

DE LA RECHERCHE À L'INDUSTRIE



INTERFACES DE SUIVI ET DE VALIDATION DES RUNS, READSETS ET ANALYSES

DOCUMENTATION UTILISATEURS

SOMMAIRE

➤ S'authentifier et utiliser les raccourcis de la page d'accueil	p.3
➤ Rechercher des runs, readsets ou analyses	p.6
➤ Visualiser les détails et les traitements :	
• d'un run	p.12
• d'un readset et export PDF des résultats	p.18
• d'une analyse	p.37
➤ Visualiser des readsets ou analyses selon une configuration de tableau spécifique	p.39
➤ Effectuer du reporting sur les readsets	p.41
➤ Générer des représentations graphiques de statistiques sur les readsets	p.43
➤ Évaluer des runs, readsets ou analyses et générer des highlights via des critères d'évaluation :	
• Runs	p.48
• Readsets	p.54
• Analyses	p.60
➤ Fonctionnalités du tableau de résultats	p.64
• Éditer dans un tableau	p.66
• Exporter les résultats en CSV	p.69
• « Grouper » des résultats	p.71
➤ Renseigner des runs / des readsets :	
• Run : A conserver ?	p.74
• Readset : Envoyé au CCRT ? / Envoyé au collaborateur ?	p.75
➤ Changer l'état d'un run, readset ou analyse (se référer au workflow)	p.76
➤ Workflow RUN, READSET et ANALYSES	p.82
• Procédure d'import SAV	p.89
➤ ANNEXES	p.101

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



JASIG



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.

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 ?

| PAGE 5

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 :

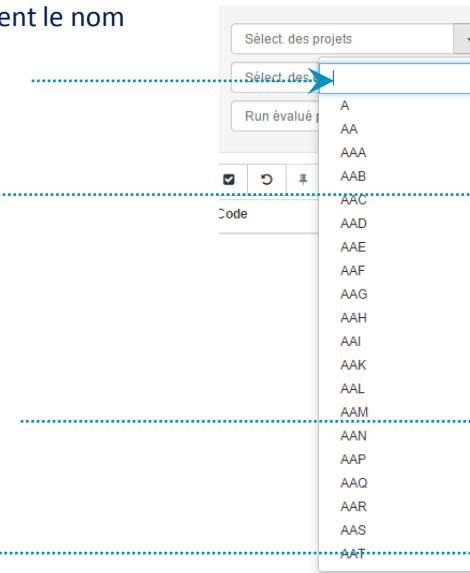
- Sélectionnez des projets (*nomenclature CNS : « AQI » / nomenclature CNG : « ECTOPIA_432 »*);
- Sélectionnez des échantillons (*ne peut être utilisé que si un ou plusieurs projets sont sélectionnés*);
- Date run depuis le (jj/mm/aaaa);
- Date run jusqu'au (jj/mm/aaaa);
- Sélectionnez des instruments (*Mercure, Platine, Hiseq10, ...*);
- 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*)

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.

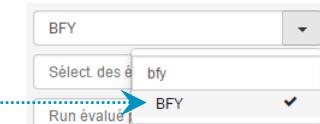


FILTRES DE RECHERCHE MULTI-PROJETS / MULTI-ECHANTILLONS

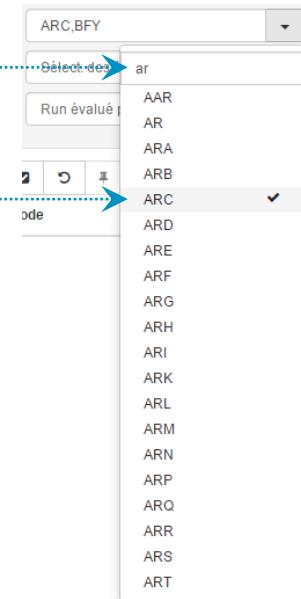
- Pour sélectionner un ou plusieurs projet(s), taper des lettres qui composent le nom / code du projet dans la cellule située en haut de la liste déroulante.



- 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.



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 at the top right is highlighted with a blue box and a magnifying glass icon. To its left is a 'Lancer la recherche' (Launch search) button. Below the search bar are several dropdown menus and input fields for filtering projects, samples, codes, dates, states, evaluations, instruments, and resolution types. At the bottom right of the search area is a 'Réinitialiser tous les filtres de recherche' (Reset all search filters) button.

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 (*Mercure, Platine, Hiseq10, ...*) ;
- 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 :

- Envoyé CCRT ? (*oui | non*) ;
- Envoyé Collaborateur ? (*oui | non*) ;



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_ACNH OSF 1_ABCD3.IND28	141017_MELISSE_ABCD3	1	BFY	BFY_ACNH	17/10/2014
BKB_IN OSF 1_ABAV8.IND21	141017_MIMOSA_ABAV8	1	BKB	BKB_IN	17/10/2014
BKB_AKH OSF 1_ABAV8.IND22	141017_MIMOSA_ABAV8	1	BKB	BKB_AKH	17/10/2014
BKB_AIB OSF 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_ABCD 1.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_ABCD 3.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 » ne va pas être 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 ».

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.

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.

The screenshot shows the NGL-BI software interface. At the top, there is a navigation bar with tabs: NGL-BI, Evaluation, Runs, Readsets, Analyses, Statistiques, and Archives. The 'Runs' tab is currently selected. Below the navigation bar is a search panel titled 'Recherche' containing a list of recent runs: 141027_PLATINE_H072KAMXX, 141024_MIMOSA_ABCJT, 141023_MELISSE_AAUNG, and 141022_CARBONE_C4VM6ACXX. To the right of the search panel is a main area with several input fields: 'Sélect. des projets', 'Sélect. des échantillons', 'Run jusqu'au (jj/mm/aaaa)', 'Sélect. des instruments', 'Sélect. des états', 'Sélect. des types', 'Sélect. une évaluation', 'Sélect. un run', and 'Sélect. des résol. de run / lane'. Below these fields is a table with columns: Code, Type, Date Run, Date fin RG, Etat, and Valide ?. The table lists seven runs, with the first run (141027_PLATINE_H072KAMXX) highlighted in blue. A large blue arrow points downwards from the search panel towards the detailed view of the selected run.

Code	Type	Date Run	Date fin RG	Etat	Valide ?
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

The screenshot shows the detailed view for the run 141027_PLATINE_H072KAMXX, which is currently sequencing. The top part of the screen displays the run code and its status: "Séquençage en cours". Below this, there are several sections of information:

- Run Identification:** Code: 141027_PLATINE_H072KAMXX, Type: RHS2500R, Nb Cycles: 1, Code Instrument: PLATINE, Date Run: 27/10/2014.
- Run Status:** Etat: Séquençage en cours, Valide ?: ---, % Clusters filt. (moyenne): ---, Nb Clusters (total): ---.
- Flowcell Details:** Ligne Contrôle, Code Flowcell: H072KAMXX, Position Flowcell: ---, Version RTA: ---, Version Flowcell: ---.
- Comptes Rendus (Logs):** Includes sections for Comptes Rendus, Critères, and Evalué par (0).
- Suppression Options:** A checkbox labeled "A conserver ?" with an unchecked state, and a "Supprimé" button with a "Non" label.
- Détails évaluation (Evaluation details):** A section showing the evaluation status.
- Pistes (Tracks):** A table showing tracks for Piste 1 and Piste 2, with columns: #, Valide ?, and Comptes Rendus.

At the bottom left, there is a "Readsets (0)" button. On the bottom right, there is a "PAGE 14" indicator and a small house icon.

INTERFACE RUN – DÉTAILS

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

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

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



Résultat évaluation RUN

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

Données ngsrg [RUN]

Onglets traitements [LANES]

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

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

Statistiques associées au traitement [LANES]

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

Récapitulatif des lots de séquences sur la FC et métriques importantes



VISUALISER UN RUN DANS SON WORKFLOW

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



Run status flow

```

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

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

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



RACCOURCIS RUNS – READSETS

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

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

#	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

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

Pistes

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)

Sélect. des lanes
▼

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.

Voir Readsets
Evaluer Readsets

| PAGE 17

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

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

Résultat évaluation lot de séquence

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

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

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



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	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)

Editer

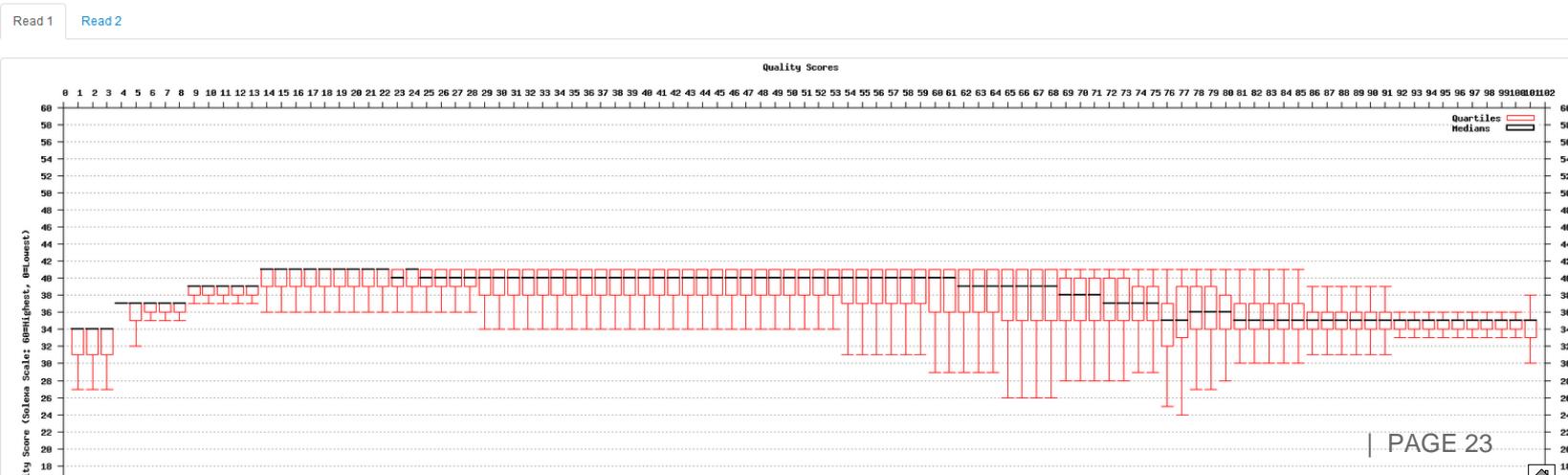
Général Avancé

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	RHS2000
Valide QC ?	Non	Valide BioInfo ?	Oui	Nb Cycles	209
Comptes Rendus QC	Problème qualité Q30 duplicat > 30	Comptes Rendus BioInfo			
Critères QC	Default	Critères BioInfo	Low		
Évalué par	nsgsr (10/03/2014)	Évalué par	nsgsr (10/03/2014)		

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

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



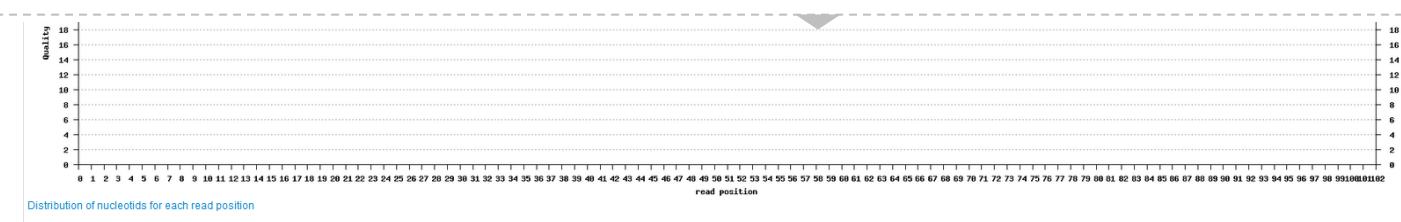
Statistiques associées au traitement [READSET]

INTERFACE READSET – DÉTAILS (5/14)

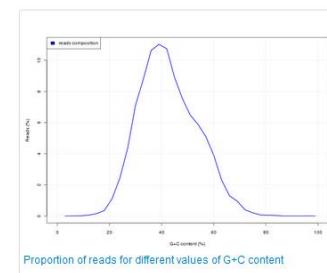
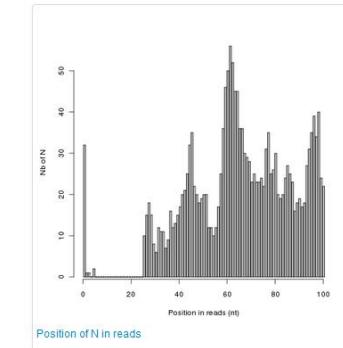
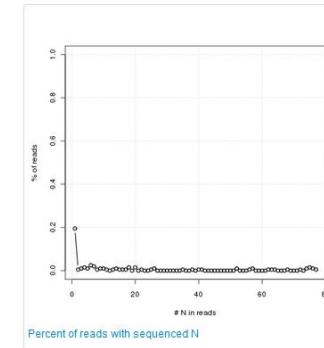
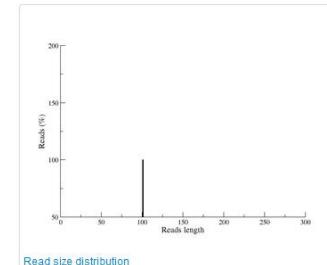
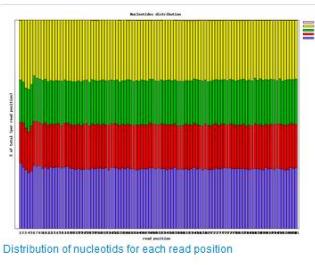
Onglets
traitements
[READSET]

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

Read 1 Read 2



Statistiques associées au traitement [READSET]



INTERFACE READSET – DÉTAILS (6/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de séquence →

BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)



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	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)



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	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)

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)



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	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)



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	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]

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 %

* pas encore disponible pour le CNG

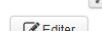


INTERFACE READSET – DÉTAILS (10/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de
séquence

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



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	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]

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)

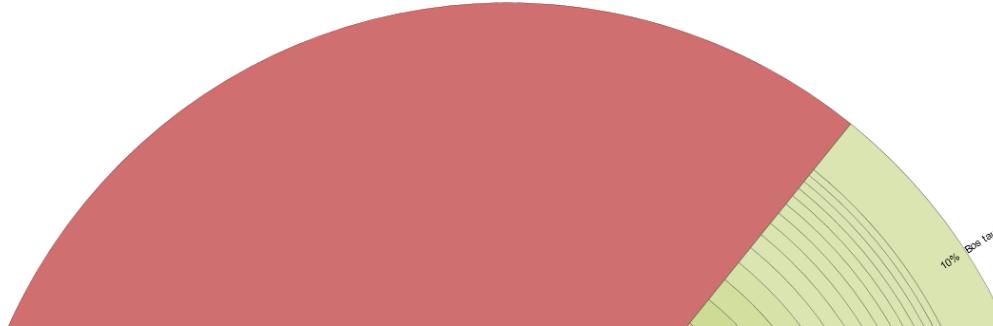
Bilans Krona Arbre phylogénétique

Krona ← → Search: x

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)

Editer

Général Avancé

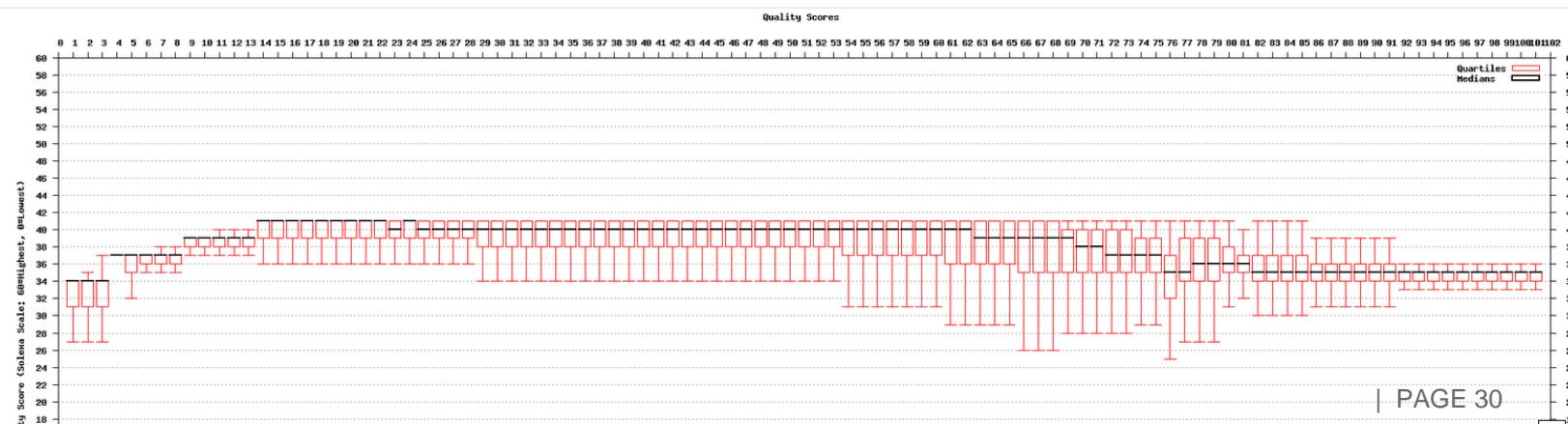
Code	BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2	Nb Séquences utiles	200,311,306	Run / N° Piste	140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2
Etat	Disponible	Nb Bases utiles	39,920,324,496	Type de Run	RHS2000
Valide QC ?	Non	Valide BioInfo ?	Oui	Nb Cycles	209
Comptes Rendus QC	Problème qualité Q30 duplicat > 30	Comptes Rendus BioInfo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

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

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

Read 1 Read 2



Statistiques associées au traitement [READSET]



INTERFACE READSET – DÉTAILS (12/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de séquence →

BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)



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	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]

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

	Read 1	Read 2	Paired
Estimation de lectures dupliquées	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)

Editer

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	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)		

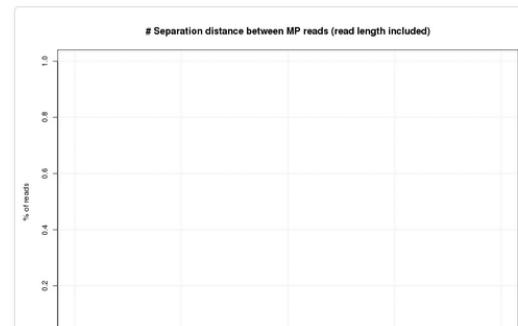
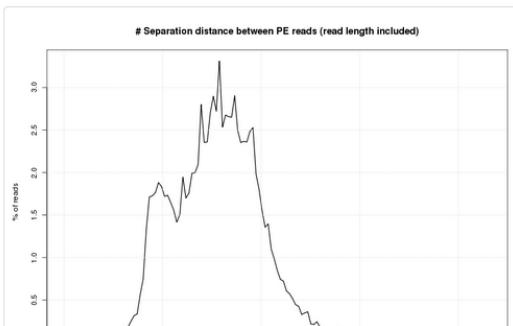
Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

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)

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)



Général Avancé

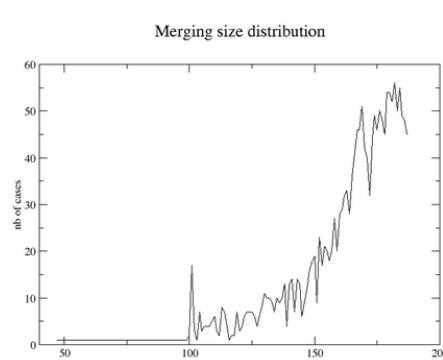
Code	BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2	Nb Séquences utiles	200,311,306	Run / N° Piste	140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2
Etat	Disponible	Nb Bases utiles	39,920,324,496	Type de Run	RHS2000
Valide QC ?	Non	Valide BioInfo ?	Oui	Nb Cycles	209
Comptes Rendus QC	Problème qualité Q30 duplicat > 30	Comptes Rendus BioInfo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

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

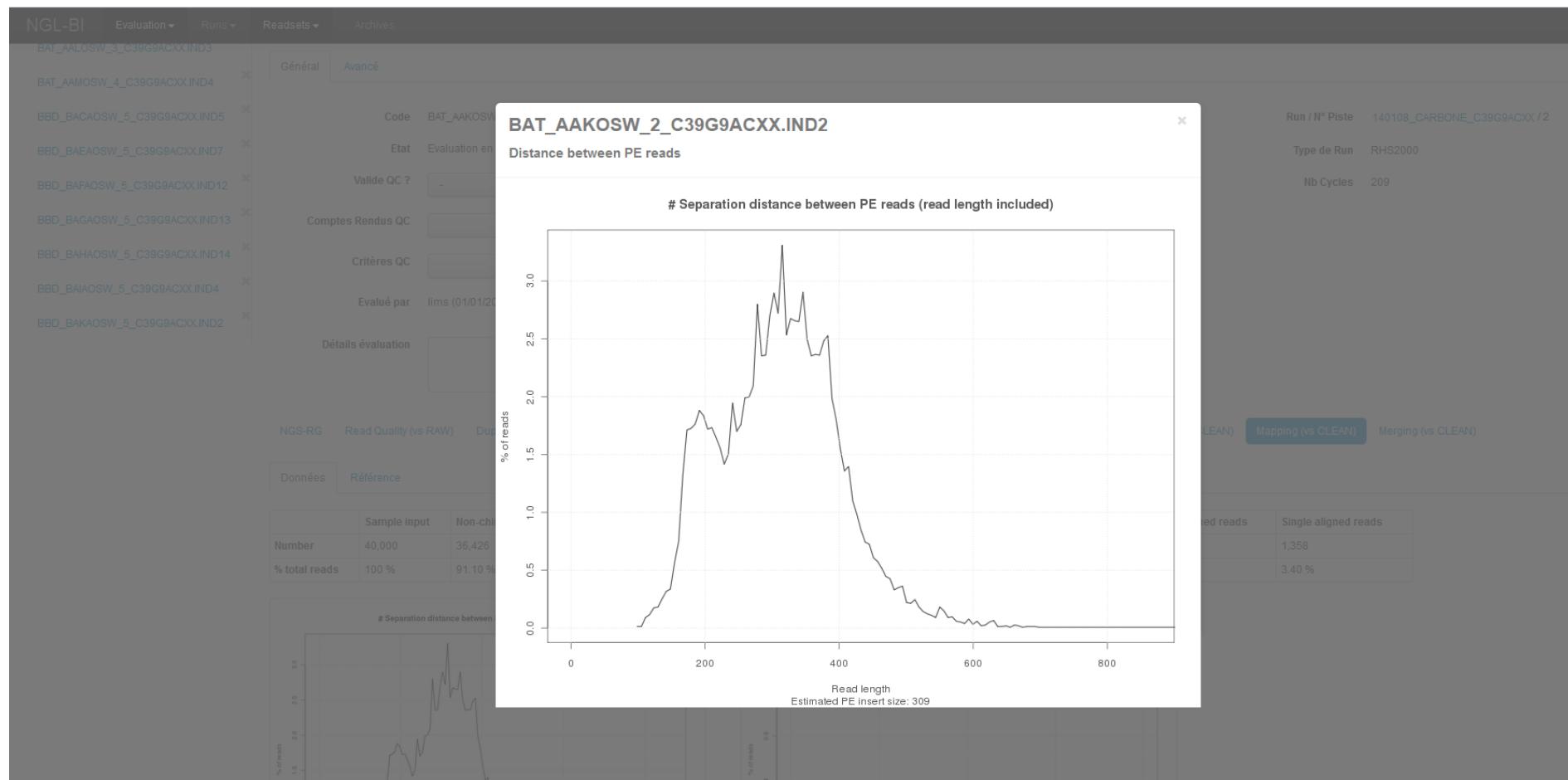


* pas encore disponible pour le CNG



INTERFACE READSET – ZOOM IMAGES

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



VISUALISER UN READSET DANS SON WORKFLOW

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



Recherche

BFY_ACBFOSF_1_A9YMU.IND36

BFY_ACBFOSF_1_A9YMU.IND36 Disponible

ReadSet status flow

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

```

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

Nb Séquences

Nb Bases

Valide Bio

Comptes Rendus Bio

Critères Bio

Evalu

Vector Vecteur

Trimming Vecteur

valides

| PAGE 35

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 »

The screenshot shows a software interface for managing sequencing data. At the top, there's a navigation bar with links like 'Vues', 'Statistiques', 'Archives', and a user 'jguy'. Below the navigation is a title 'BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4 Analyse BI en cours'. The main area displays various statistics and parameters:

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	Validé BioInfo ?	---	Nb Cycles	609

Below this, there are two tabs: 'Général' (selected) and 'Avancé'. The 'Avancé' tab contains more detailed information:

Code	BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4	Run / N° Piste	140912_MELISSE_A9YMU / 1
Validé QC ?	Oui	Type de Run	RMISEQ
Comptes Rendus QC		Nb Cycles	609
Critères QC	critères éval. blé PE masse	Date Run	12/09/2014
Evalué par	clouesse (17/09/2014)	Date fin RG	14/09/2014 00:00:00
Nb Séquences utiles	481 265	Date fin QC	17/09/2014 08:59:23
Nb Bases utiles	269 304 239	SSID	1712789875
Validé BioInfo ?	---	Date de l'archive	15/09/2014 00:00:00
Comptes Rendus BioInfo		Chemin	/env/cns/proj/projet_BFY/ABTD/RunsSolexa/140912_MELISSE_A9YMU/
Critères BioInfo		Envoyé CCRT ?	<input type="checkbox"/>
Evalué par	clouesse (17/09/2014)	Envoyé Collaborateur ?	<input type="checkbox"/>

At the top right of the main window, there are buttons for 'Editor', 'Mode impression' (with a blue arrow pointing up), and 'Mode impression' (with a blue arrow pointing down). A large downward arrow points from the 'Mode impression' button to the 'Impression' dialog.

The 'Impression' dialog box is open, showing options for printing or saving to PDF. It includes fields for 'Destination' (with a circled 'Enregistrer au format PDF' checkbox), 'Pages' (radio buttons for 'Tous' or 'par exemple : 1-5, 8, 11-13'), 'Marges' (dropdown menu), and a date '31/10/2014'. To the right of the dialog, there's a 'Readsets' section with a list of recent destination locations. A small 'PAGE 36' is visible at the bottom right.

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.

Filtres Choix Colonnes

BGT Sélect. des échantillons Regex pour le code Run depuis le (jj/mm/aaaa) Run jusqu'au (jj/mm/aaaa) Q S Sélect. colonnes config.

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

Sélect. des instruments Sélect. des resol. QC. ReadSet évalué par: Configuration tara Configuration blé

Taille (10) 9 Résultat(s)

Colonnes « fixes »

Code	% >= Q30	Score Qualité moyen	Nb Séquences valides	Nb Séquences utiles	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Date Run	Etat	% Triticum aestivum + triticeae + triticum	% Removed Reads (E. coli)	% Merged reads	Median size of merged reads(bases)	Estimation % lectures dupliquées (paires)	Validé QC ?	Critères QC	Comptes Rendus QC	Validé BioInfo ?	Comptes Rendus BioInfo	lien vers graph Z-score
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

Colonnes ajoutées

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
Choix Colonnes

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

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

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

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

Colonnes « fixes »										Colonnes ajoutées									
Code	Run	Nº Piste	Projet	Echantillon	Date Run	Etat	% >= Q30	Score moyen	% Déposé	Fraction de run	% Duplicates Pairs	% Removed Reads (E. coli)	% Bacteria	% Merged reads	Median size of merged reads (bases)	Validé QC ?	Comptes Rendus QC	Validé Biolinfo ?	Comptes Rendus Biolinfo
BFY_AAFIOSF_1_A6U0C.IND19	140523_MIMOSA_A6U0C	1	BFY	BFY_AAFI	23/05/2014	EVAL. Analyse BI en attente	83.77	33.29	3.400	0.034	0.155	6.280	1.140	67.425	530	Oui		---	
BFY_AADCOSF_1_A6U0C.IND33	140523_MIMOSA_A6U0C	1	BFY	BFY_AADC	23/05/2014	EVAL. Analyse BI en attente	82.07	32.82	3.300	0.033	0.305	5.020	0.630	62.445	525	Oui		---	
BFY_AAGAOSF_1_A6U0C.IND21	140523_MIMOSA_A6U0C	1	BFY	BFY_AAGA	23/05/2014	EVAL. Analyse BI en attente	84.58	33.54	3.300	0.033	0.255	5.100	0.580	82.835	500	Oui		---	
BFY_AAFGOSF_1_A6U0C.IND17	140523_MIMOSA_A6U0C	1	BFY	BFY_AAFG	23/05/2014	EVAL. Analyse BI en attente	83.55	33.22	3.400	0.034	0.140	6.060	0.980	66.490	529	Oui		---	
BFY_AAFKOSF_1_A6U0C.IND20	140523_MIMOSA_A6U0C	1	BFY	BFY_AAFK	23/05/2014	EVAL. Analyse BI en attente	83.46	33.22	3.400	0.034	0.320	5.660	0.690	66.130	531	Oui		---	
BFY_AAGDOSF_1_A6U0C.IND24	140523_MIMOSA_A6U0C	1	BFY	BFY_AAGD	23/05/2014	EVAL. Analyse BI	83.61	33.25	3.300	0.033	0.245	5.330	0.470	80.795	501	Oui		---	



Générer des représentations graphiques de statistiques sur les readsets

SÉLECTIONNER DES READSETS

POUR GÉNÉRER DES REPRÉSENTATIONS GRAPHIQUES DE STATISTIQUES

Aller dans le menu Statistiques > Readsets.

➤ Sélectionner 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: 'Propriété (nb séquences utiles, % duplcats, % rRNA, % bacteria, ...)' and 'Type de statistique à calculer (z-score, valeur simple, ...)'. Below these is a button '+ Sauvegarder le choix de la représentation graphique et l'ajouter à la liste'. On the left, a sidebar lists 'Selectionner des Readsets', 'Configuration Statistiques' (which is selected), and 'Visualiser les Graphiques'. On the right, there are two tables. The first table, titled 'Liste des représentations graphiques enregistrées', contains three results: 'Nb Séquences utiles' (Type: z-score), '% Bacteria' (Type: z-score), and '% Duplicates Pairs' (Type: simple-value). The second table, titled 'Sélection readsets - Requête enregistrée', shows a single result with parameters: 'projectCodes':["BCM"], 'fromDate':1398722400000, and a count of 26 results. A blue dashed box highlights the first table.

Propriété	Type	3 Résultat(s)
Nb Séquences utiles	z-score	
% Bacteria	z-score	
% Duplicates Pairs	simple-value	

Paramètres	Nombre de Résultats
{"projectCodes": ["BCM"], "fromDate": 1398722400000}	26

Sélection readsets - Requête enregistrée

Liste des représentations graphiques enregistrées



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

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	

Z-score : Nb Séquences utiles

Z-score : % Bacteria

% Duplicates Pairs

The chart displays the distribution of duplicate pairs across different readsets. The highest percentage of duplicates is found in Readset 140429_FLUOR_H89E9ADXX.IND20, reaching approximately 8%. Other significant peaks occur in Readset 140429_FLUOR_H89E9ADXX.IND21 (~5.8%) and Readset 140429_FLUOR_H89E9ADXX.IND22 (~6.2%).

Représentations graphiques choisies dans « configuration des statistiques »

| PAGE 46

VISUALISER 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.

Selectionner des Readsets

Tableau résultats

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)

Représentations graphiques choisies dans « configuration des statistiques »

TRI sur % duplicates pairs croissant (exemple)

Z-score : Nb Séquences utiles

z-score : % Bacteria

% Duplicates Pairs

9
8
7
6
5
4
3
2
1
0

% Duplicates Pairs

Readsets

■ % Duplicates Pairs



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 these fields, 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

* à prévoir

Code	121203_HISEQ7_D1DAGACXX	Type	RHS2000	Nb Cycles	101	Version RTA	1.13.48
Etat	Evaluation en cours	Nb Clusters (total)	1,217,697,789	Ligne Contrôle	1	Version Flowcell	HiSeq Flow Cell v3
Validé ?	Oui, Non, -	% Clusters filt. (moyenne)	93.93	Code Flowcell	D1DAGACXX	Code Instrument	HISEQ7
Comptes Rendus	reso1,reso2 *CR multi valeurs	Nb Clusters filt. (total)	1,143,757,649	Position Flowcell	A	Type d'Instrument	HISEQ2000
Non obligatoire		Nb Bases (total)	239,045,348,641				
Critères Non obligatoire							
Evalué par	ngsrg (20/02/2014)	User et Date					
Détails évaluation Non obligatoire	détails éval en commentaire						
		Commentaire (saisie libre) pour apporter des détails à l'évaluation					

Tracabilité des critères d'évaluation utilisés (nom de fichier par exemple, et historique des fichiers sauvegardé)
→ Highlights en fonction des critères utilisés

#	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)

#	Validé ?	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		Voir ReadSets		Évaluer ReadSets					
N° Piste	Code	Etat	% Séquences valides / piste	Nb Séquences valides	Nb Bases	% >= Q30	Score Qualité moyen	Validé QC ?	Validé BioInfo ?
1	E421_CB_B00EUIT_1_D1DAGACXX.LND4	Disponible	38.05	66,712,820	13,475,989,640	92.81	36.2	---	---
1	E421_CB_B00EPPR_1_D1DAGACXX.LND2	Disponible	37.72	66,141,643	13,360,611,886	92.7	36.15	---	---
1	E421_CB_B00EUU1_1_D1DAGACXX.LND5	Disponible	22.33	39,157,090	7,909,732,180	92.88	36.21	---	---
2	E410_FA_B00EP3N_2_D1DAGACXX.LND5	Disponible	93	133,223,439	26,911,134,678	90.73	35.47	---	---
3	E410_FA_B00FPLS_3_D1DAGACXX.LND5	Disponible	92.93	124,226,220	25,093,696,440	90.58	35.43	---	---

PAGE 50

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

Runs à Evaluer 140122_CARBONE_C37T3ACXX Evaluation terminée

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								
	séquencage								
	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								
Readsets (44)	Pistes								
#	Nb Cycles	Nb Clusters	% Séquences filtrées (interne)	Nb Séquences (filtre illumina + interne)	Nb Bases (filtre illumina + interne)	% Perte	#	Valide ?	Comptes Rendus
1	101,101	216,662,095	98.9	202,445,350	40,893,960,700	2.05	1	Non	fluidique
2	101,101	245,577,871	99.07	226,328,328	45,718,322,256	2.15	2	Oui	
3	101,101	263,532,461	99.25	239,924,225	48,464,693,450	3.87	3	Oui	
4	101,101	212,944,243	98.95	199,785,721	40,356,715,642	2.36	4	Non	densité clusters trop élevée
5	101,101	198,563,806	98.9	187,608,186	37,896,853,572	2.15	5	Oui	
6	101,101	197,800,988	98.91	187,033,175	37,780,701,350	2.3	6	Oui	
7	101,101	196,424,310	98.81	185,732,728	37,518,011,056	1.83	7	Non	phasing,prephasing,error rate
8	101,101	192,494,459	98.87	182,021,066	36,768,255,332	1.76	8	Oui	



ÉVALUATION LANES : CHOIX DES RÉSOLUTIONS

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

NGL-BI Evaluation ▾ Runs ▾ Readsets ▾ Archives ngsrg

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

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

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

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

Résolutions →
 1. Oui
 2. Non
 3. Non
 4. Non
 5. Oui
 6. Non
 7. Non
 8. Oui

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.



HIGHLIGHT ET CRITÈRES D'ÉVALUATION

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

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

140523_MIMOSA_A6U0C Evaluation en attente

Sauvegarder Annuler

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

Métriques à tester

NGS-RG								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 Evaluer Readsets

N° Piste	Code	Etat	% déposé	% Séquences valides / piste	Nb Séquences valides	Nb Bases	% >= Q30	Score Qualité moyen	Valide QC ?	Valide BioInfo ?
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_VGGOSF_1_A6U0C.IND27	EVAL, Analyse BI en attente	3.30	2.78	539,902	325,021,004	84.95	33.66	Oui	+

PAGE 53

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 Minéraux (Biomass)	Nb Cluster Minéraux (Humain)	% Séquences Minéraux (Internes)	Nb Séquences (Minéraux Internes + externes)	Nb Bases (Minéraux + externes)	% Perde	#	Valide ?	Complex Rendus
1	101.101	230.403.100	91.95	211.017.343	99.26	210.436.895	43.506.070.090	3.01	1	Oui	
2	101.101	229.710.349	92.54	212.110.307	99.18	210.391.797	42.499.142.994	3.95	2	Oui	
3	101.101	219.083.175	91.27	209.037.304	99.20	227.326.054	45.921.680.808	2.41	3	Oui	
4	101.101	230.422.005	92.24	217.145.404	99.22	216.450.494	43.520.099.788	2.32	4	Oui	
5	101.101	220.500.071	92.1	203.147.225	99.19	201.502.699	40.703.545.190	1.54	5	Oui	
6	101.101	230.383.340	91.64	216.449.629	99.34	217.002.284	43.834.491.368	1.92	6	Oui	
7	101.101	200.887.194	94.16	189.256.512	99.21	187.754.307	37.929.309.414	1.43	7	Oui	
8	101.101	241.993.005	91.5	221.418.632	99.26	219.973.823	44.434.712.240	1.98	8	Oui	

Nº Plate	Code	Etat	% dépend	% Séquences valides / plate	Nb Séquences valides	Nb Bases	% == Q30	Score Qualité moyen	Valide GC ?	Valide Biotope ?
1	NGI_BI_NGIGW_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 ?	- Valide QC ?
Comptes Rendus QC Non obligatoire	CR multi valeurs
Critères QC Non obligatoire	Critères d'évaluation utilisés
Evalué par	lims (01/01/2000) User et Date
Détails évaluation Non obligatoire	Commentaire (saisie libre) pour apporter des détails à l'évaluation

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

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

Stat. globales

Raccourci pour aller sur le RUN

Onglets traitements [READSET]

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

% Séquences valides / piste	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)

Separation

% of reads

Number

% total reads

FR (PE) aligned reads

RF (MP) aligned reads

FF aligned reads

RR aligned reads

Trans aligned reads

Single aligned reads

Mapping (vs RAW)

Contam. PhiX (vs TRIM)

Taxonomy (vs CLEAN)

Read Quality (vs CLEAN)

Duplicates (vs CLEAN)

Mapping (vs CLEAN)

Merging (vs CLEAN)

Problème qualité

Q30

répartition bases

adaptateurs/Kmers

duplicat > 30

Problème taxon

conta indéterminée

conta manip

conta mat ori

non conforme

mitochondrie

chloroplast

virus

bactéries

fungi

Problème ribosomes

% rRNA élevé



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).

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



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	

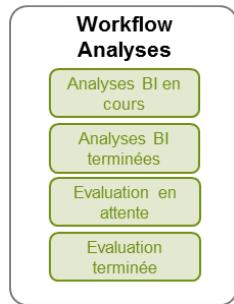


Évaluer des analyses et générer des highlights via des critères d'évaluation

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*)



The screenshot shows the NGL-BI web interface with the 'Analyses' tab selected. The main area displays a table of analysis results. The columns include: Code, Type, Code ReadSets Maître, Projects, Echantillons, Etat, Valid ?, and Comptes Rendus. A callout box with the text "Pour renseigner individuellement chaque analyse" points to the 'Valid?' column. Another callout box with the text "% merging reads size" points to the 'Comptes Rendus' column. On the right side, there is a sidebar with various metrics: Contigage N50, cumul nb contigs max size assembled reads, Size Filter % lost bases, and Scaffolding N50 cumul.

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	

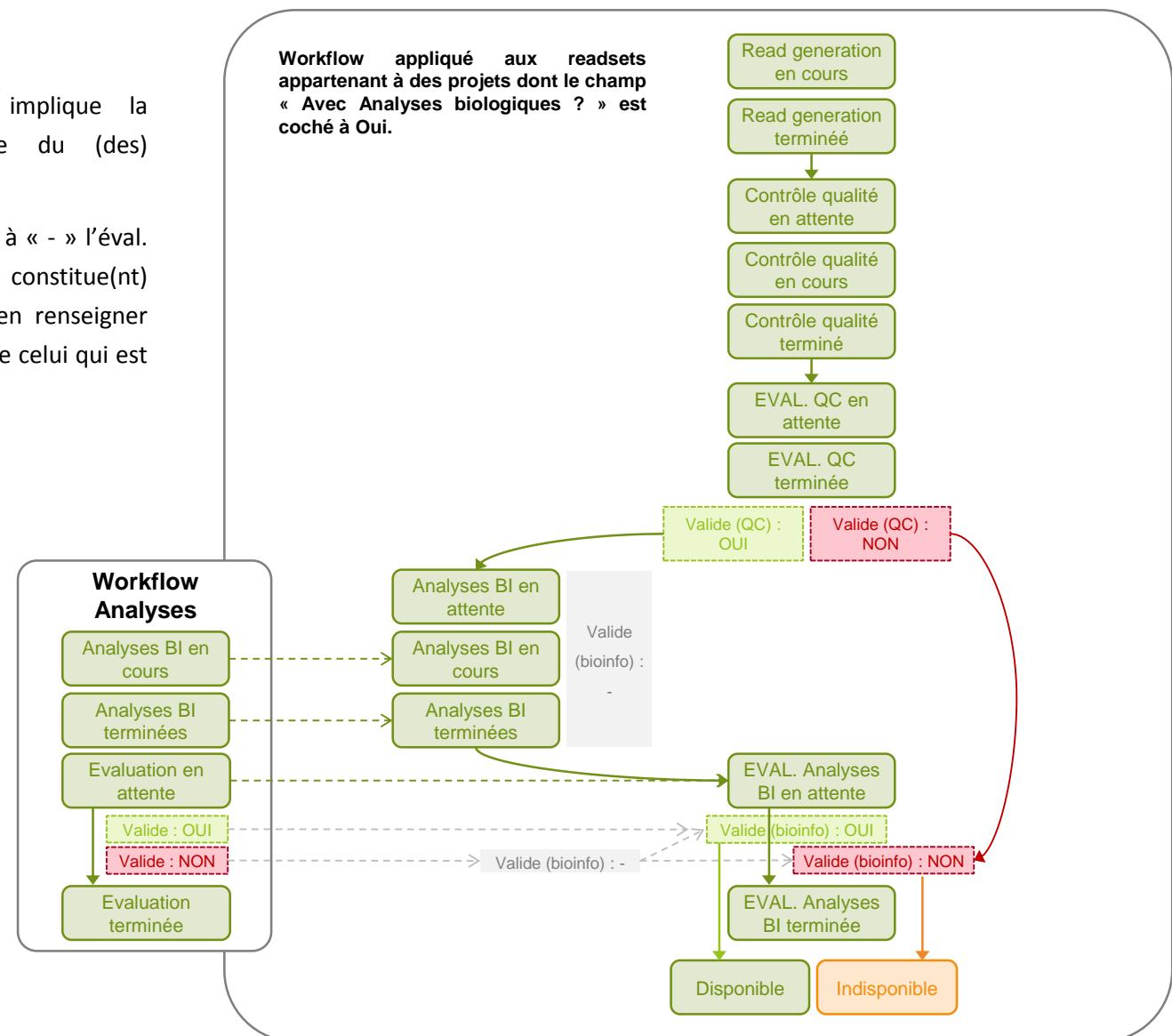


ÉVALUATION ANALYSES

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.



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.

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



Fonctionnalités du tableau de résultats

FONCTIONNALITÉS DU TABLEAU RÉSULTATS

Tableau général :

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

Colonnes :

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

Tout Sélectionner

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

Editer

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



Fonction éditer dans un tableau

FONCTION ÉDITER DANS UN TABLEAU (1/2)

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

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

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

Lignes sélectionnées individuellement, en cliquant dessus.

Chaque ligne renseignée indépendamment pour CR QC



FONCTION ÉDITER DANS UN TABLEAU (2/2)

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

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

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

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



Exporter les résultats de tableaux en CSV

EXPORT DES RÉSULTATS EN CSV

Le bouton « Export CSV » situé au dessus du tableau permet d'exporter en fichier CSV l'ensemble des résultats affichés dans le tableau (disponible pour les menus run, readset, analyses).

Screenshot of a bioinformatics analysis interface showing results for multiple samples. The interface includes a header bar with 'Readsets', 'Analyses', 'Statistiques', 'Archives', and a user icon. Below is a filter section with tabs for 'Filtres', 'Filtres supplémentaires', and 'Colonnes supplémentaires'. The 'Colonnes supplémentaires' tab is active, displaying a large list of metrics with checkboxes. A blue circle highlights the 'Export CSV' button in the toolbar above the table. The main area shows a table with 11 columns: Code, Run, Type Run, N° Piste, Projet, Echantillon, Type d'échantillon, 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. The table contains 11 rows of data. A blue arrow points from the 'Export CSV' button to the bottom status bar, which reads 'Export des 360 résultats'. Another blue arrow points from the status bar to the bottom right corner of the table. The bottom navigation bar shows a file icon and the path 'Readsets_20141020_1....csv'.

Code	Run	Type Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Type d'échantillon	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	% Séquences valides / piste	
AMZ_AOSF_1_A9Y40.IND16	141006_MELISSE_A9Y40	RMISEQ	1	AMZ	AMZ_A	ADN Génomique	800 000 000	06/10/2014	Disponible	72,35	29,86	30 901 122	23,25	30 587 278	19,54	100,00	1	97,24
BHD_APOSW_5_C4ACVACXX.IND4	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	5	BHD	BHD_AP	ARN total	1 000	01/10/2014	Disponible	95,71	37,03	25 025 283	5 055 107,17	24 530 217	4 901 393,34	16,67	0,021	14,32
BHD_AQOSW_5_C4ACVACXX.IND5	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	5	BHD	BHD_AQ	ARN total	1 000	01/10/2014	Disponible	95,71	37,02	27 293 430	5 513 272,86	26 863 274	5 374 444,80	16,67	0,021	15,62
BHD_ATOSW_5_C4ACVACXX.IND12	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	5	BHD	BHD_AT	ARN total	1 000	01/10/2014	Disponible	95,28	36,86	30 250 029	6 110 505,86	29 560 783	5 925 684,99	16,67	0,021	17,31
BGN_ABLOSW_3_C4ACVACXX.IND14	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	3	BGN	BGN_ABL	ADN Génomique	1 242 060 000	01/10/2014	Disponible	90,38	35,48	2 480 506	0,40	2 426 818	0,39	2,08	0,003	1,19
BGN_SDOSW_3_C4ACVACXX.IND43	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	3	BGN	BGN_SD	ADN Génomique	2 000 000 000	01/10/2014	Disponible	92,12	36,00	4 136 673	0,42	4 066 089	0,41	2,08	0,003	1,98
BGN_MROSW_1_C4ACVACXX.IND20	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	1	BGN	BGN_MR	ADN Génomique	2 000 000 000	01/10/2014	Disponible	87,67	34,74	2 651 895	0,27	2 574 550	0,26	2,08	0,003	1,12
BGN_NEOSW_1_C4ACVACXX.IND28	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	1	BGN	BGN_NE	ADN Génomique	2 000 000 000	01/10/2014	Disponible	87,83	34,64	4 764 418	0,48	4 630 037	0,46	2,08	0,003	2,01
BGN_NSOSW_1_C4ACVACXX.IND40	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	1	BGN	BGN_NS	ADN Génomique	1 711 500 000	01/10/2014	Disponible	89,45	35,22	4 709 354	0,56	4 605 320	0,53	2,08	0,003	1,99
BGN_MSOSW_1_C4ACVACXX.IND21	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	1	BGN	BGN_MS	ADN Génomique	2 000 000 000	01/10/2014	Disponible	90,87	35,62	6 707 806	0,68	6 614 693	0,66	2,08	0,003	2,84

Export des 360 résultats

Readsets_20141020_1....csv

PAGE 70

Fonctionnalité « GROUPER » dans un tableau

FONCTIONNALITÉ « GROUPER » DANS TABLEAU

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

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

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

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

| PAGE 72



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.

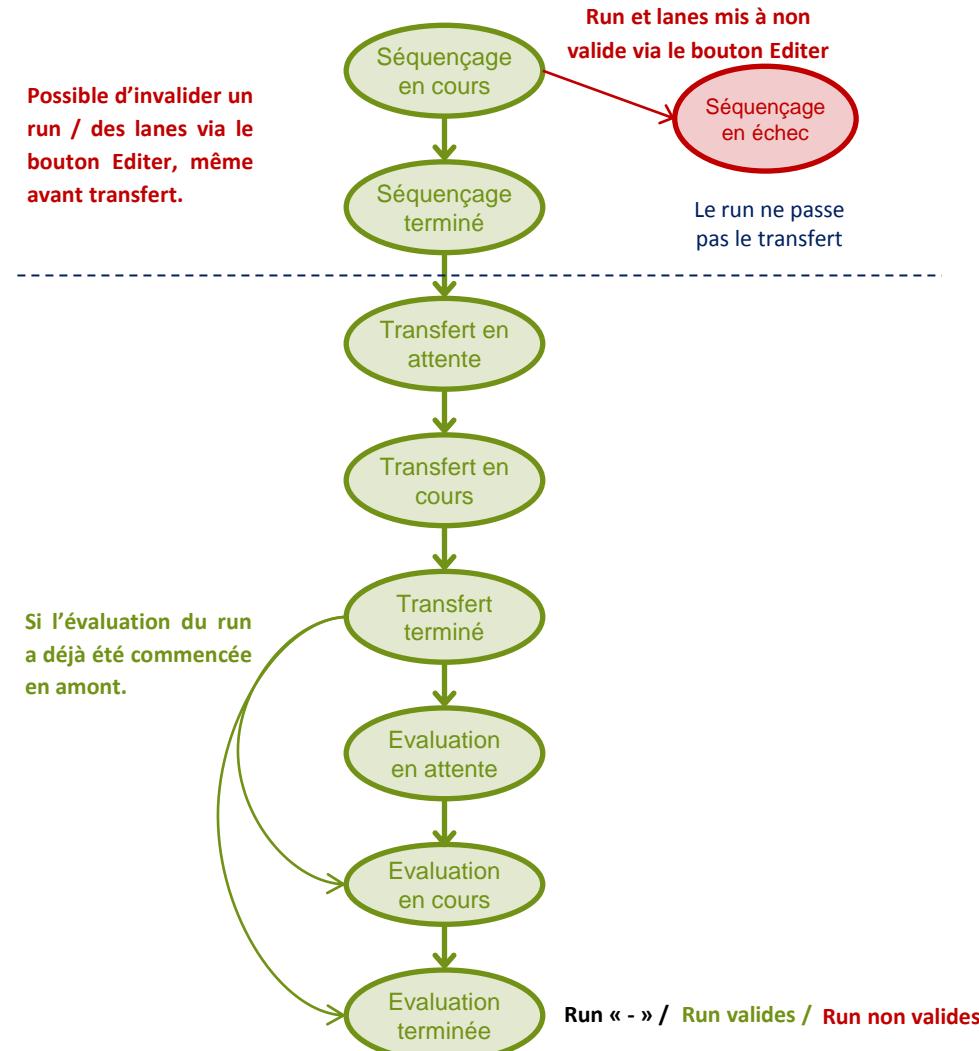
Code	Type	Date Run	Etat	Validé ?
140212_CARBONE_C384AACXX	RHS2000	17/01/1970	Nouveau	--
140221_MELISSE_A7396	RHS2000	17/01/1970	Séquençage en cours	--
140207_MERCURE_C381HACXX	RHS2000	17/01/1970	Séquençage en echec	Oui
080201_HELIUM_2062WAAAXX	RGAlk	01/02/2008	Séquençage terminé	Oui
080205_HELIUM_2062WAAAX2	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 ?	Non	% Clusters filt. (moyenne)		Code Flowcell	Code Instrument
Comptes Rendus	Problème machine laser camera	Nb Clusters filt. (total)		C3FFJACXX	HISEQ3
		Nb Bases (total)		Position Flowcell	Type d'Instrument
Critères	Default	A conserver ? <input type="checkbox"/>			HISEQ2000
Evalué par	jguy (05/03/2014)				

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

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



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

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

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

Code	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Date Run	Etat	Valide QC ?	Valide BioInfo ?
AFR_LOSU_5_624LGAXX	100707_AZOTE_624LGAXX	5	AFR	AFR_L	07/07/2010	Indisponible	Non	Non
AQF_AQOSW_8_70GYNAAXX0	110513_HELIUM_70GYNAAXX	8	AQF	AQF_AQ	13/05/2011	Indisponible	Non	Non
AEG_BELOSS_1_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	1	AEG	AEG_BE	13/05/2011	Indisponible	Non	Non
AEG_BFOSS_2_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	2	AEG	AEG_BF	13/05/2011	Indisponible	Non	Non
AEG_BGOSS_3_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	3	AEG	AEG_BG	13/05/2011	Indisponible	Non	Non
AEG_BHOSS_4_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	4	AEG	AEG_BH	13/05/2011	Indisponible	Non	Non
ARC_CMBAOSW_1_662YWAAXXIND5	130711_BISMUTH_662YWAAXX	1	ARC	ARC_CMBA	11/07/2013	Indisponible	Non	Non
ARD_CCGAQOSW_1_662YWAAXXIND12	130711_BISMUTH_662YWAAXX	1	ARD	ARD_CCQA	11/07/2013	Indisponible	Non	Non
ARC_BFVAOSW_2_662YWAAXXIND10	130711_BISMUTH_662YWAAXX	2	ARC	ARC_BFVA	11/07/2013	Indisponible	Non	Non
ARC_BISBOSW_2_662YWAAXXIND3	130711_BISMUTH_662YWAAXX	2	ARC	ARC_BISB	11/07/2013	Indisponible	Non	Non

- Choisir le nouvel état.

Code	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Date Run	Etat	Valide QC ?	Valide BioInfo ?
AFR_LOSU_5_624LGAXX	100707_AZOTE_624LGAXX	5	AFR	AFR_L	07/07/2010	Nouveau	Non	Non
AQF_AQOSW_8_70GYNAAXX0	110513_HELIUM_70GYNAAXX	8	AQF	AQF_AQ	13/05/2011	Read generation en cours	Non	Non
AEG_BELOSS_1_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	1	AEG	AEG_BE	13/05/2011	Read generation terminée	Non	Non
AEG_BFOSS_2_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	2	AEG	AEG_BF	13/05/2011	Contrôle qualité en attente	Non	Non
AEG_BGOSS_3_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	3	AEG	AEG_BG	13/05/2011	Contrôle qualité en cours	Non	Non
AEG_BHOSS_4_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	4	AEG	AEG_BH	13/05/2011	Contrôle qualité terminé	Non	Non
ARC_CMBAOSW_1_662YWAAXXIND5	130711_BISMUTH_662YWAAXX	1	ARC	ARC_CMBA	11/07/2013	Evaluation en attente	Non	Non
ARD_CCGAQOSW_1_662YWAAXXIND12	130711_BISMUTH_662YWAAXX	1	ARD	ARD_CCQA	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
						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).

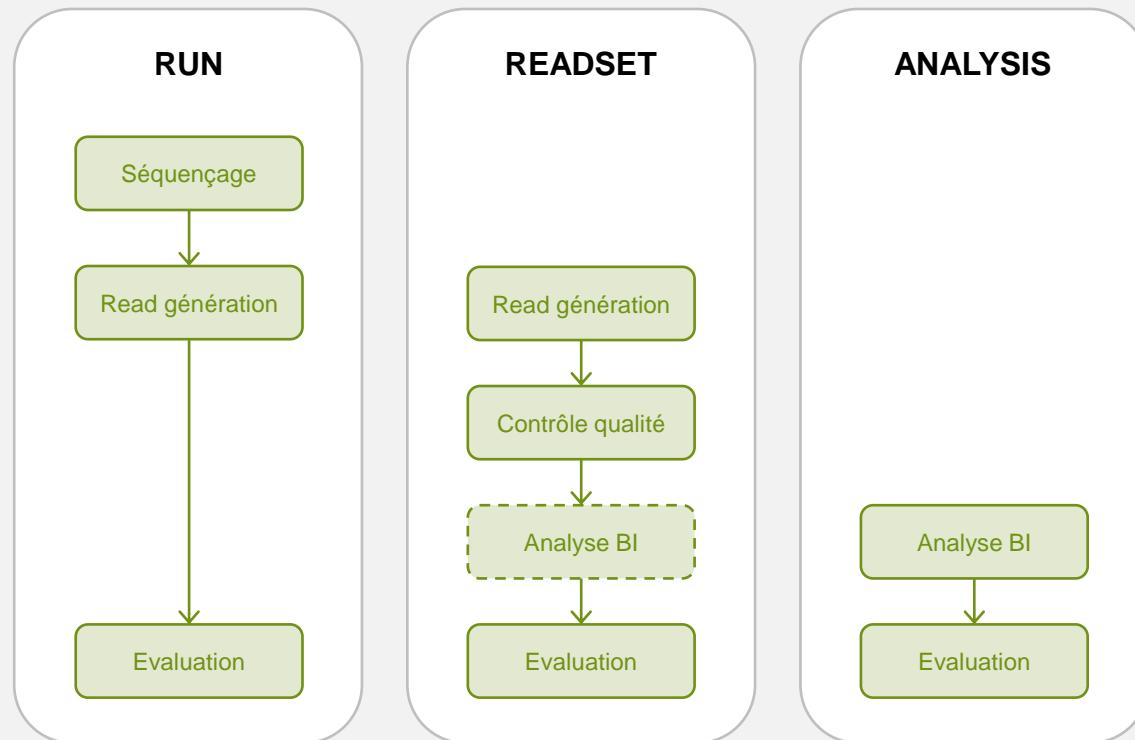
Code	Type	Code ReadSets Maîtres	Projects	Echantillons	Etat	Valid ?	Comptes Rendus
BA.BFY_AADKOSF_1_A737Y.IND40	BAC pool assembly	BFY_AADKOSF_1_A737Y.IND40	BFY	BFY_AADK	<div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Nouveau</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI en cours</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI terminée</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation en attente</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation terminée</div>	---	
BA.BFY_AADIOSF_1_A737Y.IND39	BAC pool assembly	BFY_AADIOSF_1_A737Y.IND39	BFY	BFY_AADI	<div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Nouveau</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI en cours</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI terminée</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation en attente</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation terminée</div>	1	
BA.BFY_AADHOSF_1_A737Y.IND38	BAC pool assembly	BFY_AADHOSF_1_A737Y.IND38	BFY	BFY_AADH	<div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Nouveau</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI en cours</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI terminée</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation en attente</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation terminée</div>	---	
BA.BFY_AADGOSF_1_A737Y.IND37	BAC pool assembly	BFY_AADGOSF_1_A737Y.IND37	BFY	BFY_AADG	<div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Nouveau</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI en cours</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI terminée</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation en attente</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation terminée</div>	---	
BA.BFY_AADFOSF_1_A737Y.IND36	BAC pool assembly	BFY_AADFOSF_1_A737Y.IND36	BFY	BFY_AADF	<div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Nouveau</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI en cours</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI terminée</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation en attente</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation terminée</div>	---	
BA.BFY_AADEOSF_1_A737Y.IND35	BAC pool assembly	BFY_AADEOSF_1_A737Y.IND35	BFY	BFY_AADE	<div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Nouveau</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI en cours</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI terminée</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation en attente</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation terminée</div>	---	
BA.BFY_AADDOSF_1_A737Y.IND34	BAC pool assembly	BFY_ADDOSF_1_A737Y.IND34	BFY	BFY_AADD	<div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Nouveau</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI en cours</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Analyse BI terminée</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation en attente</div> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 2px;">Evaluation terminée</div>	---	

- Enregistrer.



Workflow RUN, READSET et ANALYSES

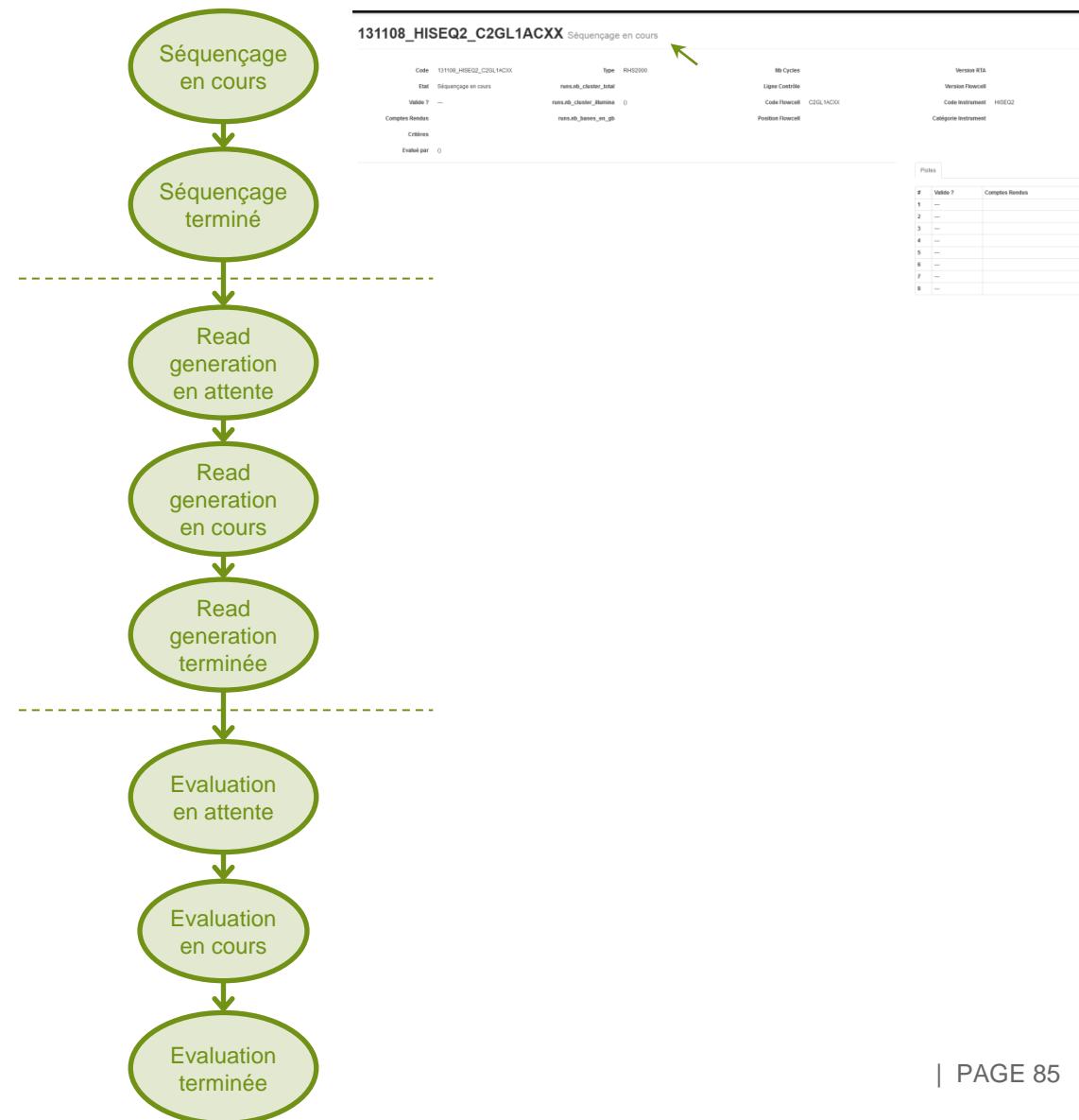
WORKFLOWS SIMPLIFIÉS



Workflow RUN et vues détaillées des interfaces

WORKFLOW RUN

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



1. RUN EN COURS DE SÉQUENÇAGE

NGL-BI Evaluation ▾ Runs ▾ Readsets ▾ Archives

Rechercher

131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

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

Pistes

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

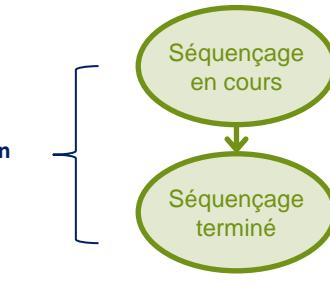
ReadSets (0)

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



WORKFLOW RUN

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



131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

Code : 131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Type : RH42000

Etat : Séquençage en cours runs_nb_cluster_total : 0

Validé ? : — runs_nb_cluster_terminée : 0

Compte Rendus : runs_nb_basecalls_mc_gb : 0

Critères : Evalué par : 0

Run 1

	Density	% Cluster	% Phasé/Prophan	Reads (M)	Reads (P)	% QC0	Cycles Err	% Alignement	% Error Rate	% Error Rate	% Error Rate	Intensity	% Intensité
1	1.033,00 +/- 56,00	88,80 +/- 8,60	0,110 / 0,171	285,800	229,980	81,900	100	0,49 +/- 0,19	0,63 +/- 0,07	0,34 +/- 0,21	0,34 +/- 0,25	8,43 +/- 1,22	5,19 +/- 0,60
2	75,00 +/- 1,60	84,20 +/- 1,60	0,140 / 0,181	208,100	193,590	83,400	100	0,70 +/- 0,26	0,67 +/- 0,07	0,28 +/- 0,06	0,27 +/- 0,06	1,10 +/- 0,10	247,00
3	98,70 +/- 1,60	84,20 +/- 1,60	0,110 / 0,172	273,040	228,280	88,000	100	1,30 +/- 0,28	0,68 +/- 0,07	0,22 +/- 0,19	0,27 +/- 0,12	9,35 +/- 1,11	5,17 +/- 0,50
4	70,00 +/- 1,60	93,30 +/- 1,60	0,154 / 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	8,27 +/- 1,08	5,40 +/- 0,50
5	59,00 +/- 1,60	92,80 +/- 1,60	0,134 / 0,185	158,580	148,25	95,700	100	0,80 +/- 0,09	0,28 +/- 0,00	0,14 +/- 0,08	0,28 +/- 0,08	5,66 +/- 0,60	83,80 +/- 1,10
6	89,00 +/- 1,60	92,80 +/- 1,60	0,110 / 0,179	180,460	175,070	93,900	100	0,90 +/- 0,08	0,28 +/- 0,00	0,15 +/- 0,11	0,19 +/- 0,07	8,25 +/- 1,07	4,41 +/- 0,50
7	87,00 +/- 1,60	92,80 +/- 1,60	0,125 / 0,181	155,440	145,740	95,400	100	1,30 +/- 0,08	0,25 +/- 0,02	0,14 +/- 0,08	0,18 +/- 0,12	8,25 +/- 1,13	195,00
8	100,00 +/- 1,60	92,80 +/- 1,60	0,110 / 0,182	175,850	164,590	94,800	100	1,00 +/- 0,10	0,28 +/- 0,05	0,18 +/- 0,07	0,28 +/- 0,05	5,43 +/- 0,50	84,00 +/- 1,30
9	82,00 +/- 1,60	93,80 +/- 1,60	0,110 / 0,182	155,440	145,740	91,400	100	1,30 +/- 0,08	0,25 +/- 0,02	0,17 +/- 0,03	0,33 +/- 0,05	8,10 +/- 0,90	345,00
10	93,00 +/- 1,60	92,80 +/- 1,60	0,110 / 0,181	180,460	175,070	92,700	100	1,00 +/- 0,10	0,28 +/- 0,05	0,11 +/- 0,03	0,22 +/- 0,02	8,28 +/- 0,83	83,20 +/- 1,20
11	93,00 +/- 1,60	92,80 +/- 1,60	0,110 / 0,181	180,460	175,070	92,700	100	1,00 +/- 0,10	0,28 +/- 0,05	0,11 +/- 0,03	0,22 +/- 0,02	8,28 +/- 0,83	298,00
12	92,00 +/- 1,60	93,80 +/- 1,60	0,110 / 0,181	180,460	175,070	92,700	100	1,00 +/- 0,10	0,28 +/- 0,05	0,11 +/- 0,03	0,22 +/- 0,02	8,28 +/- 0,83	205,00
13	92,00 +/- 1,60	93,80 +/- 1,60	0,110 / 0,181	175,850	164,590	92,100	100	1,00 +/- 0,10	0,28 +/- 0,05	0,11 +/- 0,03	0,32 +/- 0,05	8,43 +/- 0,06	85,30 +/- 1,10

Run 2

	Density	% Cluster	% Phasé/Prophan	Reads (M)	Reads (P)	% QC0	Cycles Err	% Alignement	% Error Rate	% Error Rate	% Error Rate	Intensity	% Intensité
1	1.033,00 +/- 56,00	88,80 +/- 8,60	0,110 / 0,181	285,800	229,980	79,100	100	0,49 +/- 0,19	0,63 +/- 0,07	0,34 +/- 0,21	0,34 +/- 0,25	8,43 +/- 1,22	5,19 +/- 0,60
2	75,00 +/- 1,60	84,20 +/- 1,60	0,140 / 0,181	208,100	193,590	83,400	100	0,70 +/- 0,26	0,67 +/- 0,07	0,28 +/- 0,06	0,27 +/- 0,06	1,10 +/- 0,10	247,00
3	98,70 +/- 1,60	84,20 +/- 1,60	0,110 / 0,172	273,040	228,280	88,000	100	1,30 +/- 0,28	0,68 +/- 0,07	0,22 +/- 0,19	0,27 +/- 0,12	9,35 +/- 1,11	5,17 +/- 0,50
4	70,00 +/- 1,60	93,30 +/- 1,60	0,154 / 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	8,27 +/- 1,08	5,40 +/- 0,50
5	59,00 +/- 1,60	92,80 +/- 1,60	0,134 / 0,185	158,580	148,25	95,700	100	0,80 +/- 0,09	0,28 +/- 0,00	0,14 +/- 0,08	0,28 +/- 0,08	5,66 +/- 0,60	83,80 +/- 1,10
6	89,00 +/- 1,60	92,80 +/- 1,60	0,110 / 0,179	180,460	175,070	93,900	100	0,90 +/- 0,08	0,28 +/- 0,00	0,15 +/- 0,11	0,19 +/- 0,07	8,25 +/- 1,07	4,41 +/- 0,50
7	87,00 +/- 1,60	92,80 +/- 1,60	0,125 / 0,181	155,440	145,740	95,400	100	1,30 +/- 0,08	0,25 +/- 0,02	0,14 +/- 0,08	0,18 +/- 0,12	8,25 +/- 1,13	195,00
8	100,00 +/- 1,60	92,80 +/- 1,60	0,110 / 0,182	175,850	164,590	94,800	100	1,00 +/- 0,10	0,28 +/- 0,05	0,18 +/- 0,07	0,28 +/- 0,05	5,43 +/- 0,50	84,00 +/- 1,30
9	82,00 +/- 1,60	93,80 +/- 1,60	0,110 / 0,182	155,440	145,740	91,400	100	1,30 +/- 0,08	0,25 +/- 0,02	0,17 +/- 0,03	0,33 +/- 0,05	8,10 +/- 0,90	345,00
10	93,00 +/- 1,60	92,80 +/- 1,60	0,110 / 0,181	180,460	175,070	92,700	100	1,00 +/- 0,10	0,28 +/- 0,05	0,11 +/- 0,03	0,22 +/- 0,02	8,28 +/- 0,83	298,00
11	93,00 +/- 1,60	92,80 +/- 1,60	0,110 / 0,181	180,460	175,070	92,700	100	1,00 +/- 0,10	0,28 +/- 0,05	0,11 +/- 0,03	0,22 +/- 0,02	8,28 +/- 0,83	205,00
12	92,00 +/- 1,60	93,80 +/- 1,60	0,110 / 0,181	180,460	175,070	92,700	100	1,00 +/- 0,10	0,28 +/- 0,05	0,11 +/- 0,03	0,32 +/- 0,05	8,43 +/- 0,06	85,30 +/- 1,10



2. DONNÉES SAV ET ALERTING

121203_HISEQ7_D1DAGACXX Séquençage en cours

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



PROCÉDURE D'IMPORT DES DONNÉES SAV

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

Séquenceur Illumina Viewer 3.1.1 U:\MERCURE\131205_MERCURE_CS98ACXX

Analysis | Imaging | Summary | File | Tools | Controls | Indexing |

Run Folder: U:\MERCURE\131205_MERCURE_CS98ACXX

Lane	Title	Density (Bases/Cell)	Cluster PF (%)	Phosphores (%)	Reads (M)	Reads PF (M)	% > Q20	Yield (M)	Cycles	Cycles En Read	Aligned (%)
1	96	732 +/- 64	91.97 +/- 1.36	0.240 / 0.162	202.31	105.78	90.1	16.0	100		0.8 +/- 0.0
2	96	744 +/- 100	92.96 +/- 0.90	0.240 / 0.162	202.31	105.78	90.1	16.0	100		0.8 +/- 0.0
3	96	817 +/- 80	91.40 +/- 1.23	0.198 / 0.146	202.31	105.78	90.1	16.0	100		0.8 +/- 0.0
4 (C)	96	955 +/- 80	90.90 +/- 1.37	0.177 / 0.146	205.41	210.91	91.1	21.0	100		0.5 +/- 0.1
5	96	723 +/- 64	93.36 +/- 1.77	0.170 / 0.132	199.99	106.31	93.4	16.0	100		0.7 +/- 0.1
6	96	687 +/- 67	93.74 +/- 1.49	0.177 / 0.132	196.04	177.77	93.8	17.0	100		0.8 +/- 0.1
7	96	849 +/- 99	94.86 +/- 1.58	0.195 / 0.137	234.80	196.45	90.3	16.0	100		0.5 +/- 0.1
8	96	824 +/- 100	93.36 +/- 1.34	0.207 / 0.137	227.93	206.79	90.8	20.1	100		0.5 +/- 0.1

Read 1

Lane	Title	Density (Bases/Cell)	Cluster PF (%)	Phosphores (%)	Reads (M)	Reads PF (M)	% > Q20	Yield (M)	Cycles	Cycles En Read	Aligned (%)
1	96	732 +/- 64	91.97 +/- 1.36	0.200 / 0.000	202.31	105.78	52.7	1.1	0		0.0 +/- 0.0
2	96	744 +/- 100	92.96 +/- 0.90	0.200 / 0.000	205.57	106.49	52.8	1.1	0		0.0 +/- 0.0
3	96	817 +/- 80	91.40 +/- 1.23	0.198 / 0.000	202.31	105.78	52.7	1.0	0		0.0 +/- 0.0
4 (C)	96	955 +/- 80	90.90 +/- 1.37	0.177 / 0.000	205.41	210.91	49.3	1.0	0		0.0 +/- 0.0
5	96	723 +/- 64	93.36 +/- 1.77	0.170 / 0.000	199.99	106.31	47.7	1.0	0		0.0 +/- 0.0
6	96	687 +/- 67	93.74 +/- 1.49	0.177 / 0.000	196.04	177.77	48.5	1.1	0		0.0 +/- 0.0
7	96	849 +/- 99	94.86 +/- 1.58	0.195 / 0.000	234.80	196.45	43.9	1.2	0		0.0 +/- 0.0
8	96	824 +/- 100	93.36 +/- 1.34	0.200 / 0.000	227.93	206.79	48.9	1.2	0		0.0 +/- 0.0

Read 2 (I)

Lane	Title	Density (Bases/Cell)	Cluster PF (%)	Phosphores (%)	Reads (M)	Reads PF (M)	% > Q20	Yield (M)	Cycles	Cycles En Read	Aligned (%)
1	96	732 +/- 64	91.97 +/- 1.36	0.200 / 0.000	202.31	105.78	52.7	1.1	0		0.0 +/- 0.0
2	96	744 +/- 100	92.96 +/- 0.90	0.200 / 0.000	205.57	106.49	52.8	1.1	0		0.0 +/- 0.0
3	96	817 +/- 80	91.40 +/- 1.23	0.198 / 0.000	202.31	105.78	52.7	1.0	0		0.0 +/- 0.0
4 (C)	96	955 +/- 80	90.90 +/- 1.37	0.177 / 0.000	205.41	210.91	49.3	1.0	0		0.0 +/- 0.0
5	96	723 +/- 64	93.36 +/- 1.77	0.170 / 0.000	199.99	106.31	47.7	1.0	0		0.0 +/- 0.0
6	96	687 +/- 67	93.74 +/- 1.49	0.177 / 0.000	196.04	177.77	48.5	1.1	0		0.0 +/- 0.0
7	96	849 +/- 99	94.86 +/- 1.58	0.195 / 0.000	234.80	196.45	43.9	1.2	0		0.0 +/- 0.0
8	96	824 +/- 100	93.36 +/- 1.34	0.200 / 0.000	227.93	206.79	48.9	1.2	0		0.0 +/- 0.0

Read 3

Lane	Title	Density (Bases/Cell)	Cluster PF (%)	Phosphores (%)	Reads (M)	Reads PF (M)	% > Q20	Yield (M)	Cycles	Cycles En Read	Aligned (%)
1	96	732 +/- 64	91.97 +/- 1.36	0.187 / 0.180	202.31	105.78	52.8	1.1	0		0.6 +/- 0.0
2	96	744 +/- 100	92.96 +/- 0.90	0.140 / 0.130	205.57	106.49	52.9	1.0	0		0.5 +/- 0.0
3	96	817 +/- 80	91.40 +/- 1.23	0.198 / 0.146	202.31	105.78	52.7	1.0	0		0.5 +/- 0.1
4 (C)	96	955 +/- 80	90.90 +/- 1.37	0.177 / 0.146	205.41	210.91	52.3	1.0	0		0.5 +/- 0.1
5	96	723 +/- 64	93.36 +/- 1.77	0.170 / 0.146	199.99	106.31	50.1	1.0	0		0.5 +/- 0.1
6	96	687 +/- 67	93.74 +/- 1.49	0.177 / 0.146	196.04	177.77	50.5	1.0	0		0.5 +/- 0.1
7	96	849 +/- 99	94.86 +/- 1.58	0.140 / 0.150	234.80	196.45	50.4	1.0	0		0.5 +/- 0.1
8	96	824 +/- 100	93.36 +/- 1.34	0.162 / 0.154	227.93	206.79	50.8	1.0	0		0.5 +/- 0.1

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

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

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

Nom: 141106_MERCURE_0272_BC4VNPAACXX Modifié le: 06/11/2014 14:30 Type: Fichier CSV

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

141029_HISEQ5_C4VN4ACXX Séquençage en cours

Code: 141029_HISEQ5_C4VN4ACXX Type: RH121000 No Cycles Ligne Contrôle

Etat: Importer en cours % Chances total (moyenne) No Chances fin (total) Position Finale

Complex Rendus No Bases (total) Version RTA

Critères Evaluez pour ceplor (30/11/2014) A consoler? Supprimer? Non

Détails évaluation

Read 1

#	Density (Kbases)	% Cluster	% Phosphores	Reads (M)	Reads PF (M)	% > Q20	Cycles Err	Aligned (M)	% Error Rate	Cycle 1	% Error Rate Cycle 2	Cycle 3	% Error Rate Cycle 4
1	708.00 +/- 4.40	88.40 +/- 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	510.00 +/- 1.60	181.50 +/- 1.60
2	633.00 +/- 4.00	89.60 +/- 0.194	0.237	188.780	169.940	91.800	100	0.10 +/- 0.00	0.39 +/- 0.13	0.08 +/- 0.04	0.22 +/- 0.10	330.00 +/- 1.60	152.70 +/- 1.60
3	676.00 +/- 8.211	89.90 +/- 0.197	0.237	186.820	168.910	92.100	100	0.10 +/- 0.00	0.32 +/- 0.15	0.25 +/- 0.12	0.32 +/- 0.15	550.00 +/- 1.60	181.30 +/- 1.60
4	711.00 +/- 3.28	89.70 +/- 0.187	0.197	190.270	171.480	91.600	100	0.18 +/- 0.00	0.27 +/- 0.13	0.21 +/- 0.05	0.29 +/- 0.17	305.00 +/- 1.60	181.30 +/- 1.60
5	651.00 +/- 9.205	89.20 +/- 0.190	0.195	182.640	169.740	93.700	100	0.09 +/- 0.00	0.36 +/- 0.19	0.15 +/- 0.12	0.28 +/- 0.17	416.00 +/- 1.60	181.40 +/- 1.60
6	695.00 +/- 8.40	89.40 +/- 0.190	0.195	184.560	164.510	94.400	100	0.10 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.21 +/- 0.15	0.35 +/- 0.17	412.00 +/- 1.60	181.20 +/- 1.60
7	721.00 +/- 9.16	90.10 +/- 0.182	0.181	199.240	181.940	92.800	100	0.09 +/- 0.00	0.24 +/- 0.11	0.21 +/- 0.17	0.32 +/- 0.15	417.00 +/- 1.60	180.80 +/- 1.60
8	802.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.890	196.750	90.800	100	0.50 +/- 0.00	0.45 +/- 0.22	0.37 +/- 0.22	0.46 +/- 0.22	409.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
9	820.00 +/- 3.80	89.70 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
10	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
11	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
12	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
13	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
14	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
15	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
16	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
17	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
18	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
19	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
20	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
21	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
22	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
23	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
24	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
25	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
26	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
27	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
28	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
29	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
30	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
31	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
32	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
33	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
34	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60
35	824.00 +/- 8.910	89.10 +/- 0.187	0.178	210.980	196.710	91.000	100	0.22 +/- 0.00	0.35 +/- 0.17	0.24 +/- 0.15	0.36 +/- 0.17	345.00 +/- 1.60	345.00 +/- 1.60

Read 2

#	Density (Kbases)	% Cluster	% Ph
---	------------------	-----------	------

STRUCTURE DU MAIL D'ALERTE SAV

ALERTING SAV - Run 121023_HISEQ10_C177JACXX - Message (HTML)

Fichier **Message**

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

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

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

Tri par RUN → Run 121023_HISEQ10_C177JACXX

Tri par READ → • read1

N° des lanes et cyclesErrRated →

Visualisation des données SAV [BAD] et [FLAG]

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

• read2

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

PAGE 90

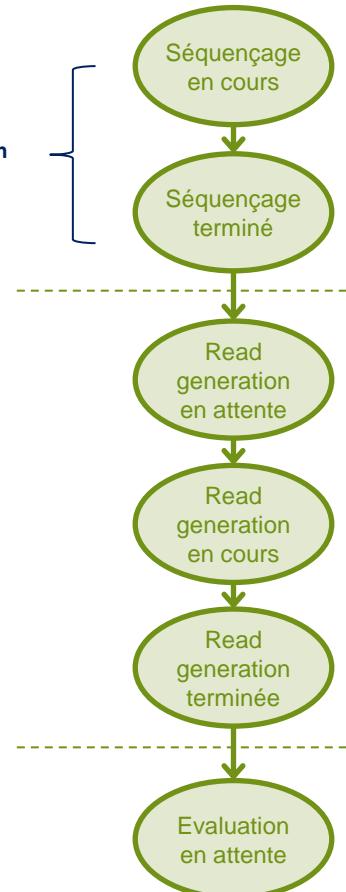
WORKFLOW RUN

- 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 ».**



131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

This screenshot shows the "Séquençage en cours" (Sequencing in progress) section of the HISEQ2 run interface. It displays various metrics for sequencing cycles 1 through 20, including Density, % Cluster PF, % Phage/Prokaryot, ReadRate (MB/s), ReadRate (Q30), Cycle Err Rate, Alignment Rate, % Error Rate, % Error Rate Cycle 1, % Error Rate Cycle 20, and Intensity Cycle 1, Intensity Cycle 20. A red alert icon is visible in the top right corner of the table area.

121107_HISEQ1_D094VACXX Evaluation en attente

This screenshot shows the "Evaluation en attente" (Evaluation in progress) section of the HISEQ1 run interface. It displays metrics for cycles 1 to 11, including % Sequences Filtrées (Internes), % Sequences Filtrées (Externes), % Sequences Filtrées (Internes + Externes), % Sequences Filtrées (Internes + Externes + Interne), and % Perre. A red alert icon is visible in the top right corner of the table area.



3. TRANSFERT TERMINÉ | 4. ÉVALUATION EN ATTENTE

NGL-BI Evaluation ▾ Runs ▾ Readsets ▾ Archives

Runs à Evaluer

121107_HISEQ1_D094VACXX Evaluation en attente

Sauvegarder Annuler

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

Pistes

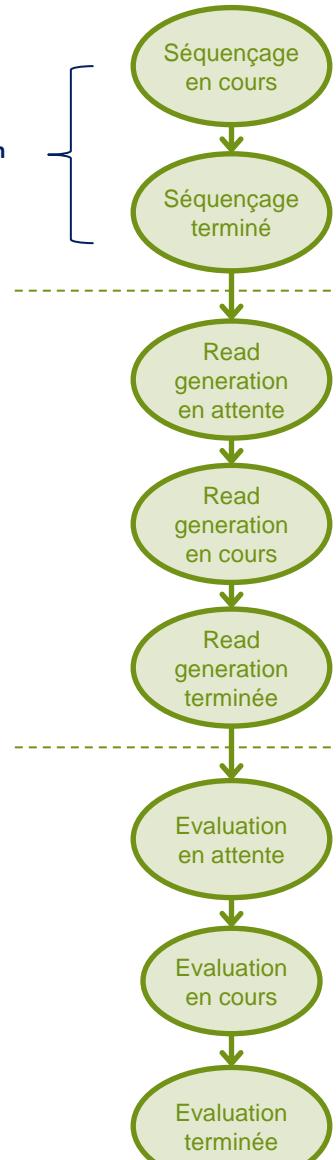
#	Validé ?	Comptes Rendus
1	-	
3	-	
4	-	
5	-	
6	-	
7	-	
8	-	

ReadSets (10)

N° Piste	Code	% Séquences valides / piste	Nb Séquences Valides	Nb Bases	Q30	Score Qualité Moyen	Validé Prod ?	Validé BioInfo ?
1	E421_CB_B00EPKR_1_D1DAGACXXIND2	37	66,141,643	13,360,611,886	92.7	36.15	---	---
1	E421_CB_B00EUIT_1_D1DAGACXXIND4	38	66,712,820	13,475,989,640	92.81	36.2	---	---
1	E421_CB_B00EUJ1_1_D1DAGACXXIND5	22	39,157,090	7,909,732,180	92.88	36.21	---	---
2	E410_FA_B00EP3N_2_D1DAGACXXIND5	93	133,223,439	26,911,134,678	90.73	35.47	---	---
3	E410_FA_B00PLS_3_D1DAGACXXIND5	92	124,226,220	25,093,696,440	90.58	35.43	---	---
4	E410_FA_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	---	---

PAGE 92

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



(écrans pris sur différents runs)

131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

Code	131106_MHEQ2_C20L1HCX	Type	RHS2000	No Cycles								Version R1A	
Etat	Séquençage en cours			Ligne Contrôle				Code Faisceau				Versión R1CXX	
Value ?	—			ram_gb_cluster_total				ram_gb_cluster_Bonus				Code Instrument	
Comptes Rendus				ram_gb_haben_en_gb				Position Faisceau				Catégorie Instrument	
Critères													
Evaluation par	0												

121107 HISEQ1 D094VACXX Evaluation en att

Code	121107_H0051_00040C0X	Type	RH02000	Nb Cycles	51	Version RIA	1.13.40
Etat	Evaluation en attente	runs_nb_clusters_total	1205.047.824	Ligne Contrôle	0	Version Financier	H0seq Flow Cell v3
Variable ?		runs_nb_center_differences	1.174.402.264 (91%)	Code Fovwell	D0840C0X	Code Instrument	H0521
Complex Rendus		runs_nb_bases_int_gb	68.119.828.712	Position Fovwell	0	Categorie Instrument	
Colonnes							
Evaluate par	gat001 (21/10/2015)						
Nombre							
#	Nb Cycles	Nb Clusters	% Clusters Filtrés (illumin)	Nb Cluster Filtrés (illumin)	% Séquences Filtrées (illumin)	Nb Séquences (illumin + intermix)	Nb Bases (illumin + intermix) % Perre
1	510	134.000.023	94.36	127.000.396	98.05	125.080.079	6.430.384.029
2	510	153.000.830	93.47	181.891.472	99.24	151.727.191	7.738.385.741
3	510	153.000.830	94.36	143.200.000	97.80	143.000.580	6.199.000.000
4	510	152.000.752	88.31	100.200.593	99.02	100.200.593	5.570.545.000
5	510	170.000.854	82.61	199.142.724	99.37	197.484.614	7.879.715.314
6	510	158.000.765	83.24	141.531.025	99.25	140.432.044	5.125.728.744

121203_HISEQ7_D1DAGACXX Evaluation terminée

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_B00FPM3_4_D1DAGACXX.IND5	93	124,118,098	25,071,855,796	90.22	35.31	---	---
5	E410_FA_B00FPM4_5_D1DAGACXX.IND5	93	138,916,918	28,061,217,436	89.66	35.18	---	---
6	E410_FA_B00FPM5_6_D1DAGACXX.IND5	92	147,023,056	29,698,657,312	89.51	35.1	---	---
7	E410_FA_B00FPM6_7_D1DAGACXX.IND5	93	128,230,516	25,902,564,232	90.72	35.45	---	---
8	E410_FA_B00FPMF_8_D1DAGACXX.IND6	83	79,975,130	16,154,976,260	92.6	36.03	---	---

PAGE 94

WORKFLOW RUN

(écrans pris sur différents runs)

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

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

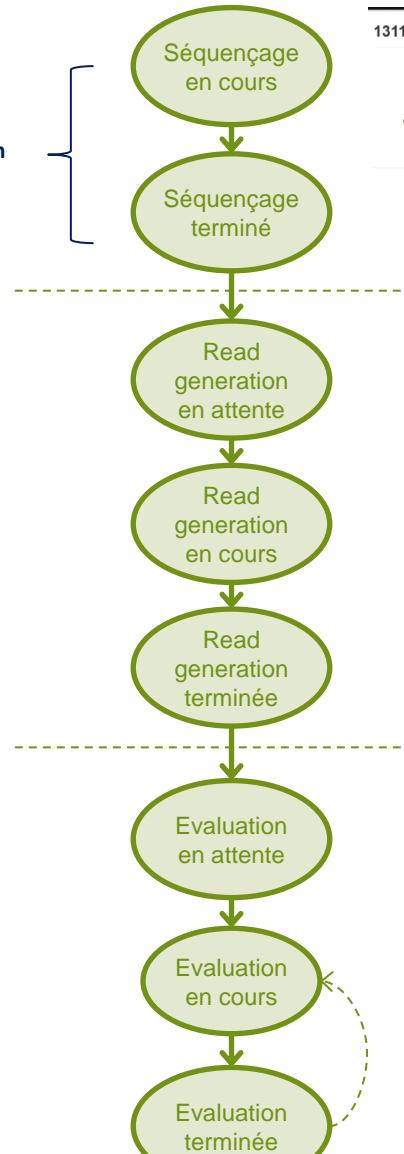
3. Transfert terminé → données d'NGS_RG importées dans NGL_BI et visibles dans l'interface du run.

4. Passage automatique à « Evaluation en attente ».

5. Evaluation du run (et lanes)

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

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



131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

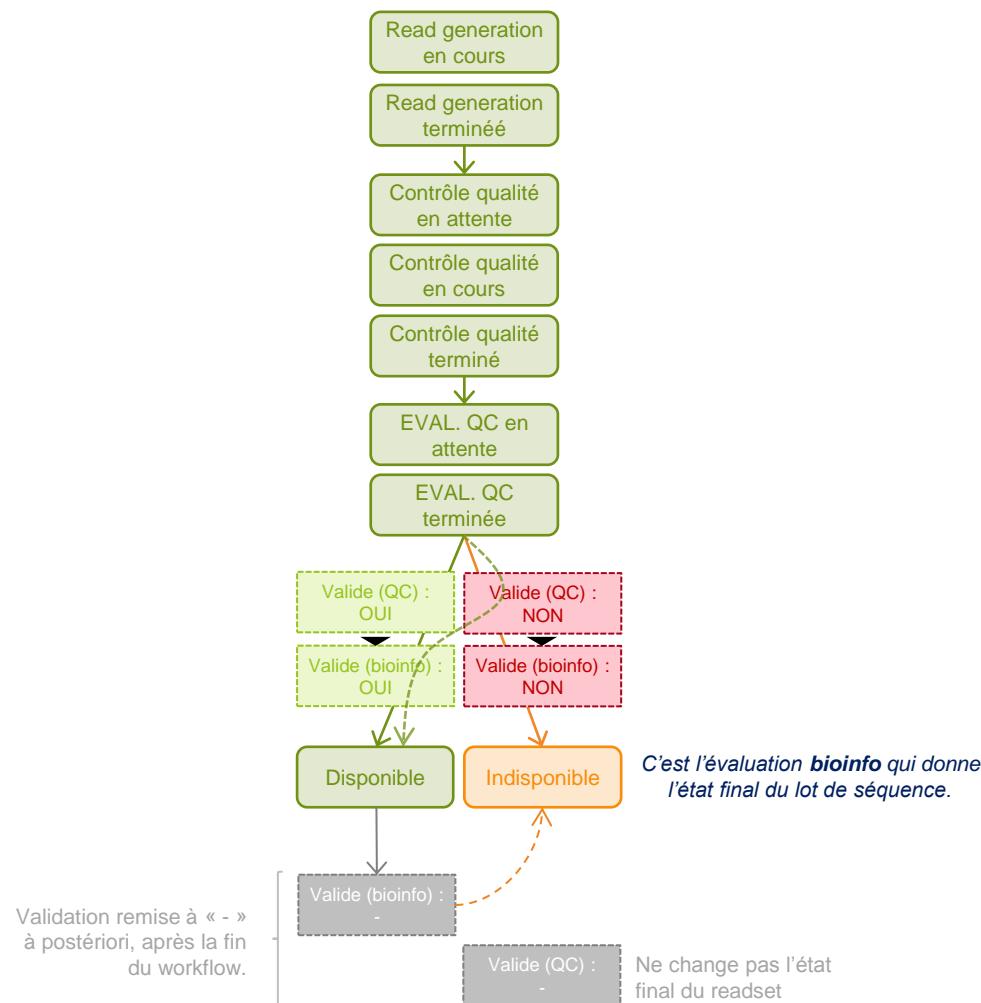
Code	Type	Nb Cycles	Version RTA
131108_HISEQ2_C2GL1ACXX	RH42000	0	
Etat	Séquençage en cours	Ligne Contrôle	Code Flowcell
Validé ?	—	Code Instrument	HISEQ2
Compte Rendus	rms_nb_cluster_total	Position Flowcell	C2GL1ACXX
	rms_nb_cluster_lumines		
	rms_nb_basecalls_gb		
			Catégorie Instrument
			Piles
			# Valide ? Compte Rendus
			1 —
			2 —
			3 —
			4 —
			5 —
			6 —
			7 —
			8 —

Detailed data table:

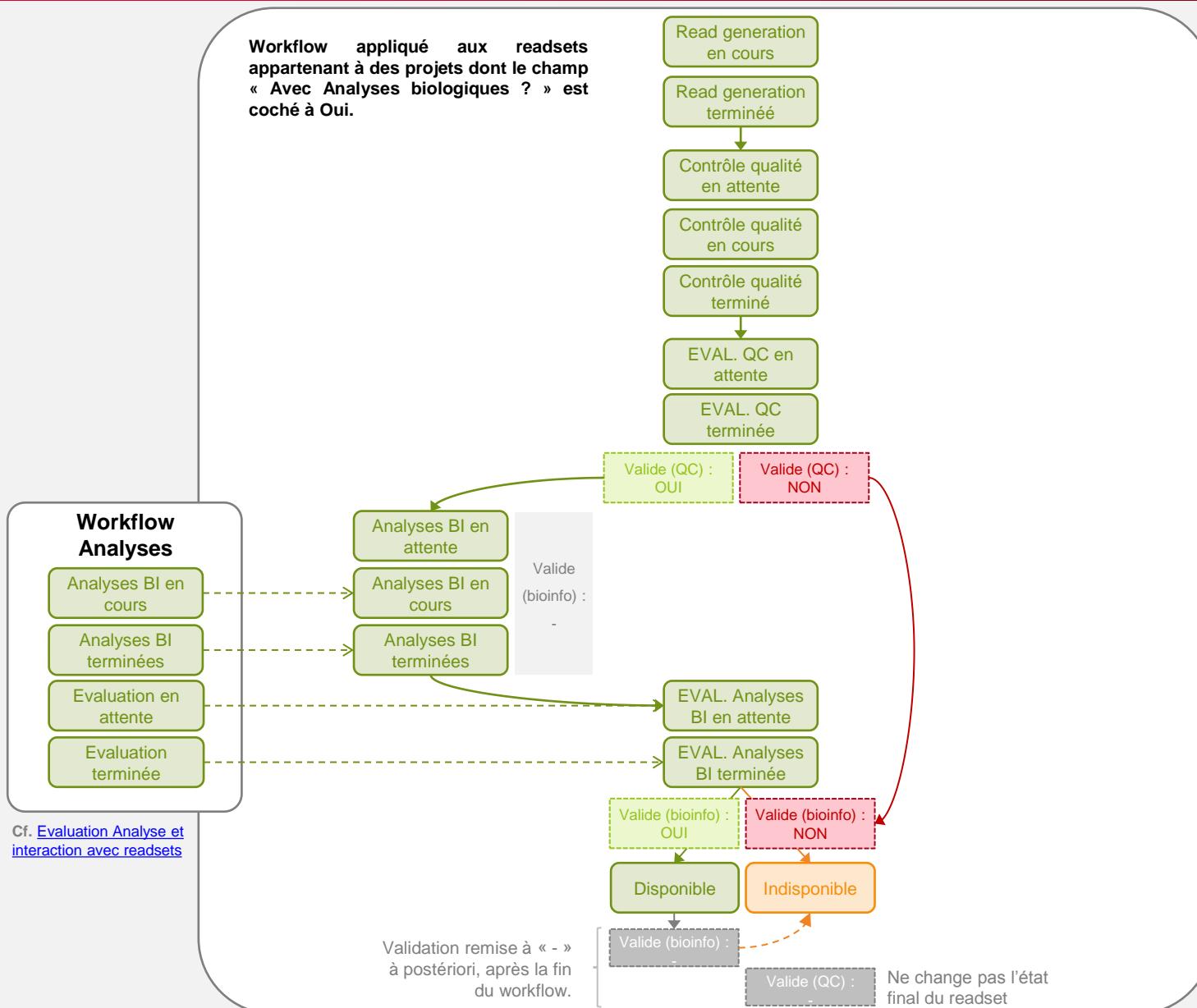
Run 1	Avg Cycle	% Cluster	% Phas/Prephas	Reads (M)	Reads (K)	% Inc Q30	Capteur Err	% Alignement	% Error Rate	Cycle 25	% Error Rate	Cycle 100	% Intensity Cycle	Cycle 20
750.00	93.50	0.134 ± 0.162	194.720	180.850	94.200	100	0.80 ± 0.15	0.27 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.450.00	0.35 ± 0.1	0.35 ± 0.1
750.00	92.70	0.148 ± 0.181	219.150	193.550	93.400	100	0.75 ± 0.10	0.27 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.544.00	0.31 ± 0.1	0.31 ± 0.1
750.00	92.50	0.150 ± 0.172	273.120	239.250	88.800	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.1	0.23 ± 0.12	0.27 ± 0.12	0.35 ± 0.11	0.515.00	0.78 ± 0.1	0.29 ± 0.1
750.00	93.40	0.134 ± 0.162	194.720	180.850	94.300	100	0.80 ± 0.15	0.27 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.445.00	0.33 ± 0.1	0.33 ± 0.1
750.00	93.50	0.134 ± 0.162	156.550	140.200	95.700	100	0.80 ± 0.15	0.26 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.569.00	0.33 ± 0.1	0.33 ± 0.1
750.00	92.70	0.148 ± 0.181	180.450	176.070	93.800	100	0.80 ± 0.15	0.27 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.441.00	0.32 ± 0.1	0.32 ± 0.1
750.00	92.50	0.125 ± 0.161	155.440	144.740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.452.00	0.32 ± 0.1	0.32 ± 0.1
750.00	93.40	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	92.70	0.125 ± 0.161	155.440	144.740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.441.00	0.32 ± 0.1	0.32 ± 0.1
750.00	92.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.40	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	92.70	0.125 ± 0.161	155.440	144.740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.441.00	0.32 ± 0.1	0.32 ± 0.1
750.00	92.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.40	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	92.70	0.125 ± 0.161	155.440	144.740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.441.00	0.32 ± 0.1	0.32 ± 0.1
750.00	92.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.40	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	92.70	0.125 ± 0.161	155.440	144.740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.441.00	0.32 ± 0.1	0.32 ± 0.1
750.00	92.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.40	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	92.70	0.125 ± 0.161	155.440	144.740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.441.00	0.32 ± 0.1	0.32 ± 0.1
750.00	92.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.40	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	92.70	0.125 ± 0.161	155.440	144.740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.441.00	0.32 ± 0.1	0.32 ± 0.1
750.00	92.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.40	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	92.70	0.125 ± 0.161	155.440	144.740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.441.00	0.32 ± 0.1	0.32 ± 0.1
750.00	92.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.40	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	92.70	0.125 ± 0.161	155.440	144.740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.441.00	0.32 ± 0.1	0.32 ± 0.1
750.00	92.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.40	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	92.70	0.125 ± 0.161	155.440	144.740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.441.00	0.32 ± 0.1	0.32 ± 0.1
750.00	92.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.40	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	92.70	0.125 ± 0.161	155.440	144.740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.441.00	0.32 ± 0.1	0.32 ± 0.1
750.00	92.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.40	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	93.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1
750.00	92.70	0.125 ± 0.161	155.440	144.740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.1	0.14 ± 0.08	0.29 ± 0.05	0.27 ± 0.01	0.441.00	0.32 ± 0.1	0.32 ± 0.1
750.00	92.50	0.133 ± 0.162	175.850	164.550	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.28 ± 0.1	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.26 ± 0.05	0.446.00	0.34 ± 0.1	0.34 ± 0.1</

Workflow READSET

WORKFLOW READSET « CLASSIQUE »

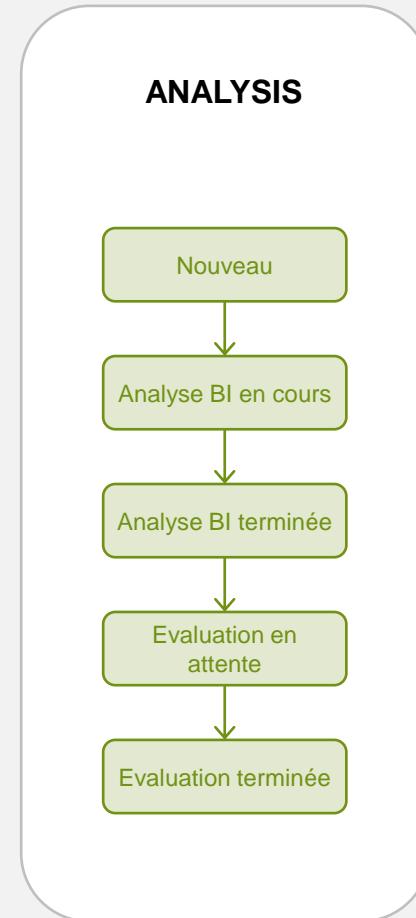


WORKFLOW READSET AVEC ANALYSES BIOLOGIQUES



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
 - 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](#)

➤ 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 PhyloAlps.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.



WORKFLOW READSET – CHANGEMENTS MANUELS À FAIRE (CNG)

