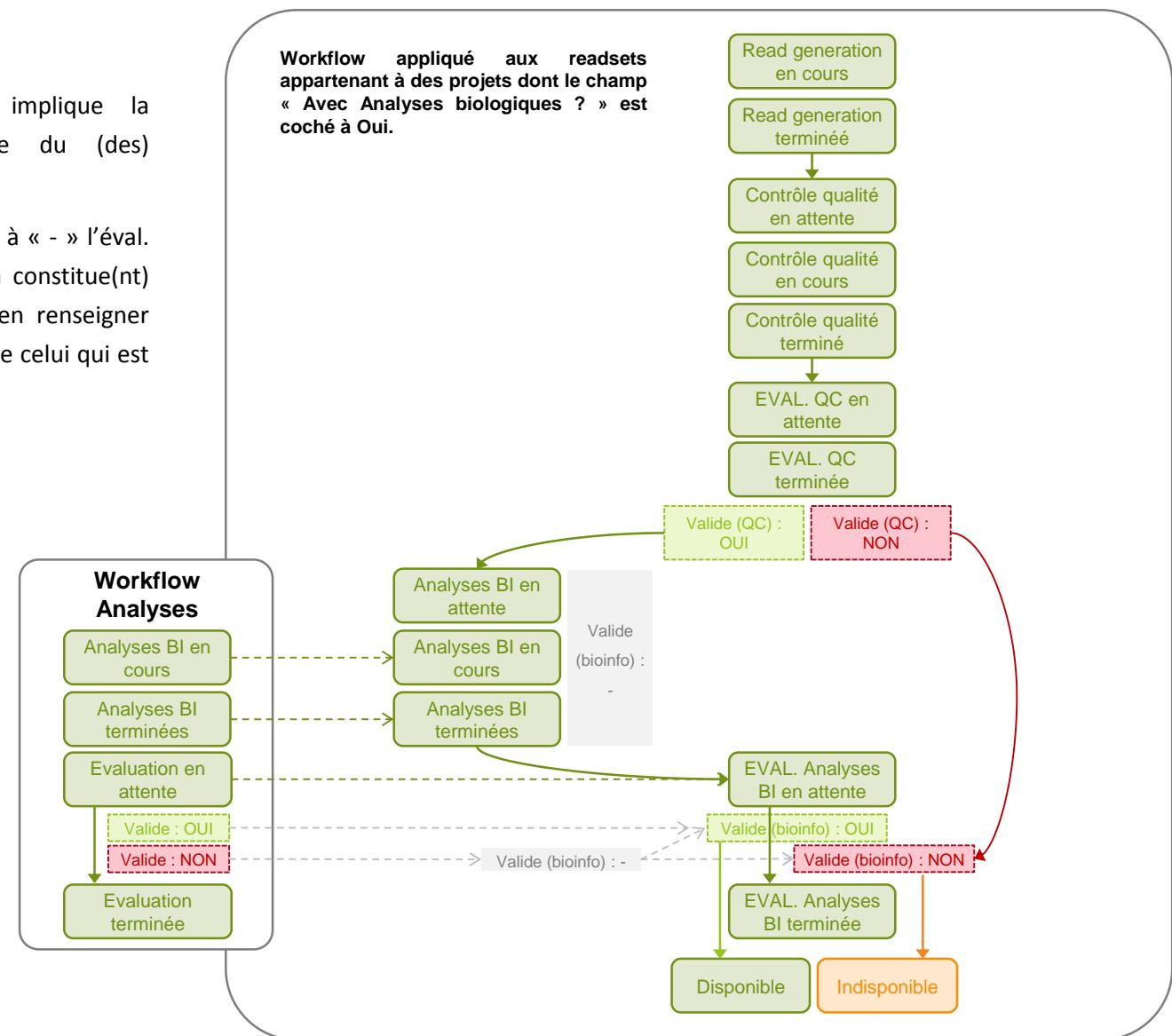


# ÉVALUATION ANALYSES

## 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<sup>ère</sup> 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 shown above a progress bar, with a blue arrow pointing to it. The file 'Readsets\_20141020\_1....csv' is listed in the bottom left corner.

# 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_AADSW_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.

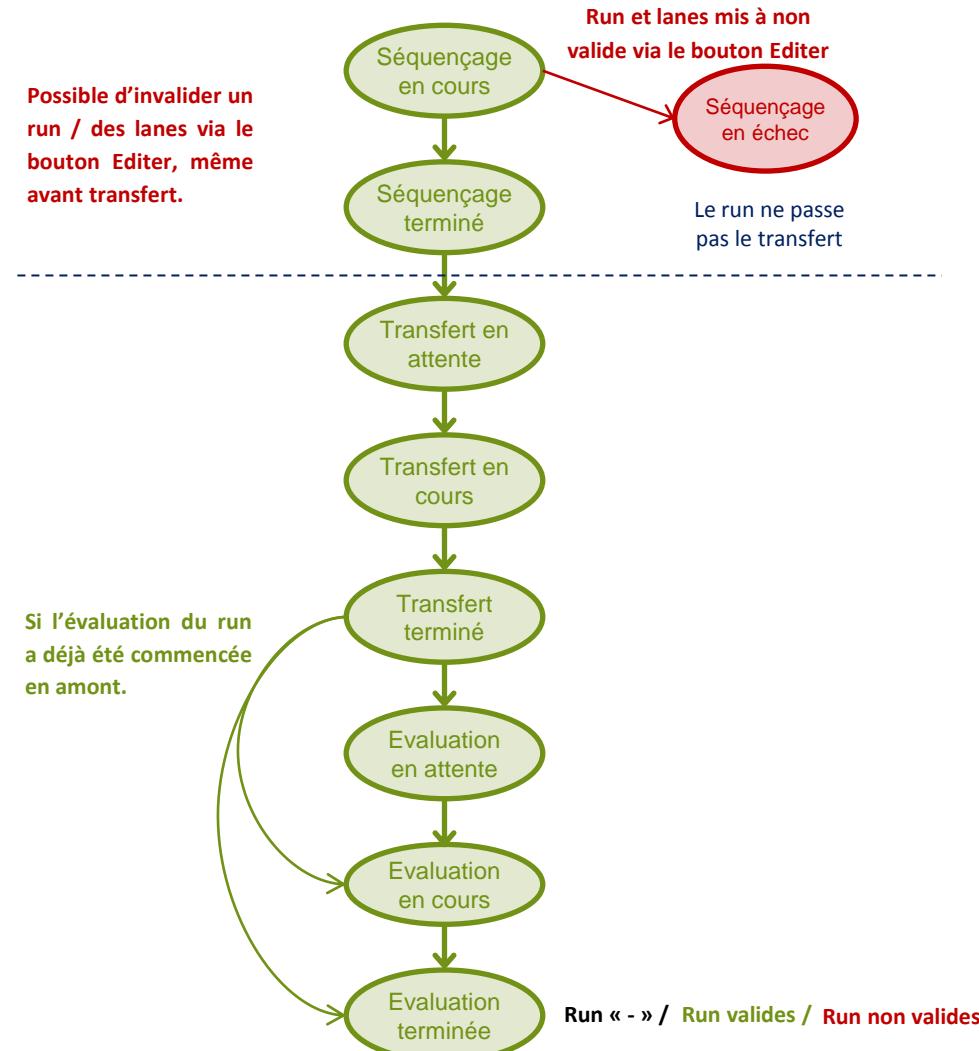
Code	Type	Date Run	Etat	Validé ?
140212_CARBONE_C384AACXX	RHS2000	17/01/1970	Nouveau	---
140221_MELISSE_A7396	RHS2000	17/01/1970	Séquençage en cours	---
140207_MERCURE_C381HACXX	RHS2000	17/01/1970	Séquençage en echec	Oui
080201_HELIUM_2062WAAAXX	RGAlk	01/02/2008	Séquençage terminé	Oui
080205_HELIUM_2062WAAAX2	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

- 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 ?	<b>Non</b>	% 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	<b>Non</b>	Problème machine laser camera
2	<b>Non</b>	Problème machine laser camera
3	<b>Non</b>	Problème machine laser camera
4	<b>Non</b>	Problème machine laser camera
5	<b>Non</b>	Problème machine laser camera
6	<b>Non</b>	Problème machine laser camera
7	<b>Non</b>	Problème machine laser camera
8	<b>Non</b>	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_624LGAAXX	100707_AZOTE_624LGAAXX	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_624LGAAXX	100707_AZOTE_624LGAAXX	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	<span style="background-color: #f0f0f0;">Evaluation terminée</span>	---	
BA.BFY_AADIOSF_1_A737Y.IND39	BAC pool assembly	BFY_AADIOSF_1_A737Y.IND39	BFY	BFY_AADI	<span style="background-color: #f0f0f0;">Evaluation terminée</span>	---	
BA.BFY_AADHOSF_1_A737Y.IND38	BAC pool assembly	BFY_AADHOSF_1_A737Y.IND38	BFY	BFY_AADH	<span style="background-color: #f0f0f0;">Evaluation terminée</span>	---	
BA.BFY_AADGOSF_1_A737Y.IND37	BAC pool assembly	BFY_AADGOSF_1_A737Y.IND37	BFY	BFY_AADG	<span style="background-color: #f0f0f0;">Evaluation en attente</span>	---	
BA.BFY_AADFOSF_1_A737Y.IND36	BAC pool assembly	BFY_AADFOSF_1_A737Y.IND36	BFY	BFY_AADF	<span style="background-color: #f0f0f0;">Evaluation en attente</span>	---	
BA.BFY_AADEOSF_1_A737Y.IND35	BAC pool assembly	BFY_AADEOSF_1_A737Y.IND35	BFY	BFY_AADE	<span style="background-color: #f0f0f0;">Evaluation en attente</span>	---	
BA.BFY_AADDOSF_1_A737Y.IND34	BAC pool assembly	BFY_AADDOSF_1_A737Y.IND34	BFY	BFY_AADD	<span style="background-color: #f0f0f0;">Evaluation en attente</span>	---	

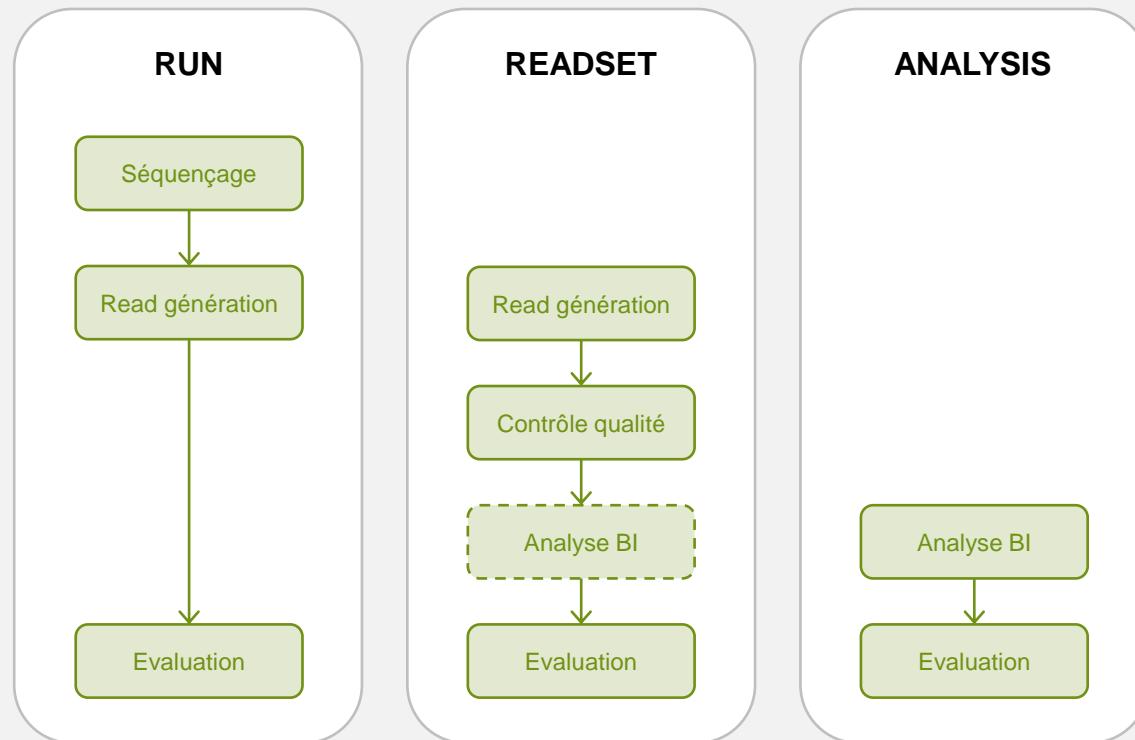
- Enregistrer.



# Workflow RUN, READSET et ANALYSES



# WORKFLOWS SIMPLIFIÉS

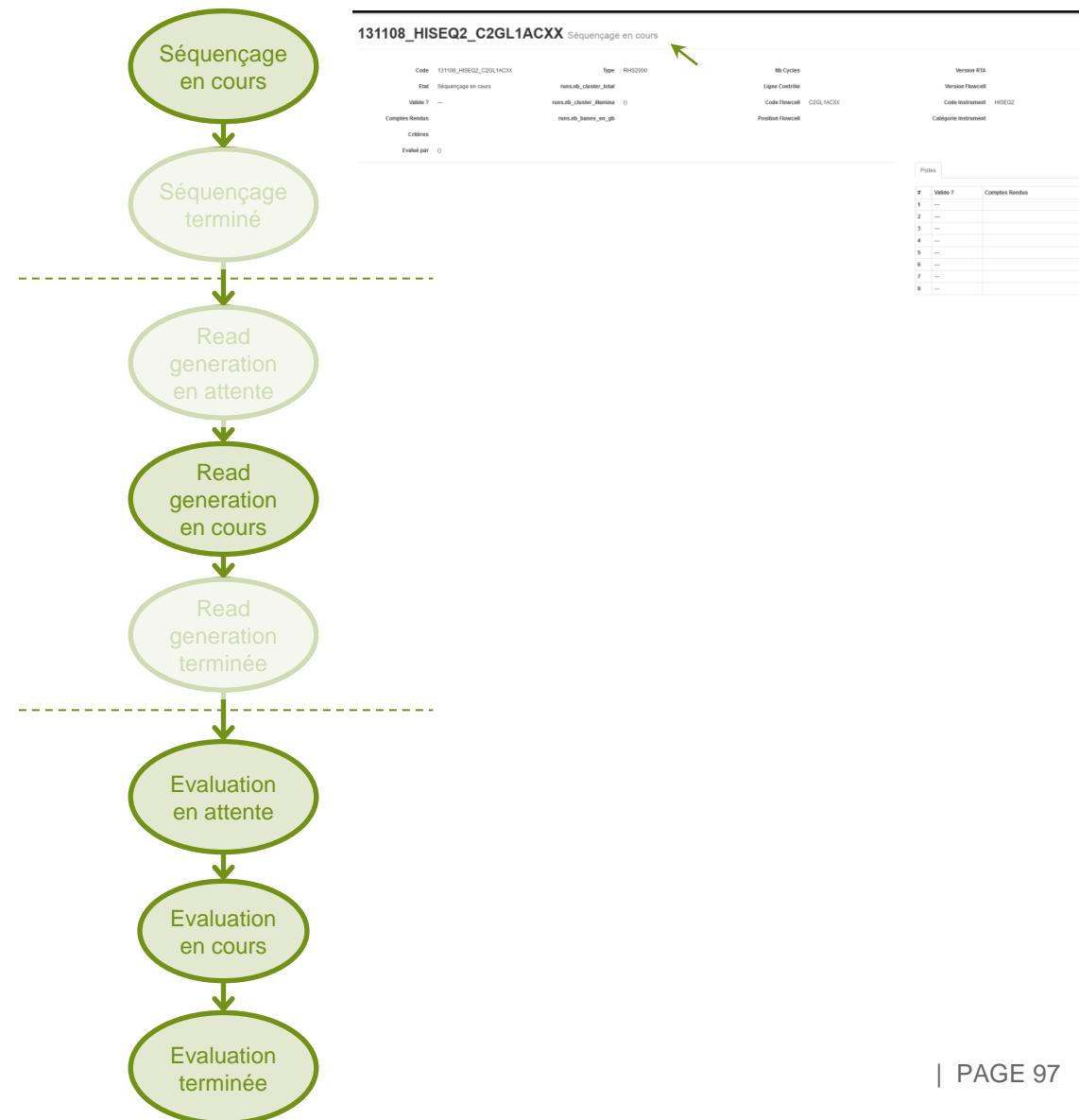


# Workflow RUN et vues détaillées des interfaces



# 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	---	

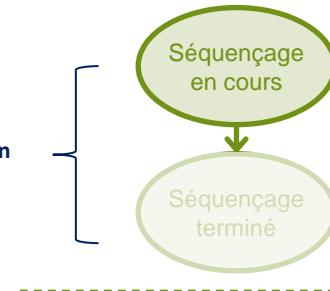
ReadSets (0)

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**

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

**Résumé**

Code	Type	Etat	Itb Cycles	Version RTA
131108_HISEQ2_C2GL1ACXX	RH42000	Séquençage en cours	Ligne Contrôle	Version Flowscell
		runs_nb_cluster_total	Code Instrument	HISEQ2
		runs_nb_cluster_terminée	Categorie Instrument	
		runs_nb_basecall_nb_gb		

**Créées**

Evalué par :

**Run 1**

Density	% Cluster FF	% Phasé/Prophan	Reads (M)	Reads/PF	% QC0	Cycles Err	% Alignement	% Error Rate	% Error Rate Cycle 25	% Error Rate Cycle 75	% Error Rate Cycle 100	Intensity Cycle 1	% Intensité Cycle 25	Alerter
56.00	88.80	0.110 / 0.171	285.800	229.980	81.900	100	0.49 +/- 0.19	0.63 +/- 0.07	0.34 +/- 0.21	0.43 +/- 0.25	0.43 +/- 0.22	5.19 +/- 0.00	78.80 +/- 1.40	247.00
75.00	84.20	0.110 / 0.181	208.100	193.590	83.400	100	0.70 +/- 0.20	0.67 +/- 0.07	0.28 +/- 0.06	0.27 +/- 0.06	0.27 +/- 0.06	5.19 +/- 0.00	81.00 +/- 1.10	234.00
84.00	84.20	0.110 / 0.172	273.040	228.280	88.000	100	1.30 +/- 0.20	0.68 +/- 0.07	0.23 +/- 0.19	0.27 +/- 0.12	0.35 +/- 0.11	5.17 +/- 0.00	78.80 +/- 1.20	240.00
93.00	91.30	0.110 / 0.182	184.720	185.000	94.300	100	0.80 +/- 0.09	0.27 +/- 0.00	0.14 +/- 0.08	0.28 +/- 0.08	0.27 +/- 0.08	5.40 +/- 0.00	83.90 +/- 1.10	272.00
94.00	91.30	0.110 / 0.182	185.700	185.700	95.700	100	0.80 +/- 0.09	0.27 +/- 0.00	0.14 +/- 0.08	0.28 +/- 0.08	0.27 +/- 0.08	5.50 +/- 0.00	83.90 +/- 1.10	272.00
95.00	94.70	0.110 / 0.185	156.580	148.25	95.700	100	0.80 +/- 0.09	0.27 +/- 0.00	0.14 +/- 0.08	0.28 +/- 0.08	0.27 +/- 0.08	5.40 +/- 0.00	83.90 +/- 1.10	272.00
96.00	92.80	0.110 / 0.179	180.460	175.070	93.900	100	0.80 +/- 0.09	0.28 +/- 0.00	0.14 +/- 0.11	0.19 +/- 0.07	0.28 +/- 0.07	4.41 +/- 0.00	82.20 +/- 1.20	195.00
97.00	92.80	0.110 / 0.179	180.460	175.070	93.900	100	0.80 +/- 0.09	0.28 +/- 0.00	0.14 +/- 0.11	0.19 +/- 0.07	0.28 +/- 0.07	4.41 +/- 0.00	82.20 +/- 1.20	195.00
98.00	92.80	0.110 / 0.181	155.440	146.740	95.400	100	1.30 +/- 0.00	0.25 +/- 0.00	0.14 +/- 0.08	0.19 +/- 0.12	0.26 +/- 0.13	5.17 +/- 0.00	83.90 +/- 1.20	188.00
99.00	92.80	0.110 / 0.182	175.850	164.590	94.800	100	1.00 +/- 0.10	0.28 +/- 0.05	0.14 +/- 0.07	0.19 +/- 0.05	0.28 +/- 0.05	5.40 +/- 0.00	84.00 +/- 1.20	188.00

**Run 2**

Density	% Cluster FF	% Phasé/Prophan	Reads (M)	Reads/PF	% QC0	Cycles Err	% Alignement	% Error Rate	% Error Rate Cycle 25	% Error Rate Cycle 75	% Error Rate Cycle 100	Intensity Cycle 1	% Intensité Cycle 25	Alerter
1.033.00 +/- 88.80	0.110 / 0.181	285.800	229.980	81.900	100	0.49 +/- 0.19	0.63 +/- 0.07	0.34 +/- 0.21	0.43 +/- 0.25	0.43 +/- 0.22	5.19 +/- 0.00	81.00 +/- 1.10	247.00	
75.00	84.20	0.110 / 0.181	208.100	193.590	83.400	100	0.70 +/- 0.20	0.67 +/- 0.07	0.28 +/- 0.06	0.27 +/- 0.06	0.27 +/- 0.06	5.19 +/- 0.00	81.00 +/- 1.10	234.00
84.00	84.20	0.110 / 0.182	273.040	228.280	88.000	100	1.30 +/- 0.20	0.68 +/- 0.07	0.23 +/- 0.19	0.27 +/- 0.12	0.35 +/- 0.11	5.17 +/- 0.00	78.80 +/- 1.20	240.00
93.00	91.30	0.110 / 0.182	184.720	185.000	94.300	100	0.80 +/- 0.09	0.27 +/- 0.00	0.14 +/- 0.08	0.28 +/- 0.08	0.27 +/- 0.08	5.40 +/- 0.00	83.90 +/- 1.10	272.00
94.00	91.30	0.110 / 0.182	185.700	185.700	95.700	100	0.80 +/- 0.09	0.27 +/- 0.00	0.14 +/- 0.08	0.28 +/- 0.08	0.27 +/- 0.08	5.50 +/- 0.00	83.90 +/- 1.10	272.00
95.00	94.70	0.110 / 0.185	156.580	148.25	95.700	100	0.80 +/- 0.09	0.27 +/- 0.00	0.14 +/- 0.08	0.28 +/- 0.08	0.27 +/- 0.08	5.40 +/- 0.00	83.90 +/- 1.10	272.00
96.00	92.80	0.110 / 0.179	180.460	175.070	93.900	100	0.80 +/- 0.09	0.28 +/- 0.00	0.14 +/- 0.11	0.19 +/- 0.07	0.28 +/- 0.07	4.41 +/- 0.00	82.20 +/- 1.20	195.00
97.00	92.80	0.110 / 0.179	180.460	175.070	93.900	100	0.80 +/- 0.09	0.28 +/- 0.00	0.14 +/- 0.11	0.19 +/- 0.07	0.28 +/- 0.07	4.41 +/- 0.00	82.20 +/- 1.20	195.00
98.00	92.80	0.110 / 0.181	155.440	146.740	95.400	100	1.30 +/- 0.00	0.25 +/- 0.00	0.14 +/- 0.08	0.19 +/- 0.12	0.26 +/- 0.13	5.17 +/- 0.00	83.90 +/- 1.20	188.00
99.00	92.80	0.110 / 0.182	175.850	164.590	94.800	100	1.00 +/- 0.10	0.28 +/- 0.05	0.14 +/- 0.07	0.19 +/- 0.05	0.28 +/- 0.05	5.40 +/- 0.00	84.00 +/- 1.20	188.00



## 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																	
<b>Sav</b>						Pistes												
<b>Read 1</b>						#	Valide ?	Comptes Rendus										
#	Density (K/mm <sup>2</sup> )	% 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				
<b>Read 2</b>															Alertes			
#	Density (K/mm <sup>2</sup> )	% 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\_C4VNAACXX

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 / 0.137	216.41	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 / 0.137	190.04	177.77	93.8	17.0	100	0.0	0.4 +/- 0.1
7	96	949 +/- 86	84.86 +/- 1.58	0.195 / 0.157	234.80	196.45	88.3	16.0	100	0.0	0.5 +/- 0.1
8	96	824 +/- 100	88.30 +/- 2.34	0.207 / 0.162	227.93	206.79	88.9	26.1	100	0.0	0.5 +/- 0.1

**Read 2 (I)**

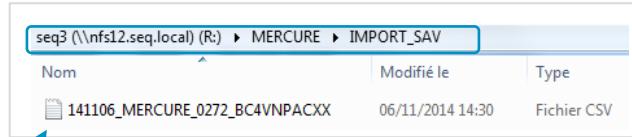
Lane	Title	Density (Bases/m²)	Cluster PF (%)	Phosphoresc.	Reads (M)	Reads PF (M)	% > Q20	Yield (M)	Cycles	Reads	Aligned (%)
1	96	732 +/- 64	91.97 +/- 1.36	0.000 / 0.000	202.31	105.78	52.7	1.1	0	0.0	0.0 +/- 0.0
2	96	744 +/- 100	92.96 +/- 0.90	0.000 / 0.000	205.57	106.49	52.9	1.1	0	0.0	0.0 +/- 0.0
3	96	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	216.41	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	84.86 +/- 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	88.30 +/- 2.34	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	0.188 / 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 / 0.137	216.41	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 / 0.135	190.04	177.77	50.5	1.0	0	0.0	0.7 +/- 0.1
7	96	949 +/- 86	84.86 +/- 1.58	0.140 / 0.157	234.80	196.45	50.4	1.0	0	0.0	0.5 +/- 0.1
8	96	824 +/- 100	88.30 +/- 2.34	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).



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

141029\_HISEQ5\_C4VN4ACXX Séquençage en cours

Code	Type	Nb Cycles	Ligne Contrôle
141029_HISEQ5_C4VN4ACXX	RH12100	0	Code Fixated : C4VN4ACXX
Etat : Démarquer en cours			% Châssis installé : 0 (max)
Véifié : ---			No Châssis M. total : 0
Complex Rendus			Postion Fixated
Critères			No Bases total : 0
Evalué par : septeur (30/11/2014)			Version RTA
			Version Fixated
			A consigner : <input checked="" type="checkbox"/>
			Supprimer : Non

Détails évaluation

Run 1	# Density (Kbases/m²)	% Cluster	% Phosphoresc.	Reads (M)	Reads PF (M)	% > Q20	Cycles	Aligned (%)	% Error Rate	% Error Rate Cycle 35	% Error Rate Cycle 75	% Error Rate Cycle 1	% Error Rate Cycle 20
1	91.00	8.00	0.197	0.232	195.670	173.480	91.400	100	0.19 +/- 0.00	0.28 +/- 0.12	0.21 +/- 0.03	0.28 +/- 0.15	0.10 +/- 0.00
2	133.00	4.40											303.000
3	93.00	8.00	0.194	0.237	188.780	169.940	91.800	100	0.10 +/- 0.00	0.39 +/- 0.13	0.13 +/- 0.04	0.22 +/- 0.10	0.30 +/- 0.16
4	63.00	2.20											537.000
5	676.00	8.00	0.211	0.237	186.820	168.910	92.100	100	0.10 +/- 0.00	0.32 +/- 0.15	0.25 +/- 0.12	0.32 +/- 0.13	0.34.000
6	116.00	3.20											456.000
7	131.00	2.10											439.000
8	91.00	8.00	0.184	0.209	169.510	158.970	94.220	100	0.10 +/- 0.00	0.18 +/- 0.14	0.27 +/- 0.13	0.35 +/- 0.15	305.000
9	91.00	8.00	0.195	0.232	182.540	169.740	93.700	100	0.09 +/- 0.00	0.34 +/- 0.19	0.28 +/- 0.17	0.36 +/- 0.17	4.000.000
10	91.00	8.00	0.185	0.232	164.560	154.510	94.400	100	0.09 +/- 0.00	0.34 +/- 0.17	0.28 +/- 0.17	0.35 +/- 0.17	4.000.000
11	122.00	2.10											321.000
12	91.00	8.00	0.185	0.235	194.560	180.910	92.100	100	0.09 +/- 0.00	0.27 +/- 0.15	0.35 +/- 0.17	0.40 +/- 0.15	4.000.000
13	91.00	8.00	0.185	0.235	199.240	181.940	92.800	100	0.09 +/- 0.00	0.24 +/- 0.11	0.32 +/- 0.13	0.40 +/- 0.15	4.000.000
14	92.00	8.00	0.187	0.219	221.860	196.75	90.800	100	0.09 +/- 0.00	0.24 +/- 0.21	0.37 +/- 0.23	0.46 +/- 0.22	4.000.000

Run 2

Lane	Title	Density (Bases/m²)	Cluster PF (%)	Phosphoresc.	Reads (M)	Reads PF (M)	% > Q20	Cycles	Aligned (%)	% Error Rate
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
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
3	96	817 +/- 80	91.97 +/- 1.23	0.188 / 0.146	223.95	106.21	52.7	0.0	0	0.0 +/- 0.0
4 (C)	96	955 +/- 80	90.90 +/- 1.37	0.177 / 0.137	216.41	210.91	52.3	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
6	96	687 +/- 87	93.74 +/- 1.49	0.129 / 0.135	190.04	177.77	50.5	1.0	0	0.0 +/- 0.1
7	96	949 +/- 86	84.86 +/- 1.58	0.140 / 0.157	234.80	196.45	50.4	1.0	0	0.0 +/- 0.1
8	96	824 +/- 100	88.30 +/- 2.34	0.162 / 0.154	227.93	206.79	50.8	1.0	0	0.0 +/- 0.1

Run 3

Lane	Title	Density (Bases/m²)	Cluster PF (%)	Phosphoresc.	Reads (M)	Reads PF (M)	% > Q20	Cycles	Aligned (%)	% Error Rate
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
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
3	96	817 +/- 80	91.97 +/- 1.23	0.188 / 0.146	223.95	106.21	52.7	0.0	0	0.0 +/- 0.0
4 (C)	96	955 +/- 80	90.90 +/- 1.37	0.177 / 0.137	216.41	210.91	52.3	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
6	96	687 +/- 87	93.74 +/- 1.49	0.129 / 0.135	190.04	177.77	50.5	1.0	0	0.0 +/- 0.1
7	96	949 +/- 86	84.86 +/- 1.58	0.140 / 0.157	234.80	196.45	50.4	1.0	0	0.0 +/- 0.1
8	96	824 +/- 100	88.30 +/- 2.34	0.162 / 0.154	227.93	206.79	50.8	1.0	0	0.0 +/- 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"> <li>◦ clusterDensity=1100</li> <li>◦ clusterPFPerc=61.0</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>◦ phasing=0.55</li> <li>◦ prephasing=0.57</li> <li>◦ errorRatePerc=0.73</li> </ul>
Number=7 cyclesErrRated=99	<ul style="list-style-type: none"> <li>◦ greaterQ30Perc=70.0</li> </ul>	
Number=8 cyclesErrRated=99		<ul style="list-style-type: none"> <li>◦ % aligned=0.3</li> </ul>

• read2

Lane	BAD	FLAG
Number=1 cyclesErrRated=99	<ul style="list-style-type: none"> <li>◦ errorRatePercCycle75=1.1</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>◦ errorRatePercCycle35=0.9</li> </ul>
Number=2 cyclesErrRated=99	<ul style="list-style-type: none"> <li>◦ clusterDensity=1100</li> <li>◦ clusterPFPerc=61.0</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>◦ phasing=0.33</li> <li>◦ prephasing=0.42</li> <li>◦ errorRatePerc=0.91</li> </ul>
Number=7 cyclesErrRated=99	<ul style="list-style-type: none"> <li>◦ greaterQ30Perc=55.0</li> </ul>	
Number=8 cyclesErrRated=99		<ul style="list-style-type: none"> <li>◦ % aligned=0.3</li> </ul>



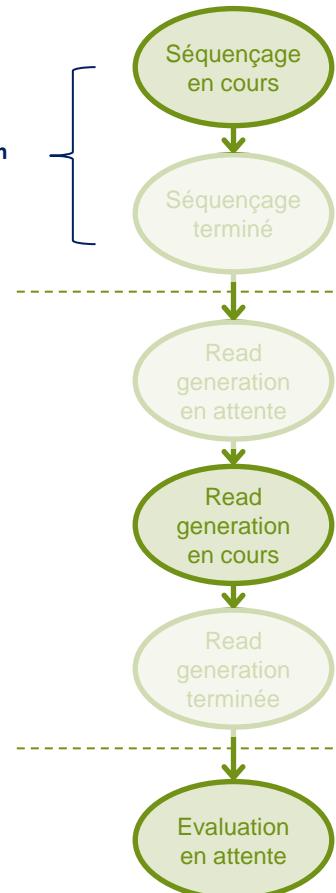
# WORKFLOW RUN

- Séquençage en cours : création automatique du run**  
→ interface du run visible dans NGL\_BI.

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

- Transfert terminé** → données d'NGS\_RG importées dans NGL\_BI et visibles dans l'interface du run.

- Passage automatique à « Evaluation en attente ».**



Two screenshots of software interfaces are shown, each with arrows pointing from specific sections to the corresponding steps in the workflow diagram above.

**Top Screenshot:** 131108\_HISEQ2\_C2GL1ACXX Séquençage en cours

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

**Bottom Screenshot:** 121107\_HISEQ1\_D094VACXX Evaluation 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

**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

Evalué par galbini (21/11/2013)

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	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	

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_B00FPM3_4_D1DAGACXXIND5	93	124,118,098	25,071,855,796	90.22	35.31	---	---
5	E410_FA_B00FPM4_5_D1DAGACXXIND5	93	138,916,918	28,061,217,436	89.66	35.18	---	---
6	E410_FA_B00FPM5_6_D1DAGACXXIND5	92	147,023,056	29,698,657,312	89.51	35.1	---	---
7	E410_FA_B00FPM6_7_D1DAGACXXIND5	93	128,230,516	25,902,564,232	90.72	35.45	---	---
8	E410_FA_B00FPMF_8_D1DAGACXXIND6	83	79,975,130	16,154,976,260	92.6	36.03	---	---



# WORKFLOW RUN

(écrans pris sur différents runs)

1. Séquençage en cours : création automatique du run  
→ interface du run visible dans NGL\_BI.

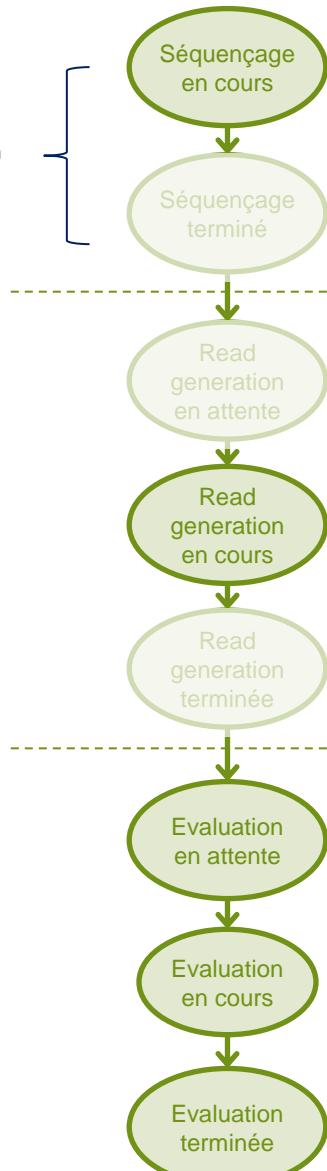
2. Import(s) SAV Summary Report en cours ou à la fin du run  
→ données visualisables dans l'interface du run.

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 ».



## 131108\_HISEQ2\_C2GL1ACXX Séquençage en cours

	Type	RH42000	Nb Cycles	Ligne Contrôle	Version RTA
Code	131108_HISEQ2_C2GL1ACXX	runs_nb_cluster_total	1	C2GL1ACXX	Version Flawcell
Etat	Séquençage en cours	runs_nb_cluster_llumina		Code Instrument	HISEQ2
Validé ?	—	runs_nb_bases_gb		Categorie Instrument	
				Piles	
				#	Validé ?
				1	—
				2	—
				3	—
				4	—
				5	—
				6	—
				7	—
				8	—

## 121107\_HISEQ1\_D094VACXX Evaluation en attente

	Type	RH02000	Nb Cycles	Ligne Contrôle	Version RTA
Code	121107_HISEQ1_D094VACXX	runs_nb_cluster_total	51	D094VACXX	Version Flawcell
Etat	Evaluation en attente	runs_nb_cluster_llumina	1,174,025,174	Position Flawcell	HISEQ1
Validé ?	—	runs_nb_bases_gb	68,119,229,712	Categorie Instrument	
				Piles	
				#	Validé ?
				1	—
				2	—
				3	—
				4	—
				5	—

## 121203\_HISEQ7\_D1DAGACXX Evaluation terminée

	Type	RH52000	Nb Cycles	Ligne Contrôle	Version RTA
Code	121203_HISEQ7_D1DAGACXX	runs_nb_cluster_total	101	D1DAGACXX	Version Flawcell
Etat	Evaluation terminée	runs_nb_cluster_llumina	1,121,897,788	Position Flawcell	HISEQ7
Validé ?	Oui	runs_nb_bases_gb	238,045,348,041	Categorie Instrument	
				Piles	
				#	Validé ?
				1	Oui
				2	Non
				3	report result
				4	reinit
				5	—
				6	—
				7	—
				8	—

# 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	---	---

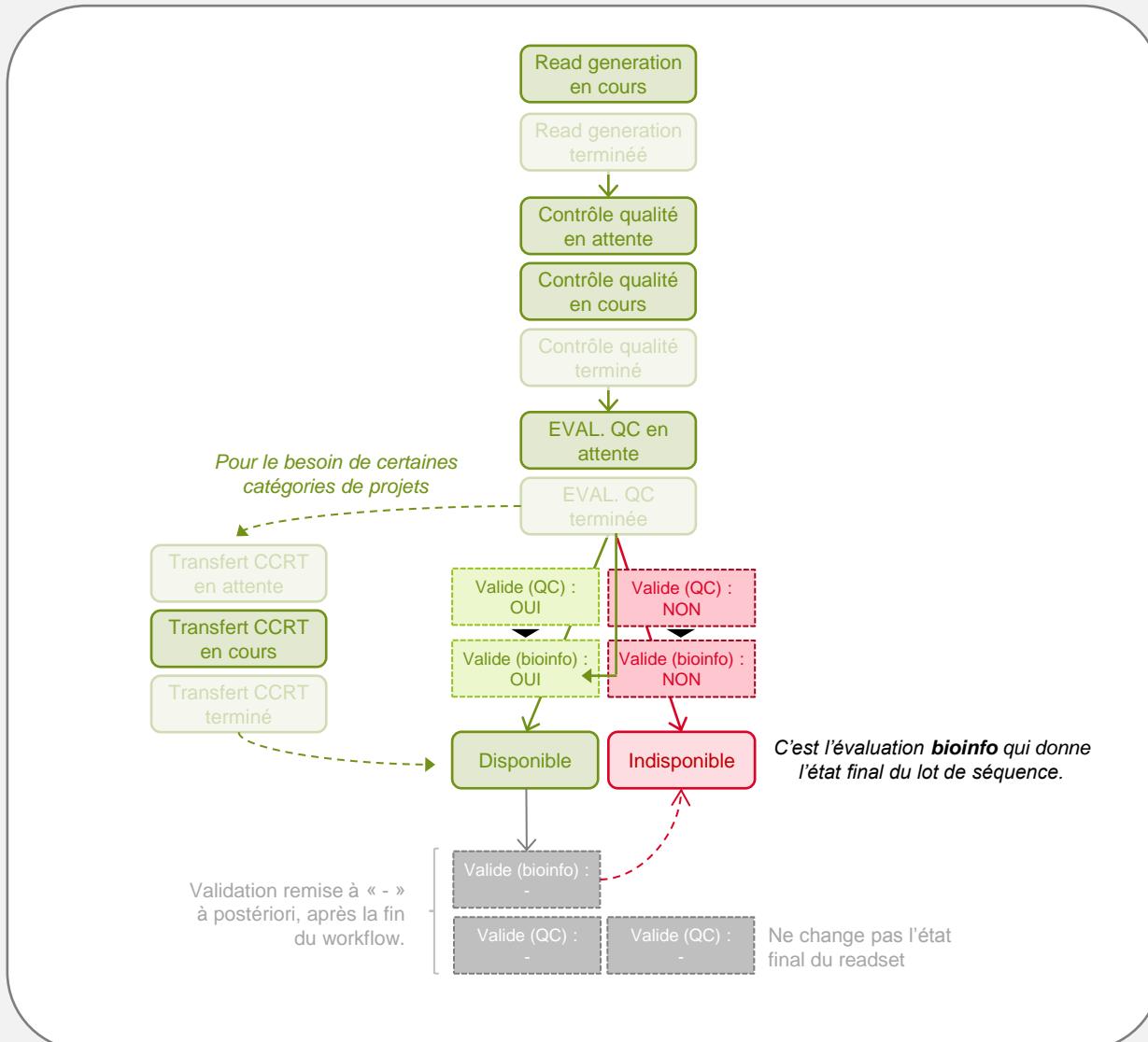
| PAGE 106



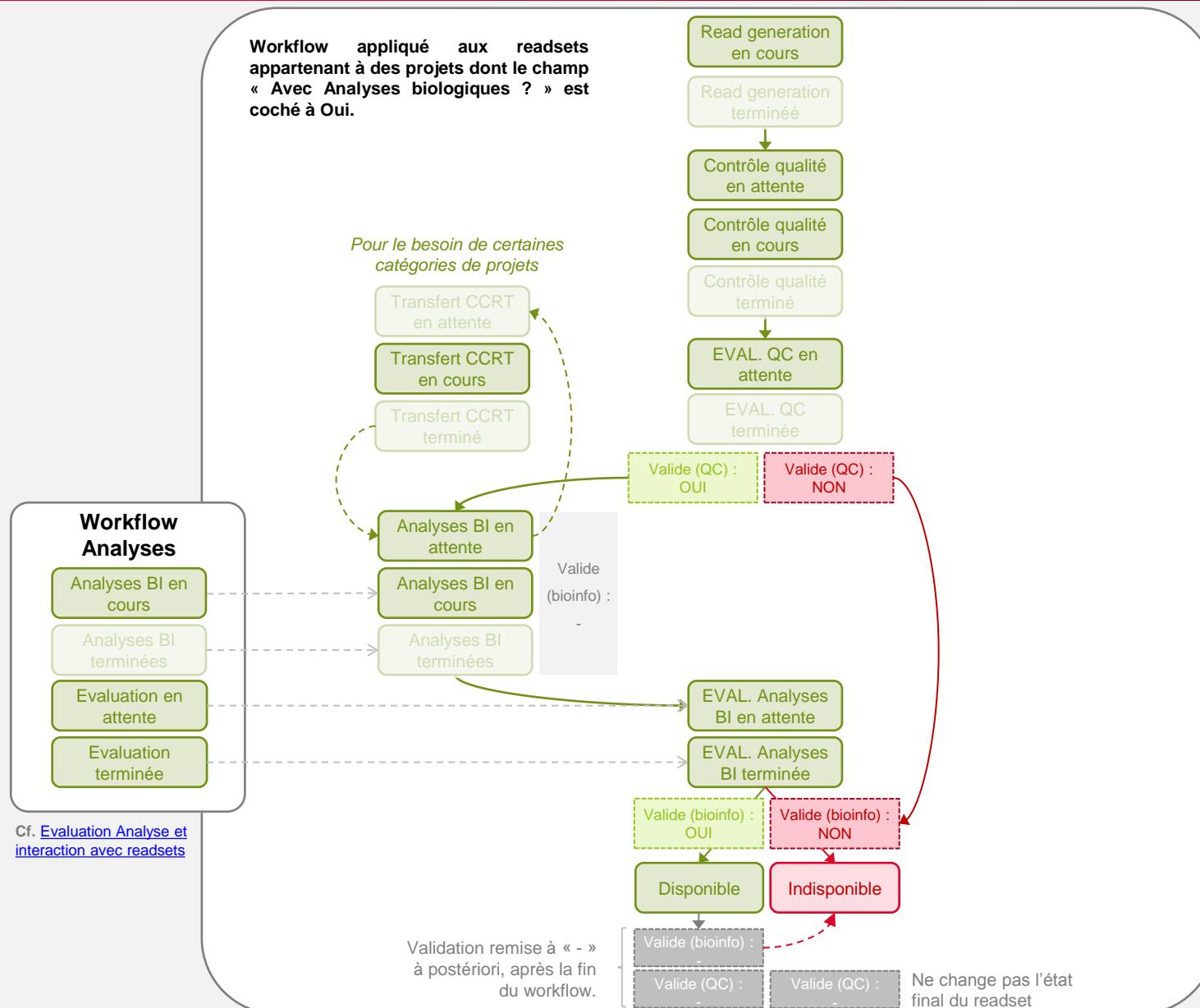
# Workflow READSET



# WORKFLOW READSET « CLASSIQUE »



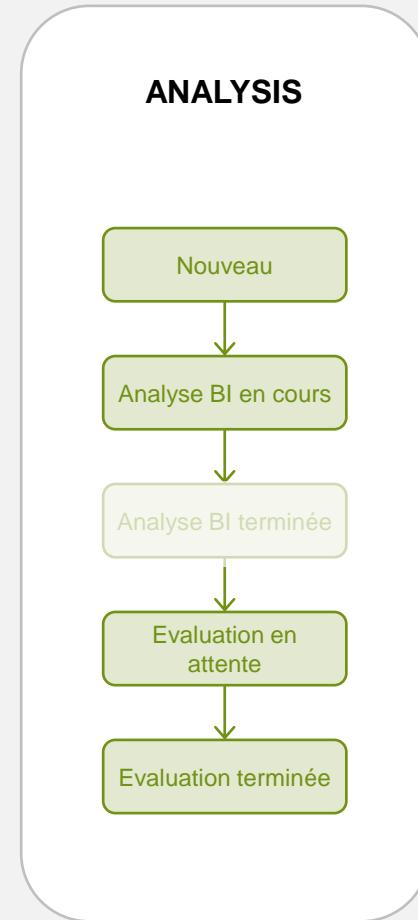
# WORKFLOW READSET AVEC ANALYSES BIOLOGIQUES



# 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

