

Règles pour cocher BA oui ou non dans NGL-Projects, et quel type d'analyse BA cocher :

date document : mai 2022 - mis à jour : 23/06/22

Projet dont (tous normalement) les échantillons sont de :							APRES DEV NGL-3744 (mise en place de la gestion du cas de multi-analyses sur un Readset)	
TYPE / CATEGORIE	type BAC	catégorie ADN	type AMPLICON*			type AUTRE	FEU VERT DEPUIS le 23/06/22	
			générés via l' <u>expérience tag-pcr</u> dans NGL-SQ		créés par import fichier			
			hors projets T neg et hors projets EPGV	projets T neg (CDX, CEB, CAN) et projets EPGV (CEK, CEL, CIG, ...)	hors projets T neg			
BA ?	BA non	BA non	BA OUI (<u>double</u> voie)	BA non	BA oui (<u>simple</u> voie)	BA non		
exceptions :	BA oui pour certains :	BA oui pour certains :						
	BFZ (ble_1BS_seq)	CCK (Dietetic)						
	BFY (ble_1BL_seq)	BTW (Mopad_Genomes)						
	BPZ (blé_HS2500_PE300)							
	BNN (ble_4BL_seq)							
type BA ?	type = BAC POOL ASSEMBLY	type = Dietetic Assembly OU Mopad Assembly	- Amplicons Contamination Control - ET Amplicons Analysis		Amplicons Analysis (si ça a du sens)			
ce type d'analyse BA est-il actif à ce jour ?	n'est plus actif à ce jour	ne sont plus actifs à ce jour	types analyse BA actifs		type analyse BA actif			
			*NE PAS COCHER Amplicon Analysis sur un projet <u>entièrement différent du 16S et 18S</u> (type amplicon analysis BA pas prêt pour les autres régions)					
			*NE PAS COCHER Amplicon Analysis sur un projet dont on est sûr que le collaborateur n'a pas besoin des assignations taxonomiques					

			AVANT DEV NGL-3744 (avant mise en place du multi-analyses)			
TYPE / CATEGORIE	type BAC	catégorie ADN	type AMPLICON		type AUTRE	
			générés via l'expérience tag-pcr dans NGL-SQ		créés par import fichier	
			hors projets T neg et hors projets EPGV	projets T neg (CDX, CEB, CAN) et projets EPGV (CEK, CEL, CIG, ...)		
BA ?	BA non	BA non	BA OUI (simple voie)	BA non (explications en commentaire cellule)	BA non	BA non
exceptions :	BA oui pour certains :	BA oui pour certains :		projets T neg : pas de BA car T neg impliqués dans BA mais PAS en tant que RS maîtres. eux suivent le WF CLASSIQUE DU RS.	sauf rares exception où on l'équipe NGL a autorisé d'associer des T neg PCR	
	BFZ (ble_1BS_seq)	CCK (Dietetic)		EPGV : PAS DE BA car T neg fictifs on ne veut pas "decontaminer" ! projets concernés à ce jour : CEK (PHY_ROSE_amplicons) (contient ADN et amplicon) CEL (CROC_TIL_amplicon) (contient ADN et amplicon) CIG (GoMe_Amplicons) (contient ADN et amplicon)		
	BFY (ble_1BL_seq)	BTW (Mopad_Genomes)				
	BPZ (blé_HS2500_PE300)					
	BNN (ble_4BL_seq)					
type BA ?	type = BAC POOL ASSEMBLY	type = Dietetic Assembly OU Mopad Assembly	Amplicons Contamination Control			
ce type d'analyse BA est-il actif à ce jour ?	n'est plus actif à ce jour	ne sont plus actifs à ce jour	type analyse BA actif			

CLONE - ticket PARENT - nouveaux type pipeline BA : amplicons-analysis

Julie GUY a ajouté un commentaire - 13/mai/22 9:15 AM
réu lims 12/05/22

- Caro nous précise qu'en fait le pipeline BA "amplicon analysis" (qui fait principalement de l'assignation taxonomique) n'est prêt QUE pour des amplicons 16S et 18S (pas du tout pour COI, ITS2, ou autres)
- ce qui est un problème car l'ensemble des régions sont mélangées dans un projet XXX amplicon donne. et on coche BA oui/non + type analyse amplicon analysis pour TOUT le projet, donc on ne pourra pas créer une analyse (type 2) sur une partie des RS et pas les autres, sinon l'analyse de type 1 des autres avancera sans jamais pouvoir faire avancer les RS (qui resteront bloqués indéfiniment à IP-BA).
- À TERME, l'idée pour Caro est de gérer TOUTES les régions.
- s'il fallait le gérer intelligemment au niveau d'NGL et du WF BI, (mais dev très long et sensible), il faudrait, sur la même idée que REGEX BA qui envoie un SOUS-SET de RS dans la boucle BA, ajouter une propriété spécifique d'un type d'analyse pour dire sur quel sous-set de RS s'appuyer pour les envoyer ds la boucle BA (ici, la région ciblée =) mais maintenance ~ ~ ~ !
- pour le moment, V1 => Fred créera des analyses (type 2) comme convenu sur l'ensemble des RS d'un projet d'un run (hors T neg ou projets epvg ou projets dont on est sûr qu'on ne veut pas cette assignation taxo, cf. tableau de décisions)
 - les analyses faites sur du 16S / 18S seront "completes" (même si RIEN ne sera visible ds la page détail analyse pr info... (un peu dommage) aucun traitement donc les chefs de projet ne peuvent pas voir le résultat)
 - les analyses "autres" seront créées "à vide" avec un suffixe "OTHER" ou "tRASH" pour avoir la notion de les SUPPRIMER à la toute fin du process [ici vérifier qu'on ne loupe rien côté NGL](#)
 - plus tard, quand les régions "autres" seront gérées il y aura de la reprise, on relancera les RS (alors dispo) à IW-BA en ayant réinitialisé "-" valid bioinfo et Fred créera les analyses type 2 cette fois complètes. et les fera avancer. [ici aussi vérifier qu'on sera OK au niveau d'NGL](#)