

DE LA RECHERCHE À L'INDUSTRIE



# NGL-BI

DOCUMENTATION UTILISATEURS

# SOMMAIRE (1/2)

- [S'authentifier et utiliser les raccourcis de la page d'accueil](#)
- [Rechercher des runs, readsets ou analyses](#)
- Visualiser les détails et les traitements :
  - [d'un run \(et \*Run Status Flow\*\)](#)
  - [d'un readset \(et \*Readset Status Flow\*\) et export PDF des résultats](#)
  - [d'une analyse](#)
- [Visualiser des readsets ou analyses selon une configuration de tableau spécifique](#)
- [Effectuer du reporting sur les readsets \(colonnes supplémentaires\)](#)
- [Générer des représentations graphiques de statistiques sur les readsets](#)
  - [Configuration manuelle \(et \*tris, groupes et séries\*\)](#)
  - [Pré-configuration](#)
- Évaluer des runs, readsets ou analyses et générer des highlights via des critères d'évaluation :
  - [Évaluation runs et highlights](#)
  - [Évaluation readsets et highlights](#)
  - [Évaluation analyses et highlights](#)
- [Fonctionnalités du tableau de résultats](#)
  - [Éditer dans un tableau](#)
  - [Exporter les résultats en CSV](#)
  - [« Grouper » des résultats](#)
- Renseigner des runs / des readsets :
  - [Run : A conserver ?](#)
  - [Readset : Envoyé au CCRT ? / Envoyé au collaborateur ?](#)
- ...



# SOMMAIRE (2/2)



- [Changer l'état d'un run, readset ou analyse \(se référer au workflow\)](#)
- [Workflow run, readset et analyse](#)
  - [Procédure d'import SAV](#)
- [ANNEXES \(\*Lexique, Liens vers documents report config. et critères évaluation\*\)](#)

# 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

Central Authentication Service (CAS)

Entrez votre identifiant et votre mot de passe.

Pour des raisons de sécurité, veuillez vous déconnecter et fermer votre navigateur lorsque vous avez fini d'accéder aux services authentifiés.

Languages:

English | Spanish | French | Russian | Nederland | Svenskt | Italiano | Urdu | Chinese (Simplified) | Deutsch | Japanese | Croatian | Czech | Slovenian | Polish | Portuguese (Brazil) | Turkish

Copyright © 2005-2007 JA-SIG. All rights reserved.  
Powered by [JA-SIG Central Authentication Service 3.3.3](#)

 GENOSCOPE  
Centre National de Séquençage





NGL-BI   Evaluation ▾   Runs ▾   Readsets ▾   Archives

## 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.



# 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    jguy ▾

## Bienvenue **login** sur NGL - Bio Informatique

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

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

Runs en cours de séquençage					
	Type	Date Run	Etat	Validé ?	
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					
	Type	Date Run	Etat	Validé ?	
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					
	Type	Date Run	Etat	Validé ?	
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					
	Type	Date Run	Etat	Validé ?	



# Rechercher des runs, readsets ou analyses



# RECHERCHER DES RUNS

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

The screenshot shows the 'Recherche' (Search) interface. At the top, there are several dropdown menus for filtering: 'Sélect. des projets', 'Sélect. des échantillons', 'Run depuis le (jj/mm/aaaa)', 'Run jusqu'au (jj/mm/aaaa)', 'Sélect. des instruments', and 'Sélect. des résol. de run / lane'. Below these are additional dropdowns for 'Sélect. des états', 'Sélect. des types', 'Sélect. une évaluation', and 'Sélect. un run'. A search bar contains the text 'c197'. To the right of the search bar are buttons for 'Lancer la recherche' (Launch search) and 'Réinitialiser tous les filtres de recherche' (Reset all search filters). A blue arrow points from the text 'Copier/coller une liste d'éléments (nomenclature exacte)' to the search bar area.

Plusieurs filtres de recherche sont disponibles :

- Sélectionnez des projets (nomenclature CNS : « AQI » | nomenclature CNG : « ECTOPIA\_432 ») ;
- Sélectionnez des échantillons : exemple

#### Saisie libre dans une zone de texte

Taper plusieurs échantillons avec leur nomenclature exacte (sans avoir sélectionné de projet au préalable) en les séparant par une virgule, un point-virgule ou un retour à la ligne.

A dropdown menu titled 'Echantillons' is shown. It lists several sample names: 'BCM\_CRB', 'BCM\_ABC', 'AHL\_B', and 'BFY\_BCD'. To the right of the list is a text input field with the placeholder 'Taper ici !' (Type here!).

#### Sélection dans une liste

Sélectionner un ou plusieurs échantillons dans le menu déroulant. Attention, il faut avoir au préalable renseigner un (des) projet(s). La liste affichée des échantillons possibles est limitée à 20 valeurs. Utiliser le bandeau « Taper ici ! » pour commencer à taper le nom de l'échantillon et la liste se rafraîchit.

- Date run depuis le (jj/mm/aaaa) ;
- Date run jusqu'au (jj/mm/aaaa) ;
- Sélectionnez des instruments (Actifs : Mercure, Platine, Hiseq10, Inactifs : Chrome...) ;
- Sélectionnez des états pour le run (séquençage en cours, RG en cours, terminé...) ;
- Sélectionnez des types de run (RHS2000, RHS2500R, ...) ;
- Sélectionnez une évaluation de run (oui, non, -) ;
- Sélectionnez un run (en tapant des lettres qui le composent) ;
- Sélectionnez des résolutions de run / lane (Problème machine : fluidique, Problème réactifs : PE module, ...) ;
- Run évalué par (login utilisateur)

#### Filtres supplémentaires :

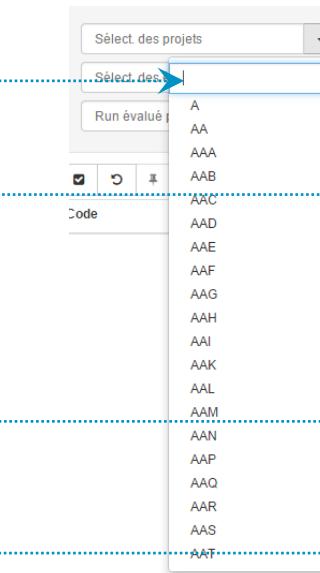
- Type de lectures (SR / PE) ;
- Nb cycles Read 1 (saisie libre : nb exact de cycles R1 après transfert, ex : 101, 151, 201, 301...)

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

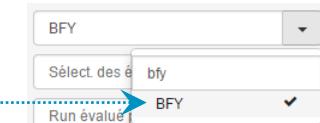


# FILTRES DE RECHERCHE MULTI-PROJETS / MULTI-ECHANTILLONS

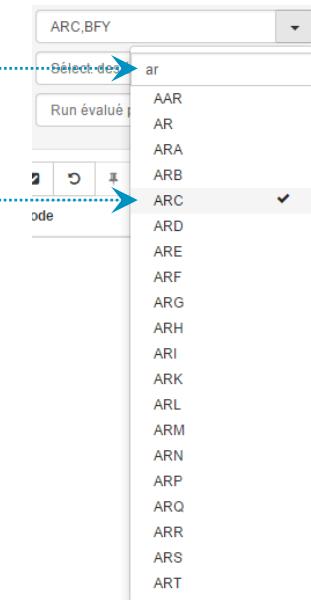
- Pour sélectionner un ou plusieurs projet(s), taper des lettres qui composent le nom / code du projet dans la cellule située en haut de la liste déroulante.



- Cliquer sur le projet souhaité, dans la liste.



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



- Le sélectionner dans la liste.

- Etc.

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



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

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

ARC,BBX,BDA,BFY,BGN,BGS

Sélect. des é...

Sélect. des i...

Liste des valeurs sélectionnées

Liste « classique »

AAR  
AR  
ARA  
ARB  
ARC  
ARD  
ARE  
ARF  
ARG  
ARH  
ARI  
ARK  
ARL  
ARM  
ARN  
ARP  
ARQ  
ARR  
ARS  
ART

ie abandonnée,repartition base

Sélect. des résol. bioinfo.

Date Run

Etat

Liste des valeurs sélectionnées

Liste « classique »

Problème run  
lane abandonnée  
Problème qualité  
répartition bases  
Problème qualité  
% duplicité élevé  
Problème mapping  
% mapping faible  
Problème déclaration LIMS  
erreur Experimental Type

Problème run  
lane abandonnée  
Problème quantité  
nb seq brutes faible  
couverture en X hors spéc.

Problème indexing  
index incorrect

Problème qualité  
Q30 hors spéc.  
répartition bases  
% adaptateurs détectés  
% duplicité élevé  
% NT 30X  
% Target

Problème mapping  
% mapping faible

Problème échantillon  
sexe incorrect

Problème déclaration LIMS  
erreur Experimental Type

Informations  
test Dev  
test Prod

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



# RECHERCHER DES READSETS

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

The screenshot shows the 'Recherche' (Search) interface with several filter categories:

- Filtres supplémentaires**: Includes 'Sélect. des projets', 'Sélect. des états', and 'Sélect. des instruments'.
- Colonnes supplémentaires**: Includes 'Sélect. des échantillons', 'Sélect. une éval QC', 'Sélect. une éval bioinfo.', 'Sélect. des types de run', 'Sélect. un run', and 'Sélect. colonnes config.'
- zone de texte**: Includes 'Copier/coller une liste d'éléments' and a 'Regex pour le code' input field.
- Réinitialiser tous les filtres de recherche**
- Lancer la recherche**

Plusieurs filtres de recherche sont disponibles :

- Sélectionnez des projets (nomenclature CNS : « AQI » | nomenclature CNG : « ECTOPIA\_432 ») ;
- Sélectionnez des échantillons

#### Saisie libre dans une zone de texte

Taper plusieurs échantillons avec leur nomenclature exacte (sans avoir sélectionné de projet au préalable) en les séparant par une virgule, un point-virgule ou un retour à la ligne.



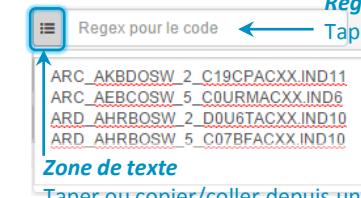
#### Sélection dans une liste

Sélectionner un ou plusieurs échantillons dans le menu déroulant.

Attention, il faut avoir au préalable renseigner un (des) projet(s).

La liste affichée des échantillons possibles est limitée à 20 valeurs.

Utiliser le bandeau « Taper ici ! » pour commencer à taper le nom de l'échantillon et la liste se rafraîchit.



#### Zone de texte

Taper ou copier/coller depuis un fichier une liste de codes readsets (avec leur nomenclature exacte). Séparateurs : virgule, point-virgule, retour à la ligne.

- Regex pour le code (taper un motif pour retrouver tous les readsets qui contiennent ce motif dans leur code ; exemple CNG : \_RA\_ permet de retrouver tous les readsets qui ont pour experimental type « RNaseq »)
- Date run depuis le (jj/mm/aaaa) ;
- Date run jusqu'au (jj/mm/aaaa) ;
- Sélectionnez des états pour le readset (RG en cours, évaluation en attente, disponible, indisponible...);
- Sélectionnez une évaluation QC (oui, non, -) ;
- Sélectionnez une évaluation bioinfo (oui, non, -) ;
- Sélectionnez des types de run (RHS2000, RHS2500R, ...);
- Sélectionnez un run (en tapant des lettres qui le composent) ;
- Sélectionnez des instruments (Actifs : Mercure, Platine, Hiseq10, Inactifs : Chrome) ;
- Sélectionnez des résolutions QC (Problème qualité : répartition bases ; Problème taxon : conta manip...) ;
- Sélectionnez des résolutions bioinfo.
- Readset évalué par (login utilisateur)

Filtres supplémentaires de recherche :

- cf. page suivante



# RECHERCHER DES READSETS

Filtres supplémentaires de recherche :

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

Filtres    Filtres supplémentaires    Colonne supplémentaires    Experimental search mode

Regex Code aliquot	Localisation	Regex Archive Id	Eval. jusqu'au (jj/mm/aaaa)
Type processus banque	Envoyé Collaborateur ?	Eval. depuis le (jj/mm/aaaa)	

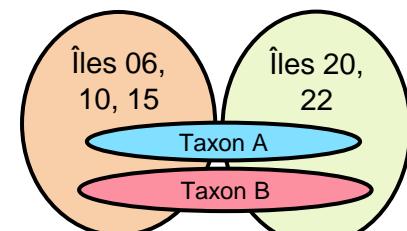
Filtres    Filtres supplémentaires    Colonne supplémentaires    Experimental search mode

Select. types échantillon	Primers	Regex CB Tara	Protocole Tara Pacific	Eval. jusqu'au (jj/mm/aaaa)
Regex Taxon (ncbiScientificName)	Taille théorique sizing	Regex OA Tara Pacific	Critère évaluation	
Type processus banque	Station Tara	Île Tara Pacific	Envoyé CCRT ? <input type="checkbox"/>	
Regex Protocole extraction	Profondeur Tara (code)	Site Tara Pacific	Regex Archive Id	
Région ciblée Tag	Porosité Tara (code)	Colonie / Poisson Tara Pacific	Eval. depuis le (jj/mm/aaaa)	

L'experimental search mode est utilisé dans le cas d'une recherche complexe que l'utilisateur ne peut effectuer avec les filtres de recherche existant (combinaison de ET, OU, SAUF ...),

*Exemple : taxon A des îles 6, 10, 15 + taxon B des îles 20, 22*

*L'utilisateur ne pourra rechercher que l'ensemble des taxons A et B dans toutes les îles 6, 10, 15, 20, 22*



# RECHERCHER DES READSETS – REGEX SUR CODE

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

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

Filtres    Filtres supplémentaires    Colonnes supplémentaires

Sélect. des projets    Sélect. des échantillons    OSF\_

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

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

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



Tous les readsets contenant « **OSF\_** » dans leur code apparaissent dans le tableau résultat.

Filtres    Filtres supplémentaires    Colonnes supplémentaires

Sélect. des projets    Sélect. des échantillons    .IND2

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



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

Filtres    Filtres supplémentaires    Colonnes supplémentaires

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

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



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

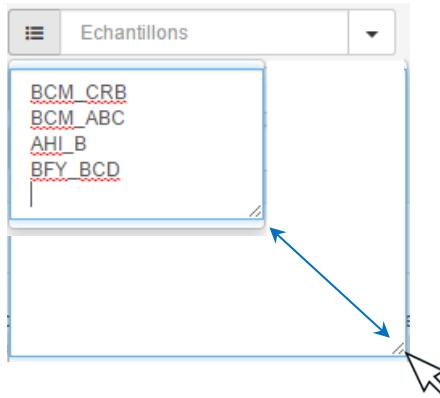


# DÉTAIL FILTRE DE RECHERCHE / DOUBLE MODE

## Saisie libre dans une zone de texte

Taper plusieurs échantillons *avec leur nomenclature exacte* (sans avoir sélectionné de projet au préalable) en les séparant par une virgule, un point-virgule ou un retour à la ligne.

Possibilité de copier/coller une liste venant d'un fichier, colonne excel...

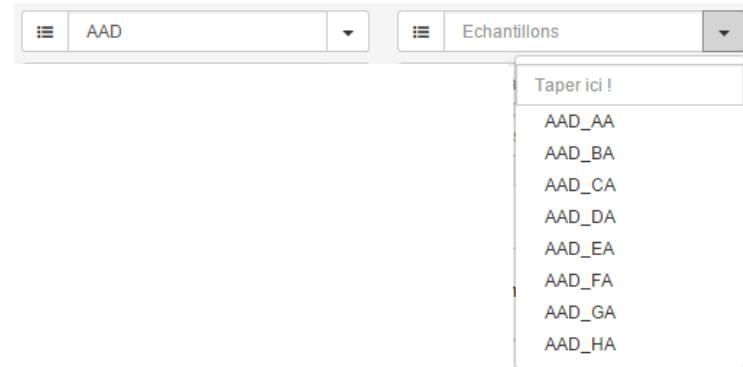


## Sélection dans une liste

Sélectionner un ou plusieurs échantillons dans le menu déroulant.

*Attention, il faut avoir au préalable renseigner un (ou plusieurs) projet(s).*

*La liste affichée des échantillons possibles est limitée à 20 valeurs. Utiliser le bandeau « Taper ici ! » pour commencer à taper le nom de l'échantillon et la liste se rafraîchit.*



## Saisie libre dans une zone de texte

Lister plusieurs codes readsets *avec leur nomenclature exacte*.

Séparateurs : virgule, un point-virgule ou un retour à la ligne.



## Regex pour le code

## Regex (regular expression)

taper un motif pour retrouver tous les supports qui contiennent ce motif dans leur code

# RECHERCHER DES ANALYSES

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

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

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

Plusieurs filtres de recherche sont disponibles :

- Sélectionnez des projets (*nomenclature CNS : « AQI » / nomenclature CNG : « ECTOPIA\_432 »*) ;
- Sélectionnez des échantillons (*ne peut être utilisé que si un ou plusieurs projets sont sélectionnés*) ;
- Regex pour le code (*taper un motif pour retrouver toutes les analyses qui contiennent ce motif dans leur code*) ;
- Sélectionnez des types (*type de l'analyse, exemple : BAC pool assembly*) ;
- Sélectionnez des états pour l'analyse (*Analyse BI en cours, Evaluation en attente, Evaluation terminée*) ;
- Sélectionnez une évaluation (*oui, non, -*) ;
- Analyse évaluée par (*login utilisateur*) ;
- Sélectionnez des résolutions (*Merging : % merging, Scaffolding : N50...*)



# Visualiser les détails et les traitements d'un run



# SÉLECTIONNER DES RUNS A VISUALISER

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

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 the following runs:

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. The run status is 'Séquençage en cours'. The main information section includes:

- Code:** 141027\_PLATINE\_H072KAMXX
- Type:** RHS2500R
- Nb Cycles:** (not explicitly shown)
- Code Instrument:** PLATINE
- Ligne Contrôle:** (not explicitly shown)
- Type d'Instrument:** HISEQ2500
- Date Run:** 27/10/2014

Below this, there are sections for 'Etat' (Séquençage en cours), 'Nb Clusters (total)', 'Nb Clusters filt. (moyenne)', 'Code Flowcell' (H072KAMXX), 'Position Flowcell', 'Version RTA', and 'Date fin RG' (27/10/2014). There are also sections for 'Comptes Rendus', 'Critères', 'Evalué par (0)', 'Nb Bases (total)', 'A conserver ?' (checkbox), 'Supprimé' (checkbox), and 'Version Flowcell'.

At the bottom left, there is a link 'Détails évaluation'. On the right side, there is a table titled 'Pistes' with columns: #, Valide ?, and Comptes Rendus. The table has two rows: 1 (Valide ? ---) and 2 (Valide ? ---).



# 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		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		
Évalué 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

## Résultat évaluation LANES

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

## Récapitulatif des lots de séquences sur la FC et métriques importantes

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



# VISUALISER UN RUN DANS SON WORKFLOW

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



**Run status flow**

The flowchart shows the progression of a run through various stages: sequencing, reading generations, and evaluation. The current state, "Evaluation terminée", is highlighted in blue. A callout box points to this stage with the text: "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."

Etat	Date
Séquençage en cours	
Séquençage terminé	
Séquençage en échec	
Read generation en attente	
Read generation en cours	18/10/2014 00:00:00
Read generation terminée	18/10/2014 00:00:00
Evaluation en attente	18/10/2014 22:32:18
Evaluation en cours	20/10/2014 15:05:22
<b>Evaluation terminée</b>	20/10/2014 15:05:22



# 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)

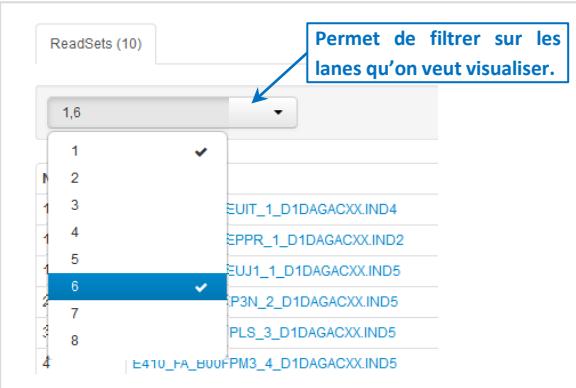
Sélect. des lanes
Voir Readsets
Evaluer Readsets

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

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

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

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



ReadSets (10)

1,6

1  
2  
3  
4  
5  
6  
7  
8  
9  
10

EUIT\_1\_D1DAGACXX.IND4  
EPPR\_1\_D1DAGACXX.IND2  
EUJ1\_1\_D1DAGACXX.IND5  
EP3N\_2\_D1DAGACXX.IND5  
PLS\_3\_D1DAGACXX.IND5  
E41U\_H\_BuuFPM3\_4\_D1DAGACXX.IND5



Voir Readsets



Evaluer Readsets



# Visualiser les détails et les traitements d'un readset



# SÉLECTIONNER DES READSETS A VISUALISER

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

**1. Recherche effectuée au moyen des filtres de recherche**

**2. Cliquer sur les readsets pour les sélectionner**

**3. Cliquer sur « afficher détails »**

**4. Cliquer sur le readset à consulter**

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



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (1/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »



NOM du lot de séquence →

**BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2** Disponible ← Etat (cf. workflow)

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



Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

Code BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2

Nb Séquences utiles 200,311,306

Run / N° Piste 140108\_CARBONE\_C39G9ACXX / 2

Etat Disponible

Nb Bases utiles 39,920,324,496

Type de Run RHS2000

Valide QC ? Non

Valide BioInfo ? Oui

Nb Cycles 209

Comptes Rendus QC Problème qualité

Q30  
duplicat > 30

Comptes Rendus BioInfo

Critères QC Default

Critères BioInfo Low

Evalué par ngsrg (10/03/2014)

Evalué par ngsrg (10/03/2014)

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

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

Stat. globales

Raccourci pour aller sur le RUN

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

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

Statistiques associées au traitement [READSET]



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (2/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de  
séquence →

**BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2** Disponible ← Etat (cf. workflow)

Editer

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

SSID 1205772468

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

Chemin /env/cns/proj/projet\_BAT/AAK/RunsSolexa/140108\_CARBONE\_C39G9ACXX/

Envoyé au CCRT ?

Informations pouvant être renseignées  
(individuellement ou en masse)

Envoyé au Collaborateur ?

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

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

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

Informations sur les fichiers



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (3/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de séquence → BCU\_LEOSW\_6\_C6B56ACXX.IND1 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Général	Avancé	Infos échantillon	Infos workflow
Code d'échantillon	BCU_LE		% par piste 33.33
Type d'échantillon	gDNA		Layout Nominal Length 685
Catégorie d'échantillon	DNA		Type processus banque W
Code support container	C6B56ACXX		% par piste 33.33
Code container	C6B56ACXX_6		Tag IND1
Ref. Collaborateur	Og_102		Catégorie Tag SINGLE-INDEX
			Taille associée au taxon 400000000

NGS-RG	Read Quality (vs RAW)	Duplicates (vs RAW)	Trimming	Contam. PhiX	Taxonomy	Read Quality (vs CLEAN)	Duplicates (vs CLEAN)	Merging
% déposé	% Séquences valides / piste				Nb Séquences valides	Nb Bases	% >= Q30	Score Qualité moyen
33,33	32,88				74 471 001	15 043 142 202	89,84	35,13

Informations sur l'échantillon + infos CONTENTS provenant de NGL-SQ \*\*

\*\* possible d'afficher ces informations en colonnes additionnelles pour les visualiser en masse



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (4/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »



NOM du lot de séquence → BCU\_LEOSW\_6\_C6B56ACXX.IND1 Disponible ← Etat (cf. workflow)

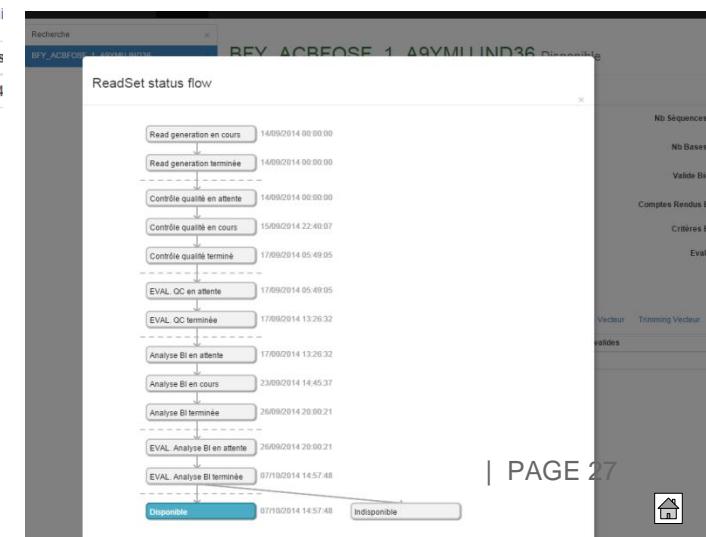
Général	Avancé	Infos échantillon	Infos workflow
Etat	Date	readsets.workflow.who	
Nouveau	30/03/2015 13:58:33	nsgsg	
Read generation en cours	30/03/2015 13:58:33	nsgsg	
Read generation terminée	30/03/2015 21:26:10	nsgsg	
Contrôle qualité en attente	30/03/2015 21:26:10	nsgsg	
Contrôle qualité en cours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

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

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

BFY\_ACBFOSF\_1\_A9YMU.IND36

Général	Avancé
Code	BFY_ACBFOSF_1_A9YMU.IND36
Etat	Disponible



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (5/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de  
séquence

→ **BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2** Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

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

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

Statistiques associées au traitement [READSET]



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (4/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de  
séquence

→ **BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2** Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

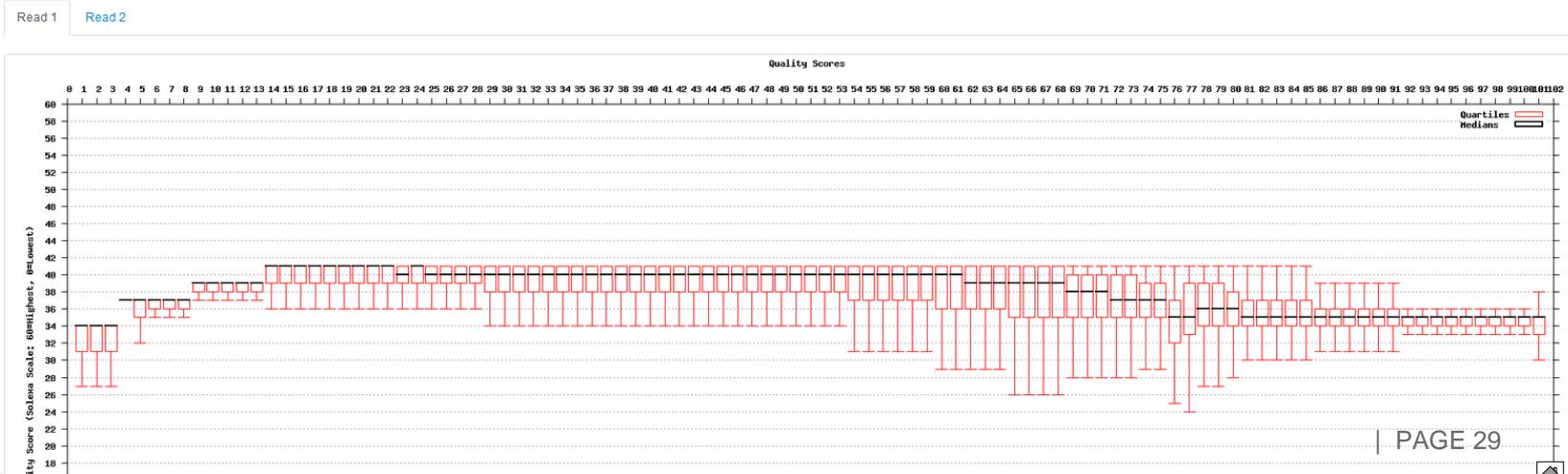
Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

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

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

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

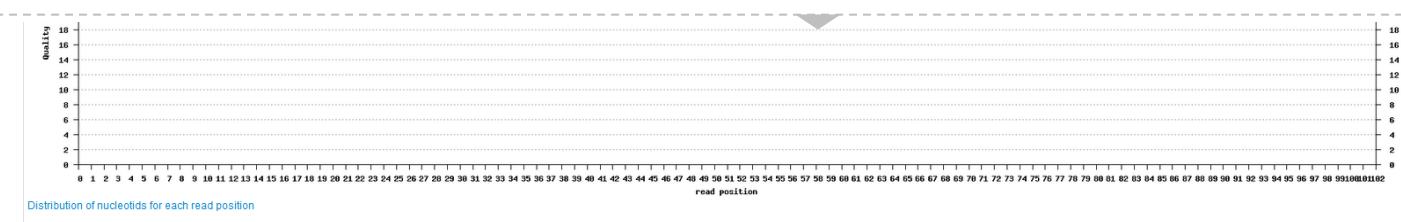


# INTERFACE READSET – DÉTAILS (5/14)

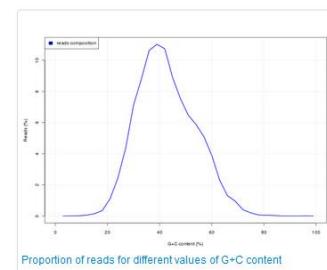
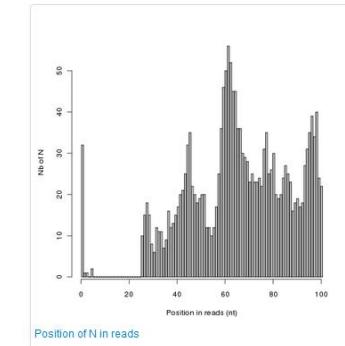
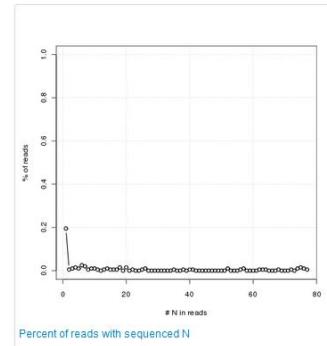
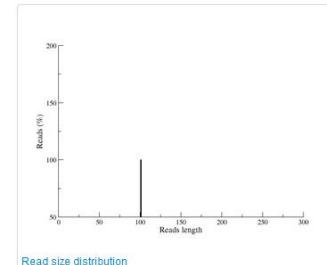
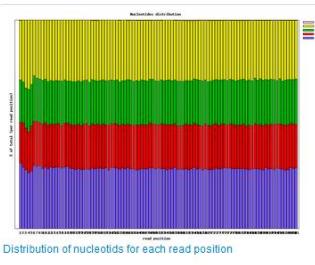
Onglets  
traitements  
[READSET]

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

Read 1 Read 2



Statistiques associées au traitement [READSET]



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (6/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de  
séquence

→ BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

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

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

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

Statistiques associées au traitement [READSET]



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (7/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de  
séquence

→ BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

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

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements  
[READSET]

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

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

Statistiques associées au traitement [READSET]



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (8/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de  
séquence

→ BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

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

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements  
[READSET]

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

Statistiques associées au traitement [READSET]



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (9/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de séquence →

**BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2** Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

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

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

Statistiques associées au traitement [READSET]

\* pas encore disponible pour le CNG

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

Bilans Krona Arbre phylogenetique

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

Bilan par taxon

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

Bilan par division

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

Bilan par mot-clé

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

+ fungi (V 1.9)



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (10/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de  
séquence

→ **BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2** Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

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

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

Statistiques associées au traitement [READSET]

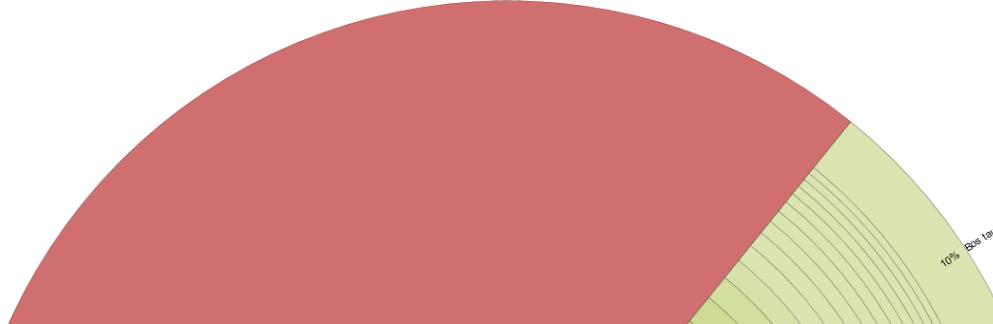
NGS-RG Read Quality (vs RAW) Duplicates (vs RAW) Trimming (vs RAW) Contam. PhiX (vs TRIM) **Taxonomy (vs CLEAN)**\* Read Quality (vs CLEAN) Duplicates (vs CLEAN) Mapping (vs CLEAN) Merging (vs CLEAN)

Bilans **Krona** Arbre phylogénétique

Krona   Search:

all   
Total: 20000

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



\* pas encore  
disponible pour le CNG



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (11/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de  
séquence

→ BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

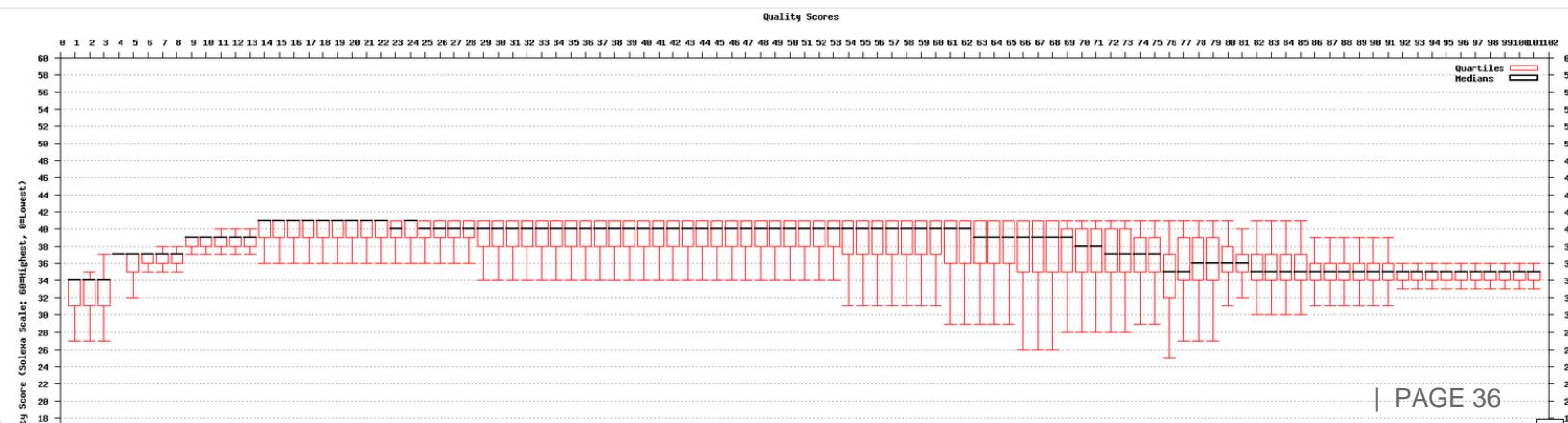
Code	BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2	Nb Séquences utiles	200,311,306	Run / N° Piste	140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2
Etat	Disponible	Nb Bases utiles	39,920,324,496	Type de Run	RHS2000
Valide QC ?	Non	Valide BioInfo ?	Oui	Nb Cycles	209
Comptes Rendus QC	Problème qualité Q30 duplicat > 30	Comptes Rendus BioInfo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

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

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

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

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

	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 %)

Statistiques associées au traitement [READSET]



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (13/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de séquence →

**BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2** Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

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

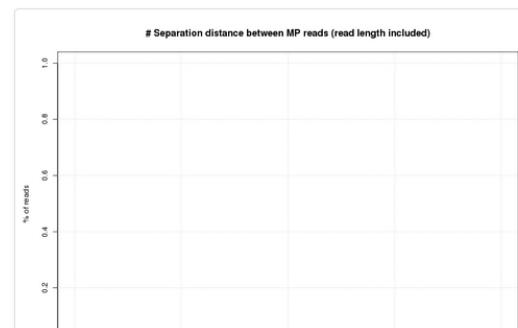
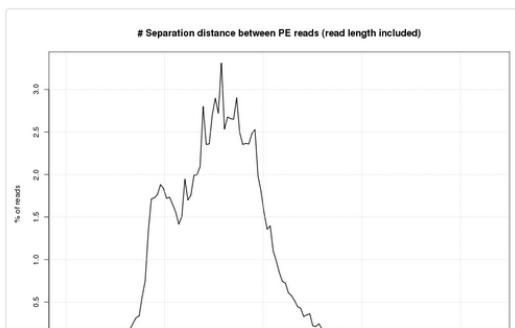
Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements [READSET]

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

Données Référence

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



Statistiques associées au traitement [READSET]



# INTERFACE READSET – DÉTAILS (14/14)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de séquence →

**BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2** Disponible ← Etat (cf. workflow)

Edit

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

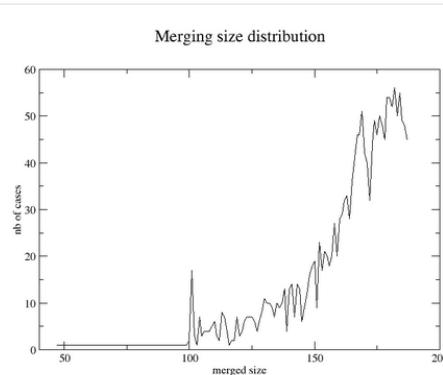
Code	BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2	Nb Séquences utiles	200,311,306	Run / N° Piste	140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2
Etat	Disponible	Nb Bases utiles	39,920,324,496	Type de Run	RHS2000
Valide QC ?	Non	Valide BioInfo ?	Oui	Nb Cycles	209
Comptes Rendus QC	Problème qualité Q30 duplicat > 30	Comptes Rendus BioInfo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

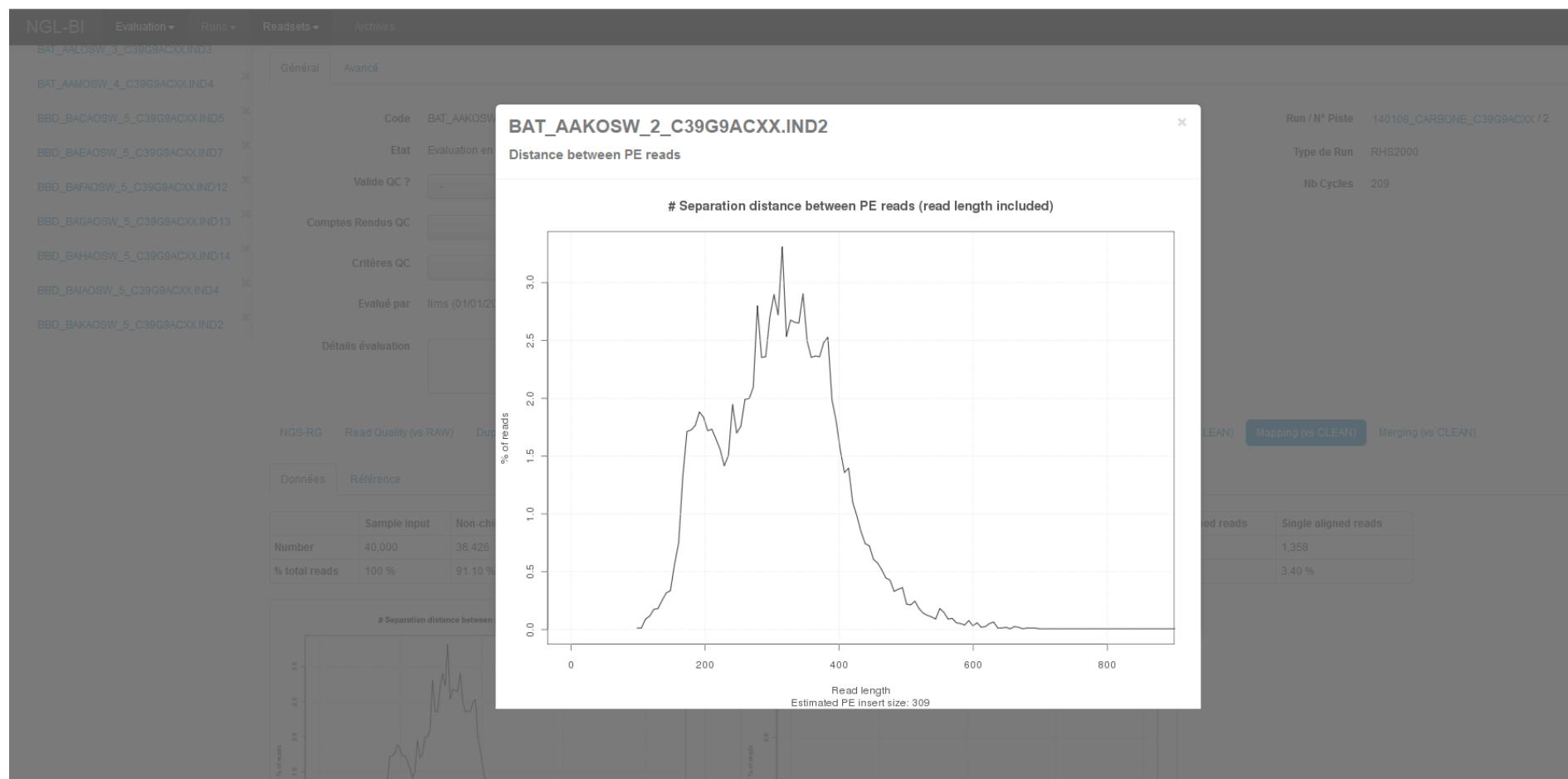


\* pas encore disponible pour le CNG



# INTERFACE READSET – ZOOM IMAGES

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



# 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

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

Mode impression

Général		Avancé	
Code	BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4		
Nb Séquences utiles	481 265		
Etat	Analyse BI en cours		
Nb Bases utiles	269 304 239		
Validé QC ?	Oui		
Validé BioInfo ?	---		
Nb Cycles	609		

- L'aperçu d'impression s'affiche => cliquer sur « Impression »

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

Impression

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
Évalué 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"/>
Évalué par	clouesse (17/09/2014)	Envoyé Collaborateur ?	<input type="checkbox"/>

Détails évaluation

Imprimer

Total : 31 pages

Enregistrer au format PDF

Modifier...

Destination

Pages  Tous  par exemple : 1-5, 8, 11-13

Marges  Par défaut

31/10/2014

Readsets

**BFY\_ABTDOSF\_1\_A9YMU.IND4**

Code

Validé QC ?

Comptes Rendus QC

Critères QC

Évalué par

Sélectionner un emplacement de destination

Emplacements de destination récents

Enregistrer au format PDF



# 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 42

# 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 »

Lien vers les interfaces des readsets concernés par l'analyse

Commentaire

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

Sélect. des échantillons      Regex pour le code      Run depuis le (jj/mm/aaaa)      Run jusqu'au (jj/mm/aaaa)

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

Sélect. des instruments      Sélect. des resol. QC.      ReadSet évalué par:

Sélect. colonnes config.

Configuration tara
Configuration blé

Taille (10) ▾
9 Résultat(s)

Colonne « fixes »
Colonne ajoutées

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	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

Attention, les config. sont indépendantes des highlights.

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

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



# Effectuer du reporting sur les readsets



# REPORTING READSETS – CHOIX COLONNES

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

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

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

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

**Filtres**

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

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

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

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

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

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

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

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

**Colonnes « fixes »**
**Colonnes ajoutées**

Code	Run	Nº Piste	Projet	Echantillon	Date Run	Etat	Score	Qualité 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			---



# REPORTING READSETS – CHOIX COLONNES

Exemples de colonnes additionnelles :

Filtres   Filtres supplémentaires   Colonne supplémentaires   Experimental search mode

<input type="checkbox"/> Type Run	<input type="checkbox"/> Index name	<input type="checkbox"/> % Déposé	<input type="checkbox"/> Conta. Adaptateurs - 95% du run	<input type="checkbox"/> Localisation
<input type="checkbox"/> Nb cycles utiles R1	<input type="checkbox"/> % >= Q30	<input type="checkbox"/> Concentration lane (pM)	<input type="checkbox"/> % Duplicates R1	<input type="checkbox"/> Envoyé collaborateur ?
<input type="checkbox"/> Nb cycles utiles R2	<input type="checkbox"/> Score Qualité moyen	<input type="checkbox"/> % Séquences valides / piste	<input type="checkbox"/> % Duplicates R2	<input type="checkbox"/> Archive ID
<input type="checkbox"/> Ref. collaborateur	<input type="checkbox"/> Nb Séquences valides	<input type="checkbox"/> Moy. %GC (R1)	<input type="checkbox"/> % Duplicates Pairs	<input type="checkbox"/> Date d'Archive
<input type="checkbox"/> Code Aliquot	<input type="checkbox"/> Nb Bases	<input type="checkbox"/> Moy. %GC (R2)	<input type="checkbox"/> % FR (PE) aligned reads	
<input type="checkbox"/> Type Processus Banque (code)	<input type="checkbox"/> Couverture (humain)	<input type="checkbox"/> Conta. Adaptateurs - 5% du run	<input type="checkbox"/> Estimated PE insert size	
<input type="checkbox"/> Type Processus Banque (label)	<input type="checkbox"/> Nb Séquences utiles	<input type="checkbox"/> Conta. Adaptateurs - 30% du run	<input type="checkbox"/> % RF (MP) aligned reads	
<input type="checkbox"/> Taille d'insert médiane (pb)	<input type="checkbox"/> Nb Bases utiles	<input type="checkbox"/> Conta. Adaptateurs - 50% du run	<input type="checkbox"/> Estimated MP insert size	

+ ↻  
 Regex pour colonne conta

Pour retrouver facilement une colonne (si on a son nom en tête), taper son nom (entièrement ou en partie) dans Regex pour colonne ;  
 L'affichage sera restreint aux colonnes qui correspondent aux caractères saisis.

Conta. Adaptateurs - 5% du run  
 Conta. Adaptateurs - 30% du run  
 Conta. Adaptateurs - 50% du run

+ ↻  
 conta

Des catégories de colonnes peuvent aussi être mises en place pour regrouper les colonnes et les rechercher par catégorie (= contexte)

Filtres   Filtres supplémentaires   Colonne supplémentaires   Experimental search mode

<input type="checkbox"/> Type Run	<input type="checkbox"/> Type Processus Banque (code)	<input type="checkbox"/> Nb Séquences utiles	<input type="checkbox"/> % Eukaryota	<input type="checkbox"/> % FR (PE) aligned reads
<input type="checkbox"/> Type flowcell NovaSeq	<input type="checkbox"/> Type Processus Banque (label)	<input type="checkbox"/> Nb Bases utiles	<input type="checkbox"/> % Chloroplast	<input type="checkbox"/> Estimated PE insert size
<input type="checkbox"/> Nb cycles utiles R1	<input type="checkbox"/> DEV / PROD ?	<input type="checkbox"/> Couverture utile (Nb Bases utiles/Taille échantillon)	<input type="checkbox"/> % Mitochondri	<input type="checkbox"/> % RF (MP) aligned reads
<input type="checkbox"/> Nb cycles utiles R2	<input type="checkbox"/> Objectif taille insert (LIMS)	<input type="checkbox"/> % Déposé	<input type="checkbox"/> % Triticum aestivum + triticeae + triticum	<input type="checkbox"/> Estimated MP insert size
<input type="checkbox"/> Taille insert (pb)	<input type="checkbox"/> Méthode déplétion ARNr	<input type="checkbox"/> Concentration lane (pM)	<input type="checkbox"/> % Homo sapiens + Homininae + Hominidae + Hominoidea	<input type="checkbox"/> % Chimeric aligned reads
<input type="checkbox"/> Ref. collaborateur	<input type="checkbox"/> Méthode synthèse cDNA	<input type="checkbox"/> Fraction de run	<input type="checkbox"/> % E.coli	<input type="checkbox"/> % Non-chimeric aligned reads
<input type="checkbox"/> Code container origine	<input type="checkbox"/> Qté engagée ds bq RNA (ng)	<input type="checkbox"/> % Séquences valides / piste	<input type="checkbox"/> % Fungi	<input type="checkbox"/> Détails évaluation
<input type="checkbox"/> Taxon	<input type="checkbox"/> Protocole bq RNA	<input type="checkbox"/> % Duplicates R1 (Raw)	<input type="checkbox"/> % Unknown:No hits	<input type="checkbox"/> Archive ID
<input type="checkbox"/> Taxon ID	<input type="checkbox"/> Orientation brin synthétisé	<input type="checkbox"/> % Duplicates R2 (Raw)	<input type="checkbox"/> % Unknown:Not assigned	<input type="checkbox"/> Date d'Archive
<input type="checkbox"/> Nom organisme / collaborateur	<input type="checkbox"/> Qté réelle engagée ds FRG(ng)	<input type="checkbox"/> % Duplicates Pairs (Raw)	<input type="checkbox"/> % Taxo - 2 best hits	<input type="checkbox"/> Localisation
<input type="checkbox"/> Taille échantillon (bases)	<input type="checkbox"/> Protocole banque	<input type="checkbox"/> % Duplicates Pairs (Clean)	<input type="checkbox"/> % rRNA R1	<input type="checkbox"/> Chemin
<input type="checkbox"/> Type d'échantillon	<input type="checkbox"/> Qté engagée dans bq (ng)			<input type="checkbox"/> Fichiers

+ ↻  
 Regex pour colonne contex

# REGEX COLONNES SUPPLÉMENTAIRES

Le nombre de colonnes supplémentaires s'étant multiplié, un filtre « regex pour colonne » a été ajouté pour permettre de retrouver plus facilement les colonnes que l'on souhaite ajouter au tableau résultat.

The screenshot shows the NGL-BI software interface with the 'Readsets' tab selected. In the top navigation bar, there are tabs for 'Filtres', 'Filtres supplémentaires', and 'Colonnes supplémentaires'. The 'Colonnes supplémentaires' tab is active, displaying a large list of supplementary column names. A blue arrow points from the text above to the 'Regex pour colonne' search input field, which is highlighted with a blue border. Below this, two examples are shown: one for 'duplic' and another for 'Tara'.

**Supplementary Columns (Colonnes supplémentaires) List:**

- Type Run
- Nb cycles utiles R1
- Nb cycles utiles R2
- Taille insert (pb)
- Ref. collaborateur
- Code container origine
- Taxon
- Taxon ID
- Nom organisme / collaborateur
- Taille échantillon (bases)
- Type d'échantillon
- Protocole extraction
- Primers
- Région ciblée Tag
- Taille amplicon attendue
- Issu de l'échantillon
- Issu du type d'échantillon
- Type Processus Banque (code)
- Type Processus Banque (label)
- Objectif taille insert (LIMS)
- Méthode déplétion ARNr
- Méthode synthèse cDNA
- Protocole bq RNA
- Orientation brin synthétisé
- Protocol banque
- Qté engagée dans bq (ng)
- Taille théorique sizing (pb)
- % >= Q30
- Score Qualité moyen
- Nb Séquences valides
- Nb Bases
- Couverture (Nb Bases/Taille échantillon)
- Nb Séquences utiles
- Nb Bases utiles
- Couverture utile (Nb Bases utiles/Taille échantillon)
- % Déposé
- Concentration lane (pM)
- Fraction de run
- % Séquences valides / piste
- % Duplicates R1 (Raw)
- % Duplicates R2 (Raw)
- % Duplicates Pairs (Raw)
- % Duplicates Pairs (Clean)
- % Reads trim. R1
- % Reads trim. R2
- Stored Pairs ap. trimming
- % Removed Reads (E. coli)
- Remaining Reads ap. decontamPhiX
- Logiciel taxonomie
- % Bacteria
- % Eukaryota
- % Chloroplast
- % Mitochondri
- % Triticum aestivum + triticeae + triticum
- % Fungi
- % Unknown:No hits
- % Unknown:Not assigned
- % rRNA R1
- % rRNA R2
- % rRNA single
- Useful Sequences ap. Sorting Ribo
- % Merged reads
- Mediane size of merged reads (bases)
- Average size of merged reads (bases)
- Version logiciel mapping
- % FR (PE) aligned reads
- Estimated PE insert size
- % RF (MP) aligned reads
- Estimated MP insert size
- % Chimeric aligned reads
- % Non-chimeric aligned reads
- Détails évaluation
- Archive ID
- Localisation
- Chemin
- Fichiers
- Station Tara (label)
- Code-barres Tara
- Protocole Tara Pacific
- Environnement Tara Pacific

**Search Examples:**

- Regex for column:** dupli
- Supplementary Columns (Colonnes supplémentaires) List (duplic results):**
  - % Duplicates R1 (Raw)
  - % Duplicates R2 (Raw)
  - % Duplicates Pairs (Raw)
  - % Duplicates Pairs (Clean)
- Regex for column:** Tara
- Supplementary Columns (Colonnes supplémentaires) List (Tara results):**
  - Station Tara (label)
  - Code-barres Tara
  - Protocole Tara Pacific
  - Environnement Tara Pacific

# CONTEXTES DE COLONNES

Au vu du nombre croissant de colonnes supplémentaires, des « contextes » de colonnes ont été mis en place pour aider à la recherche et à l'ajout des colonnes dans le tableau résultatat.

Readsets
Filtres
Filtres supplémentaires
Colonnes supplémentaires

Type Run  
 Nb cycles utiles R1  
 Nb cycles utiles R2  
 Taille insert (pb)  
 Ref. collaborateur  
 Code container origine  
 Taxon  
 Taxon ID  
 Nom organisme / collaborateur  
 Taille échantillon (bases)  
 Type d'échantillon  
 Protocole extraction  
 Primers  
 Région ciblée Tag  
 Taille amplicon attendue  
 Issu de l'échantillon

Issu du type d'échantillon  
 Type Processus Banque (code)  
 Type Processus Banque (label)  
 Objectif taille insert (LIMS)  
 Méthode déplétion ARNr  
 Méthode synthèse cDNA  
 Protocole bq RNA  
 Orientation brin synthétisé  
 Protocole banque  
 Qté engagée dans bq (ng)  
 Taille théorique sizing (pb)  
 % >= Q30  
 Score Qualité moyen  
 Nb Séquences valides  
 Nb Bases  
 Couverture (Nb Bases/Taille échantillon)

Nb Séquences utiles  
 Nb Bases utiles  
 Couverture utile (Nb Bases utiles/Taille échantillon)  
 % Déposé  
 Concentration lane (pM)  
 Fraction de run  
 % Séquences valides / piste  
 % Duplicates R1 (Raw)  
 % Duplicates R2 (Raw)  
 % Duplicates Pairs (Raw)  
 % Duplicates Pairs (Clean)  
 % Reads trim. R1  
 % Reads trim. R2  
 Stored Pairs ap. trimming  
 % Removed Reads (E. coli)  
 Remaining Reads ap. decontamPhiX

Logiciel taxonomie  
 % Bacteria  
 % Eukaryota  
 % Chloroplast  
 % Mitochondri  
 % Triticum aestivum + triticeae + triticum  
 % Fungi  
 % Unknown: No hits  
 % Unknown: Not assigned  
 % rRNA R1  
 % rRNA R2  
 % rRNA single  
 Useful Sequences ap. Sorting Ribo  
 % Merged reads  
 Mediane size of merged reads (bases)  
 Average size of merged reads (bases)

Version logiciel mapping  
 % FR (PE) aligned reads  
 Estimated PE insert size  
 % RF (MP) aligned reads  
 Estimated MP insert size  
 % Chimeric aligned reads  
 % Non-chimeric aligned reads  
 Détails évaluation  
 Archive ID  
 Localisation  
 Chemin  
 Fichiers  
 Station Tara (label)  
 Code-barres Tara  
 Protocole Tara Pacific  
 Environnement Tara Pacific

+ ○

Regles pour colonne

Contexte

Infos run
 Info chevauchement
 Infos échantillon
 Infos manips
 Infos ngsrg
 Infos couverture
 Infos duplicités
 Infos trimming
 Infos décontamination
 Infos taxonomie
 Infos sortingRibo
 Infos merging
 Infos mapping
 Infos évaluation
 Infos Tara
 Infos fichiers
 Infos ancien lims

Code	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Date Run	Etat	Validé QC ?	Comptes Rendus QC	Validé BioInfo ?
BZG_AABDOSRB_1_H32YCBX2.IND10	171122_FLUOR_H32YCBX2	1	BZG	BZG_AABD	22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---	---	---
BCB_DAQIOSW_1_H32YCBX2.IND34	171122_FLUOR_H32YCBX2	1	BCB	BCB_DAQI	22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---	---	---
BZG_AAAKOSRB_1_H32YCBX2.IND8	171122_FLUOR_H32YCBX2	1	BZG	BZG_AAAK	22/11/2017	Contrôle qualité en cours	---	---	---
BZG_AABJOSRB_1_H32YCBX2.IND9	171122_FLUOR_H32YCBX2	1	BZG	BZG_AABJ	22/11/2017	Contrôle qualité en cours	---	---	---
BUR_AAJDOSTA_2_H32YCBX2.12BA002	171122_FLUOR_H32YCBX2	2	BUR	BUR_AAJD	22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---	---	---
BUR_AAJLOSTA_2_H32YCBX2.12BA003	171122_FLUOR_H32YCBX2	2	BUR	BUR_AAJL	22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---	---	---
BUR_AAJTOSTA_2_H32YCBX2.12BA004	171122_FLUOR_H32YCBX2	2	BUR	BUR_AAJT	22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---	---	---

# CONTEXTES DE COLONNES

Choisir un contexte. Choisir les colonnes et les ajouter avec le bouton +

Filtres   Filtres supplémentaires   Colonne supplémentaires

Ref. collaborateur    Nom organisme / collaborateur    Primers  
 Taxon    Taille échantillon (bases)    Région ciblée Tag    Issu de l'échantillon  
 Taxon ID    Type d'échantillon    Taille amplicon attendue    Issu du type d'échantillon

+ -  
 Regex pour colonne  
 Infos échantillon

Code	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Ref. collaborateur	Taxon	Taxon ID	Nom organisme / collaborateur	Date Run	Etat	Valide QC ?	Comptes Rendus QC
BZG_AABDOSRB_1_H32YCBCX2.IND10	171122_FLUOR_H32YCBCX2	1	BZG	BZG_AABD	ST-T2-5	Collozoum sp. DDM-2005	310806		22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---	
BCB_DAQIOSW_1_H32YCBCX2.IND34	171122_FLUOR_H32YCBCX2	1	BCB	BCB_DAQI	41SUR269MMQQ32	Stramenopiles	33634		22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---	
BZG_AAAKOSRB_1_H32YCBCX2.IND8	171122_FLUOR_H32YCBCX2	1	BZG	BZG_AAAK	ST-T2-1	Collozoum sp. DDM-2005	310806		22/11/2017	Contrôle qualité en cours	---	

Infos échantillon
  
Infos run
Info chevauchement
Infos échantillon
Infos manips
Infos ngsrg
Infos couverture
Infos duplcats
Infos trimming
Infos décontamination
Infos taxonomie

# CONTEXTES DE COLONNES

Si besoin, choisir un 2<sup>ème</sup> contexte. Choisir les colonnes et les ajouter avec le bouton +

Filtres Filtres supplémentaires Colonnes supplémentaires

Station Tara (label)  Code-barres Tara  Protocole Tara Pacific  Environnement Tara Pacific

+   Regex pour colonne  
Infos Tara

contexte 2

Code-barres Tara	Protocole Tara Pacific	Code	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Ref. collaborateur	Taxon ID	Nom organisme / collaborateur	Date Run	Etat	Validé QC ?	
BZG_AABDOSRB_1_H32YCBX2.IND10	171122_FLUOR_H32YCBX2	1	BZG	BZG_AABD	ST-T2-5	Collozoum sp. DDM-2005	310806		22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---		
BCB_DAQIOSW_1_H32YCBX2.IND34	171122_FLUOR_H32YCBX2	1	BCB	BCB_DAQI	41SUR269MMQQ32	Stramenopiles	33634		22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---		
BZG_AAKOSRB_1_H32YCBX2.IND8	171122_FLUOR_H32YCBX2	1	BZG	BZG_AAAK	ST-T2-1	Collozoum sp. DDM-2005	310806		22/11/2017	Contrôle qualité en cours	---		
BZG_AABJOSRB_1_H32YCBX2.IND9	171122_FLUOR_H32YCBX2	1	BZG	BZG_AABJ	ST-T2-2	Collozoum sp. DDM-2005	310806		22/11/2017	Contrôle qualité en cours	---		
CO-0000029	CS4L	BUR_AAJDOSTA_2_H32YCBX2.12BA002	171122_FLUOR_H32YCBX2	2	BUR	BUR_AAJD	CO-0000029	Pocillopora	46730		22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---

contexte 1

Infos Tara

- Infos run
- Info chevauchement
- Infos échantillon
- Infos manips
- Infos ngsrg
- Infos couverture
- Infos dupliques
- Infos trimming
- Infos décontamination
- Infos taxonomie
- Infos sortingRibo
- Infos merging
- Infos mapping
- Infos évaluation
- Infos Tara
- Infos fichiers
- Infos ancien lims

# CONTEXTES DE COLONNES

Si besoin, choisir un 3<sup>ème</sup> contexte, etc.

Filtres   Filtres supplémentaires   Colonne supplémentaires

% Merged reads    Median size of merged reads (bases)    Average size of merged reads (bases)

contexte 3, etc

contexte 2

contexte 1

Regexp pour colonne

Infos merging

Code barres Tara   Protocole Tara Pacific

Code   Run   Nº Piste   Projet   Echantillon   Ref. collaborateur   Taxon   Nom organisme / collaborateur   Date Run   Etat   % Merged reads   Median size of merged reads (bases)   Average size of merged reads (bases)   Valide QC ?   Comptes Rendus QC   Valide BiolInfo ?   Comptes BiolInfo

BZG\_AABDOSRB\_1\_H32YCBX2.IND10   171122\_FLUOR\_H32YCBX2   1   BZG   BZG\_AABD   ST-T2-5   Collozoum sp. DDM-2005   310806   22/11/2017   Contrôle qualité en attente

BCB\_DAQIOSW\_1\_H32YCBX2.IND34   171122\_FLUOR\_H32YCBX2   1   BCB   BCB\_DAQI   41SUR269MMQQ32   Stramenopiles   33634   22/11/2017   Contrôle qualité en attente

BZG\_AAKOSRB\_1\_H32YCBX2.IND8   171122\_FLUOR\_H32YCBX2   1   BZG   BZG\_AAAK   ST-T2-1   Collozoum sp. DDM-2005   310806   22/11/2017   Contrôle qualité en cours

BZG\_AABJOSRB\_1\_H32YCBX2.IND9   171122\_FLUOR\_H32YCBX2   1   BZG   BZG\_AABJ   ST-T2-2   Collozoum sp. DDM-2005   310806   22/11/2017   Contrôle qualité en cours

CO-0000029   CS4L   BUR\_AAJDOSTA\_2\_H32YCBX2.12BA002   171122\_FLUOR\_H32YCBX2   2   BUR   BUR\_AAJD   CO-0000029   Pocillopora   46730   22/11/2017   Contrôle qualité en attente

# CONTEXTES DE COLONNES

En décochant les contextes, l'ensemble des colonnes additionnelles réapparaissent. Celles qui ont été déjà ajoutées restent cochées. On peut ainsi en ajouter d'autres.

Filtres   Filtres supplémentaires   Colonne supplémentaires

Type Run  
 Nb cycles utiles R1  
 Nb cycles utiles R2  
 Taille insert (pb)  
 Ref. collaborateur  
 Code container origine  
 Taxon  
 Taxon ID  
 Nom organisme / collaborateur  
 Taille échantillon (bases)  
 Type d'échantillon  
 Protocole extraction  
 Primers  
 Région ciblée Tag  
 Taille amplicon attendue  
 Issu de l'échantillon

Issu du type d'échantillon  
 Type Processus Banque (code)  
 Type Processus Banque (label)  
 Objectif taille insert (LIMS)  
 Méthode déplétion ARNr  
 Méthode synthèse cDNA  
 Protocole bq RNA  
 Orientation brin synthétisé  
 Protocole banque  
 Qté engagée dans bq (ng)  
 Taille théorique sizing (pb)  
 % >= Q30  
 Score Qualité moyen  
 Nb Séquences valides  
 Nb Bases  
 Couverture (Nb Bases/Taille échantillon)

Nb Séquences utiles  
 Nb Bases utiles  
 Couverture utile (Nb Bases utiles/Taille échantillon)  
 % Déposé  
 Concentration lane (pM)  
 Fraction de run  
 % Séquences valides / piste  
 % Duplicates R1 (Raw)  
 % Duplicates R2 (Raw)  
 % Duplicates Pairs (Raw)  
 % Duplicates Pairs (Clean)  
 % Reads trim. R1  
 % Reads trim. R2  
 Stored Pairs ap. trimming  
 % Removed Reads (E. coli)  
 Remaining Reads ap. decontamPhiX

Logiciel taxonomie  
 % Bacteria  
 % Eukaryota  
 % Chloroplast  
 % Mitochondri  
 % Triticum aestivum + triticeae + triticum  
 % Fungi  
 % Unknown::No hits  
 % Unknown::Not assigned  
 % rRNA R1  
 % rRNA R2  
 % rRNA single  
 Useful Sequences ap. Sorting Ribo  
 % Merged reads  
 Median size of merged reads (bases)  
 Average size of merged reads (bases)

Version logiciel mapping  
 % FR (PE) aligned reads  
 Estimated PE insert size  
 % RF (MP) aligned reads  
 Estimated MP insert size  
 % Chimeric aligned reads  
 % Non-chimeric aligned reads  
 Détails évaluation  
 Archive ID  
 Localisation  
 Chemin  
 Fichiers  
 Station Tara (label)  
 Code-barres Tara  
 Protocole Tara Pacific  
 Environnement Tara Pacific

+   -   🔍   Regex pour colonne
Contexte

Code-barres Tara	Protocole Tara Pacific	Code	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Ref. collaborateur	Taxon	Taxon ID	Nom organisme / collaborateur	Date Run	Etat	% Merged reads	Median size of merged reads (bases)	Average size of merged reads (bases)	Validé QC ?	Comptes Rendus QC	Valide Biolinfo ?	Compt Rendu Biolinfo
		BZG_AABDOSRB_1_H32YCBX2.IND10	171122_FLUOR_H32YCBX2	1	BZG	BZG_AABD	ST-T2-5	Collozoum sp. DDM-2005	310806		22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---	---	---	---	---	---	
		BCB_DAQIOSW_1_H32YCBX2.IND34	171122_FLUOR_H32YCBX2	1	BCB	BCB_DAQI	41SUR269MMQQ32	Stramenopiles	33634		22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---	---	---	---	---	---	

*NB : on peut également utiliser une config de colonnes PUIS surcharger avec des colonnes additionnelles, en utilisant CONTEXTES ou non.*

# CONTEXTES DE COLONNES

**Infos run**

Type Run  
Nb cycles utiles R1  
Nb cycles utiles R2

**Info chevauchement**

Type Run  
Nb cycles utiles R1  
Nb cycles utiles R2  
Taille insert (pb)

**Infos échantillon**

Ref. collaborateur  
Taxon  
Taxon ID  
Nom organisme / collaborateur  
Taille échantillon (bases)  
Type d'échantillon  
Issu de l'échantillon  
Issu du type d'échantillon  
Primers  
Région ciblée Tag  
Taille amplicon attendue

**Infos manips**

Code container origine  
Protocole extraction  
Primers  
Région ciblée Tag  
Taille amplicon attendue  
Issu de l'échantillon  
Issu du type d'échantillon  
Type Processus Banque (code)  
Type Processus Banque (label)  
Méthode déplétion ARNr  
Méthode synthèse cDNA  
Protocole bq RNA  
Orientation brin synthétisé  
Protocole banque  
Qté engagée dans bq (ng)  
Taille théorique sizing (pb)  
Concentration lane (pM)

**% Déposé**

Fraction de run

**Infos ngsrg**

% >= Q30  
Score Qualité moyen  
Nb Séquences valides  
Nb Bases  
Couverture (Nb Bases/Taille échantillon)  
Nb Séquences utiles  
Nb Bases utiles  
Couverture utile (Nb Bases utiles/Taille échantillon)  
% Déposé  
Fraction de run  
% Séquences valides / piste

**Infos couverture**

Couverture (Nb Bases/Taille échantillon)  
Couverture utile (Nb Bases utiles/Taille échantillon)

**Infos duplcats**

% Duplicats R1 (Raw)  
% Duplicats R2 (Raw)  
% Duplicats Pairs (Raw)  
% Duplicats Pairs (Clean)

**Infos trimming**

% Reads trim. R1  
% Reads trim. R2  
Stored Pairs ap. trimming

**Info décontamination**

% Removed Reads (E. coli)  
Remaining Reads ap. decontamPhiX

**Info taxonomie**

Logiciel taxonomie  
% Bacteria  
% Eukaryota  
% Chloroplast  
% Mitochondri  
% Triticum aestivum + triticeae + triticum

**% Fungi**

% Unknown::No hits  
% Unknown::Not assigned

**Infos sortingRibo**

% rRNA R1  
% rRNA R2  
% rRNA single  
Useful Sequences ap. Sorting Ribo

**Infos merging**

% Merged reads  
Mediane size of merged reads (bases)  
Average size of merged reads (bases)

**Infos mapping**

Version logiciel mapping  
% FR (PE) aligned reads  
Estimated PE insert size  
% RF (MP) aligned reads  
Estimated MP insert size  
% Chimeric aligned reads  
% Non-chimeric aligned reads

**Infos évaluation**

Détails évaluation

**Infos Tara**

Station Tara (label)  
Code-barres Tara  
Protocole Tara Pacific  
Environnement Tara Pacific

**Infos fichiers**

Archive ID  
Localisation  
Chemin  
Fichiers

**Info ancien lims**

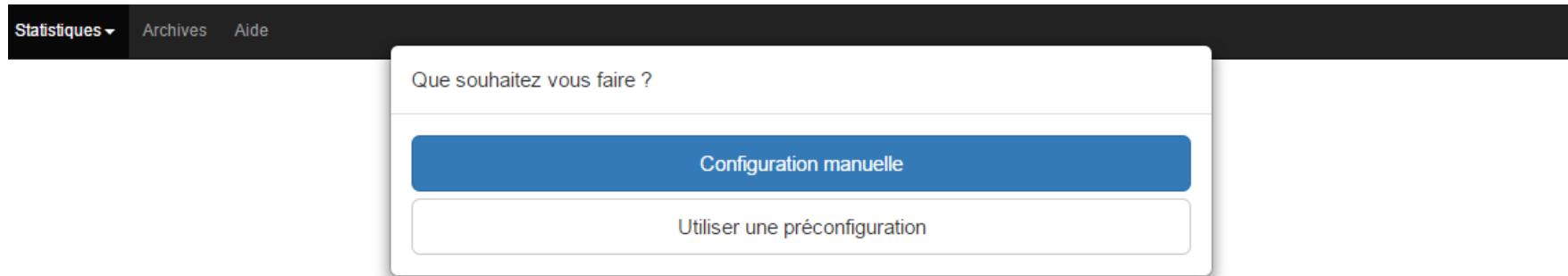
Objectif taille insert (LIMS)

# Générer des représentations graphiques de statistiques sur les readsets



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

Aller dans le menu Statistiques > Readsets.



# Statistiques > Readsets

## CONFIGURATION MANUELLE



# RECHERCHER DES READSETS

## POUR GÉNÉRER DES PRÉSENTATIONS GRAPHIQUES DE STATISTIQUES

Aller dans le menu Statistiques > Readsets.

### ➤ Rechercher des readsets

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

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



# CONFIGURATION DES STATISTIQUES

## ➤ Configuration Statistiques

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

The screenshot shows the 'Configuration Statistiques' section of a software interface. At the top, there are two dropdown menus: 'Select. une propriété' and 'Sélect. un type'. Above these are two boxes: 'Propriété (nb séquences utiles, % dupliques, % rRNA, % bactéria, ...)' and 'Type de statistique à calculer (z-score\*, valeur simple, ...)'. A blue button '+ Sauvegarder le choix de la représentation graphique et l'ajouter à la liste' is located between them. Below this is a table titled 'Liste des représentations graphiques enregistrées' containing three results. The table columns are 'Propriété', 'Type', 'Paramètres', and 'Nombre de Résultats'. The first row has parameters: {"projectCodes":["BCM"], "fromDate":1398722400000} and 26 results. The second row has parameters: {"projectCodes":["BCM"], "fromDate":1398722400000} and 1 result. A red dashed box highlights the first row of the table.

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

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

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

Avec  $x$  : valeur de la propriété d'un échantillon

$m$  : moyenne de la population

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

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



# VISUALISER LES GRAPHIQUES

## ➤ Visualiser les graphiques

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

Selectionner des Readsets

Configuration Statistiques

**Visualiser les Graphiques**

**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**

9  
8  
7  
6  
5  
4  
3  
2  
1  
0

% Duplicates Pairs

Readsets

■ % Duplicates Pairs

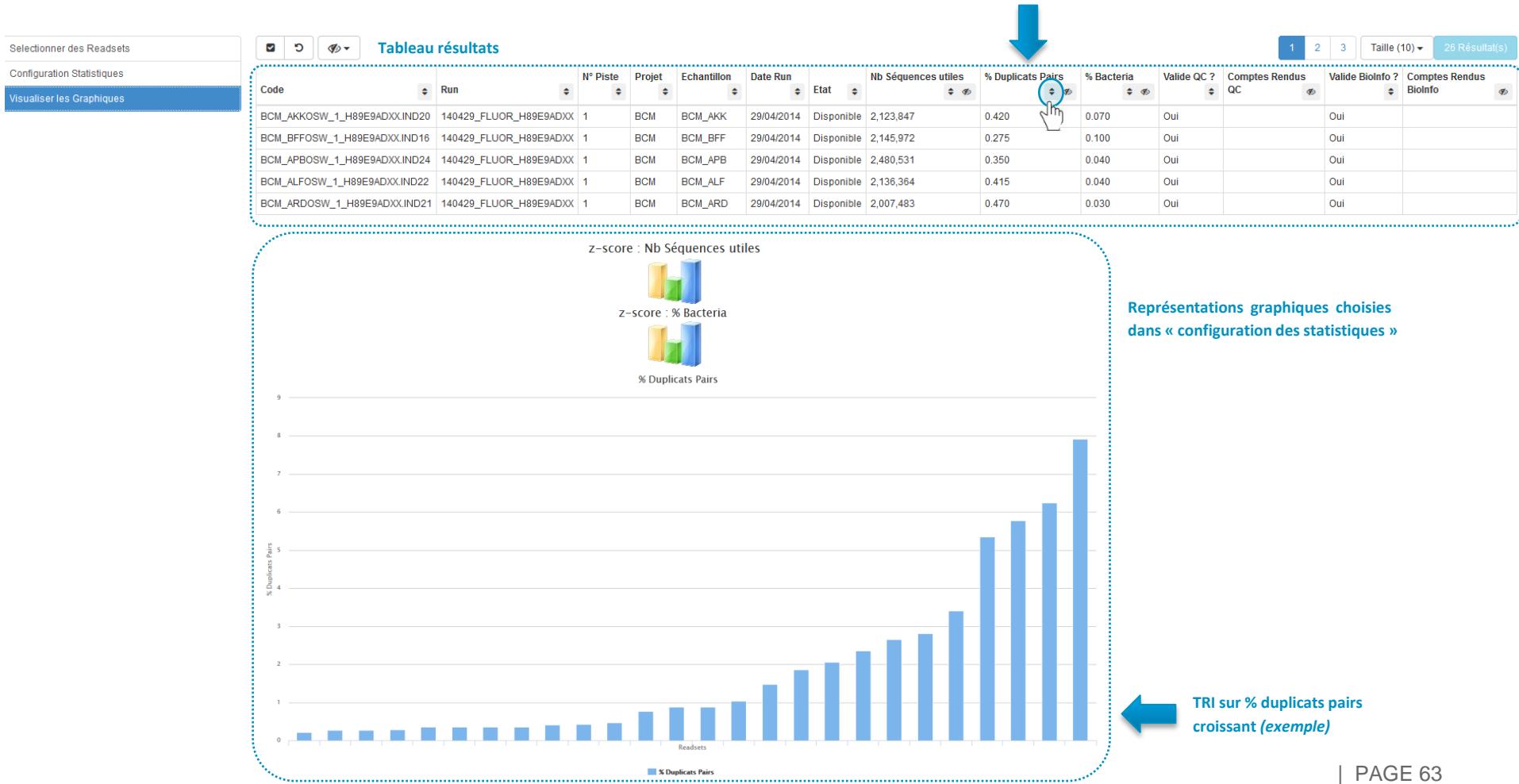
**Représentations graphiques choisies dans « configuration des statistiques »**

| PAGE 62

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

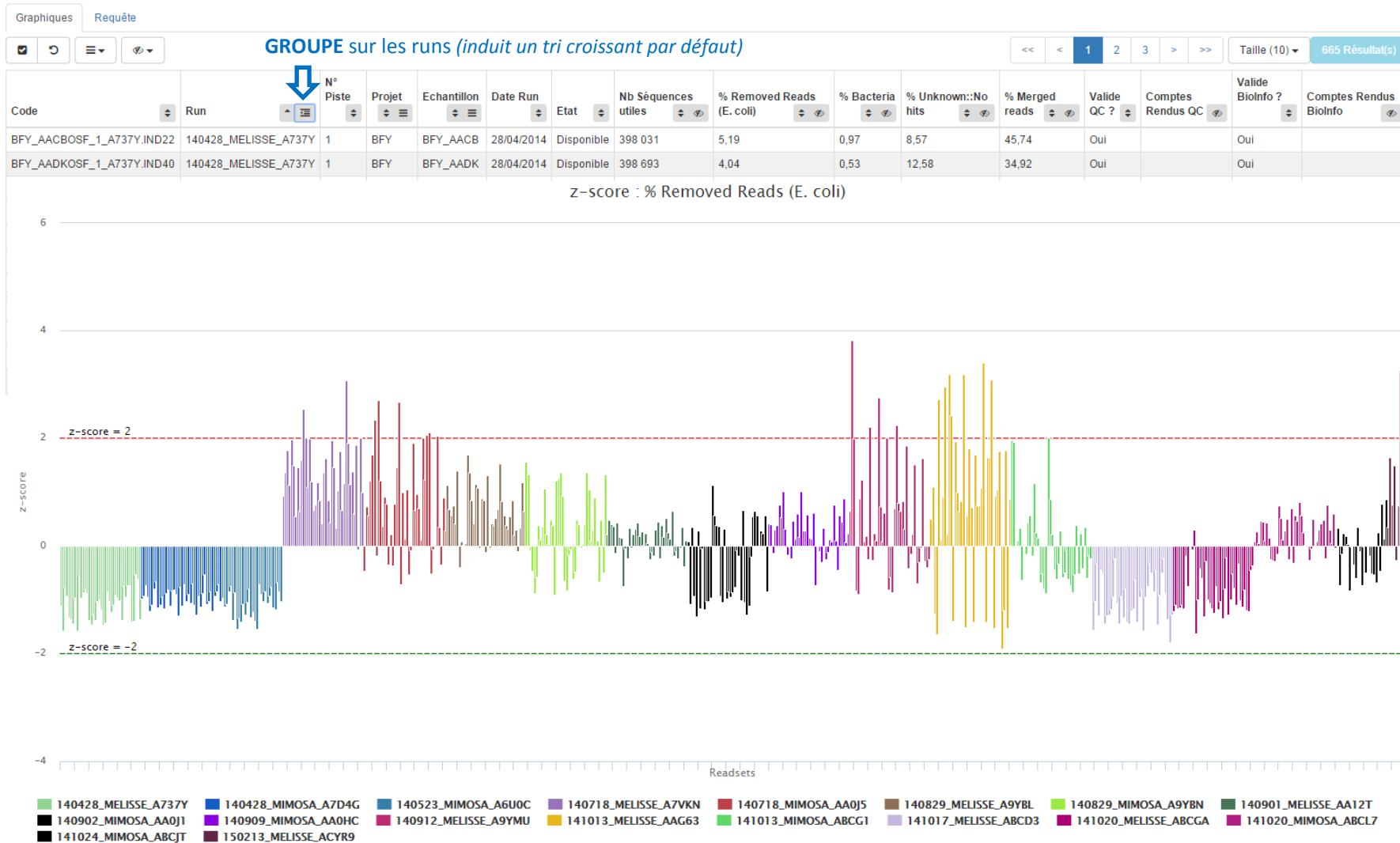
## ➤ Visualiser les graphiques

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



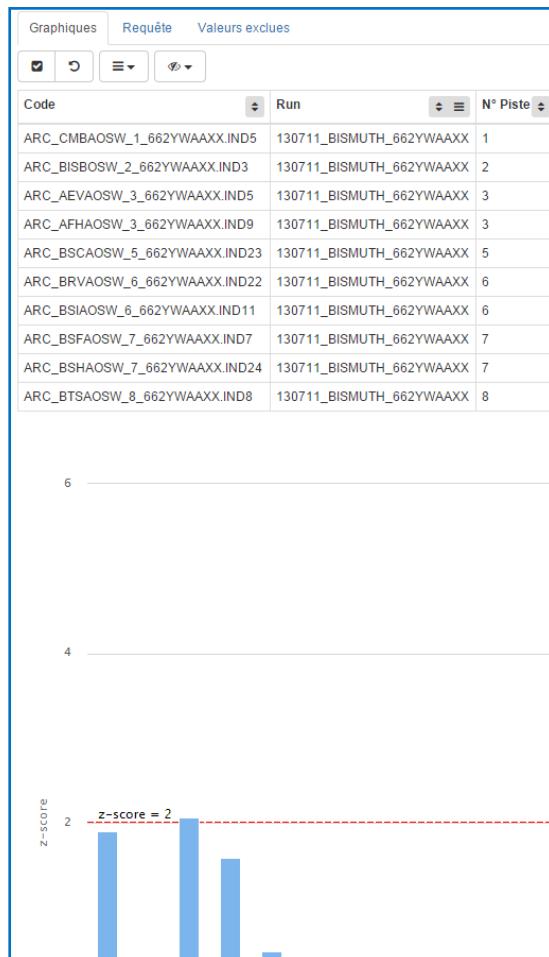
# VISUALISER DES SÉRIES EN GROUPANT SUR DES COLONNES DU TABLEAU

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



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

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



Graphiques   Requête   Valeurs exclues

excludes :  
includes :  
projectCodes : ["ARC"]

Graphiques   Requête   Valeurs exclues

**Z-score : % Duplicates Pairs**

• ARC_AAAOSE_1_B038CABXX
• ARC_AABOSE_2_B038CABXX
• ARC_AACOSE_3_B038CABXX
• ARC_AADOSE_4_B038CABXX
• ARC_AAEOSE_5_B038CABXX
• ARC_AAFOSE_6_B038CABXX
• ARC_AAGOSE_7_B038CABXX
• ARC_AAHOSE_8_B038CABXX
• ARC_AAIOSE_1_B037CABXX
• ARC_AAKOSE_2_B037CABXX
• ARC_AALOSE_3_B037CABXX
• ARC_AAMOSE_4_B037CABXX
• ARC_AANOSE_5_B037CABXX
• ARC_AAPOSE_6_B037CABXX
• ARC_AAQOSE_7_B037CABXX
• ARC_AAROSE_1_B06A4ABXX
• ARC_AAROSE_7_B06BTABXX
• ARC_AASOSE_2_B06A4ABXX
• ARC_AASOSE_8_B06BTABXX
• ARC_ABAAEOSW_2_D0KDVACXX.IND8
• ARC_ABAAEOSW_6_C19BDACXX.IND8
• ARC_ABBAOSW_8_DOC38ACXX.IND1
• ARC_ABBBOSW_8_DOC38ACXX.IND9
• ARC_ABKBOSW_2_C18DKACXX.IND2
• ARC_ABKBOSW_2_D0KDVACXX.IND2
• ARC_ABLAOSW_2_C1J54ACXX.IND11
• ARC_ABLAOSW_2_D0KDVACXX.IND11
• ARC_ABPAOSW_2_D0KDVACXX.IND5
• ARC_ABPAOSW_7_D1J49ACXX.IND5
• ARC_ABQAOSW_3_D0KDVACXX.IND4
• ARC_ABQAOSE_5_D1J49ACXX.IND4
• ARC_ABRAOSW_3_D1LP0ACXX.IND1
• ARC_ABRAOSW_4_COBULACXX.IND1
• ARC_ABRAOSW_5_C0C3YACXX.IND1
• ARC_ABSAOSW_1_C36Y1ACXX.IND2
• ARC_ABSAOSW_4_COBULACXX.IND2
• ARC_ABSAOSW_5_C0C3YACXX.IND2



# Statistiques > Readsets

## PRÉ-CONFIGURATION



# SÉLECTIONNER UNE CONFIGURATION ET VISUALISER LES GRAPHIQUES

- Sélectionner une configuration.

**Visualiser les Graphiques**

Sélect. une configuration.

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

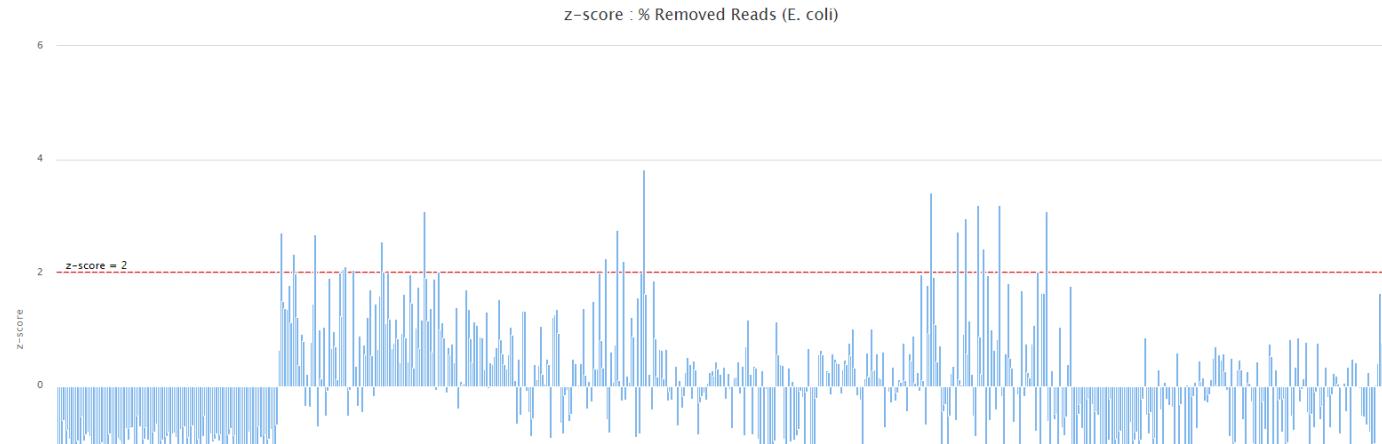
\*spec. sur Alfresco :  
<https://intra.institut-genomique.fr/share/page/site/ng/l/documentlibrary#filter=path%2FSp%C3%A9cification%2FTraitements%2FPr%C3%A9paration%2FConfiguration%20statistiques>

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

Graphiques Requête

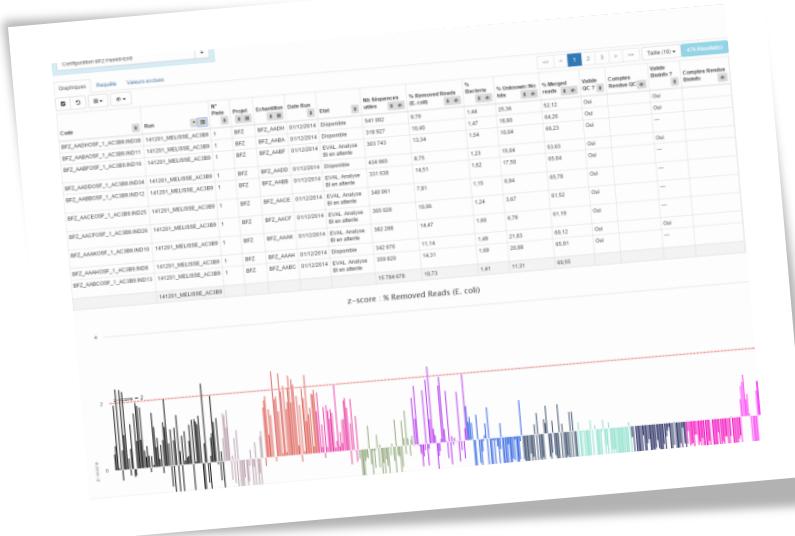
<< < 1 2 3 > >> Taille (10) ▾ 665 Résultat(s)

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



# TRIS, GROUPES SUR LE TABLEAU ET INTERACTIONS AVEC LES GRAPHIQUES

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



# Statistiques > Lanes



# STATISTIQUES > LANES (1/3)

Renseigner les filtres de recherche et rechercher (avec la loupe)

Filtres    Filtres supplémentaires    Colonnes supplémentaires

Projets	Echantillons	01/01/2018	Run jusqu'au (jj/mm/aaaa)	Instruments	
Etats runs	Types de run	Evaluation run	Code run	Résolutions run / lane	
Run évalué par :	Illumina				

Cliquer sur Visualiser les Graphiques

Selectionner des Runs

Visualiser les Graphiques

Choisir le traitement et la (les) propriété(s) à afficher, correspond au niveau lane

SAV
%>=Q30

Graphiques    Valeurs exclues

# STATISTIQUES > LANES (2/3)

L'onglet « Valeurs exclues » liste les runs pour lesquels la propriété n'est pas trouvée ; ces runs n'apparaîtront donc pas sur le graphique

Graphiques	Valeurs exclues
<ul style="list-style-type: none"> <li>• 180115_MARIECURIX_H5TCYDMXX</li> <li>• 180117_PANORAMIX_HFK5NCCXY</li> <li>• 180117_PANORAMIX_HG7J5CCXY</li> </ul>	

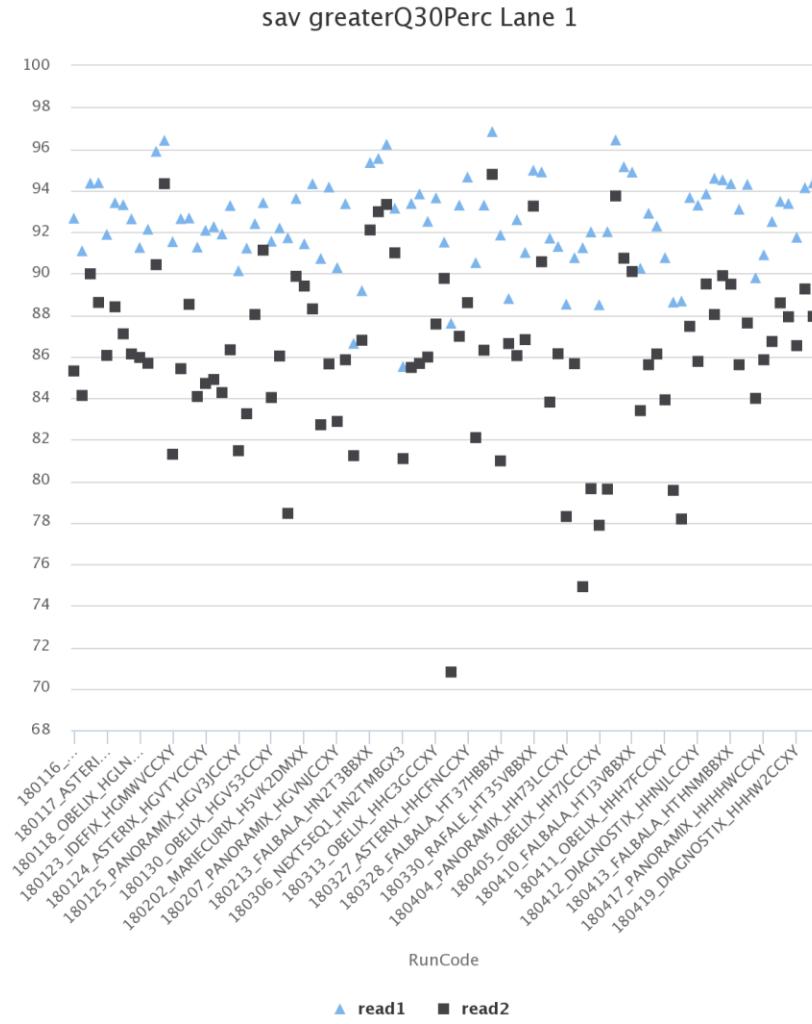
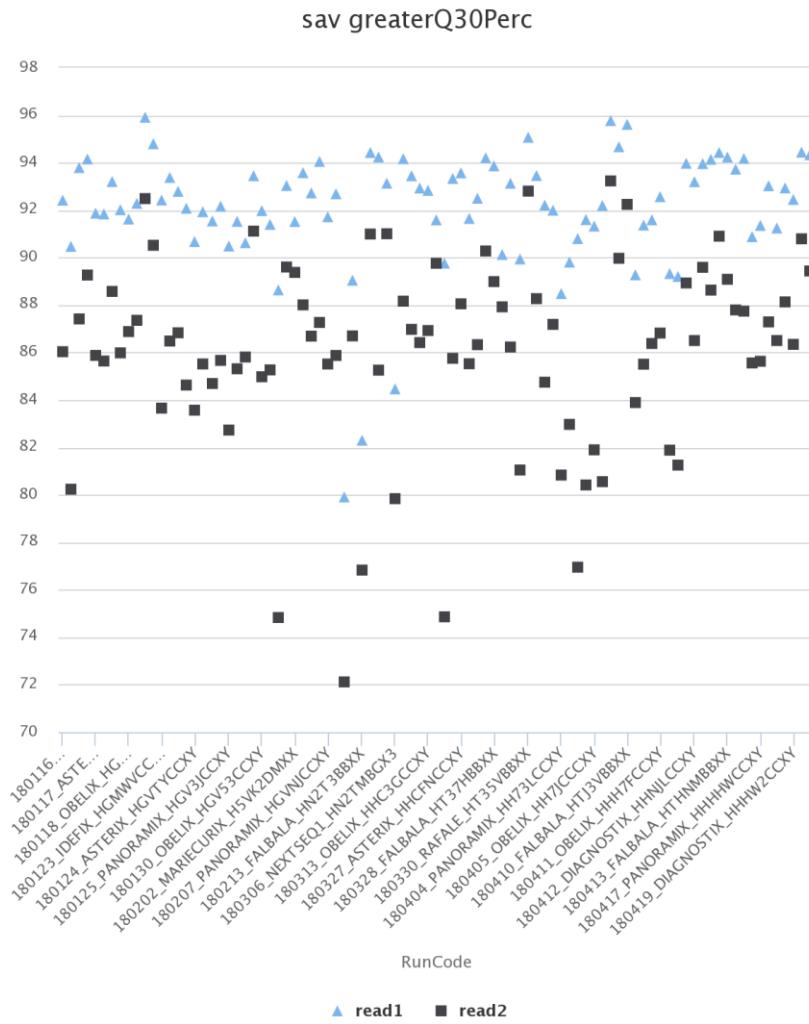
L'onglet « Graphiques » affiche le tableau résultat...

Code	Type	Date Run	Date fin RG	Etat	Valide ?	Comptes Rendus	%>=Q30	Lane	1	2	3	4	5	6	7	8
180116_DIAGNOSTIX_HFJLTCXY	RHSX	16/01/2018	23/01/2018	Evaluation terminée	Oui			read1	92,66	92,33	92,51	92,83	93,19	92,53	91,39	91,93
180116_DIAGNOSTIX_HFK52CCXY	RHSX	16/01/2018	22/01/2018	Evaluation terminée	Oui			read1	91,09	89,70	91,63	91,93	90,71	88,67	91,00	89,05
180116_FALBALA_HMLTMBBXX	RHS4000	16/01/2018	18/01/2018	Evaluation terminée	Oui			read1	94,35	93,46	94,00	93,65	94,04	94,10	93,14	93,60



# STATISTIQUES > LANES (3/3)

... et 2 graphiques par propriété : moyenne par run et par lane



# 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

Code 121203\_HISEQ7\_D1DAGACXX Type RHS2000 Nb Cycles 101  
 Etat Evaluation en cours Nb Clusters (total) 1,217,697,789 Ligne Contrôle 1 Version RTA 1.13.48  
 Valide ? Oui, Non, - % Clusters filt. (moyenne) 93.93 Code Flowcell D1DAGACXX  
 Comptes Rendus reso1,reso2 Nb Clusters filt. (total) 1,143,757,649 Position Flowcell A Version Flowcell HiSeq Flow Cell v3  
 Non obligatoire Nb Bases (total) 239,045,348,641 Code Instrument HISEQ7  
 Critères Non obligatoire Critères d'évaluation utilisés (critère éval. Miseq PE300 par exemple)  
 Evalué par ngsrg (20/02/2014) User et Date → Highlights en fonction des critères utilisés  
 Détails évaluation Non obligatoire détails éval en commentaire  
 Commentaire (saisie libre) pour apporter des détails à l'évaluation

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

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

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

ReadSets (10)	
Sélectionnez des lanes	
<input type="button" value="Voir ReadSets"/>	<input type="button" value="Evaluer ReadSets"/>
N° Piste	Code
1	E421_CB_B00EUIT_1_D1DAGACXX.LND4
1	E421_CB_B00EPPR_1_D1DAGACXX.LND2
1	E421_CB_B00EUU1_1_D1DAGACXX.LND5
2	E410_FA_B00EP3N_2_D1DAGACXX.LND5
3	E410_FA_B00FPLS_3_D1DAGACXX.LND5



# ÉVALUATION RUN : CHOIX DES RÉSOLUTIONS

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

NGL-BI   Evaluation ▾   Runs ▾   Readsets ▾   Archives   ngsrg

Runs à Evaluer   140122\_CARBONE\_C37T3ACXX   Evaluation terminée   Sauvegarder   Annuler

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	rehyb primer R1,densité clu	Nb Clusters filt. (total)	1,627,640,831	Position Flowcell	A	Type d'Instrument	HISEQ2000
Critères	Problème machine	16,933,679					
	indéterminé						
	chiller						
	pelletier						
	fluidique						
	laser						
	camera						
	lentille						
	pb de vide						
	PE module						
	cBot						
Evalué par	Problème réactifs	Résolutions					
	indéterminé						
	flowcell						
	cBot						
	séquençage						
	indexing						
	PE module						
	rehyb primer R1						
Détails évaluation	erreurs (illumina)	% Séquences filtrées (interne)	Nb Séquences (filtre illumina + interne)	Nb Bases (filtre illumina + interne)	% Perte	Pistes	
NGS-RG	98.9	202,445,350	40,893,960,700	2.05	#	Valide ?	Comptes Rendus
	99.07	226,328,328	45,718,322,256	2.15	1	Oui	fluidique
	99.25	239,924,225	48,464,693,450	3.87	2	Oui	
	98.95	199,785,721	40,356,715,642	2.36	3	Oui	
	98.9	187,608,186	37,896,853,572	2.15	4	Non	densité clusters trop élevée
	98.91	187,033,175	37,780,701,350	2.3	5	Oui	
	98.81	185,732,728	37,518,011,056	1.83	6	Oui	
	98.87	182,021,066	36,768,255,332	1.76	7	Non	phasing,prephasing,error rate
					8	Oui	
Readsets (44)							



# ÉVALUATION LANES : CHOIX DES RÉSOLUTIONS

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

NGL-BI   Evaluation ▾   Runs ▾   Readsets ▾   Archives   ngsrg

Runs à Évaluer   **140122\_CARBONE\_C37T3ACXX** Evaluation terminée   Sauvegarder Annuler

Code : 140122\_CARBONE\_C37T3ACXX   Type : RHS2000   Nb Cycles : 209   Version RTA : 1.13.48  
 Etat : Evaluation terminée   Nb Clusters (total) : 1,724,000,233   Ligne Contrôle : 0   Version Flowcell : HiSeq Flow Cell v3  
 Valide ? : Oui   % Clusters filt. (moyenne) : 94.41   Code Flowcell : C37T3ACXX   Code Instrument : CARBONE  
 Comptes Rendus : rehb primer R1,densité 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.



# RUN > HIGHLIGHT ET CRITÈRES D'ÉVALUATION

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

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

140523\_MIMOSA\_A6U0C Evaluation en attente

Sauvegarder Annuler

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

## Métriques à tester

NGS-RG

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

Pistes

#	Valide ?	Comptes Rendus
1	-	

Readsets (30)

Sélect. des lanes

Voir Readsets Evaluer Readsets

N° Piste	Code	Etat	% déposé	% Séquences valides / piste	Nb Séquences valides	Nb Bases	% >= Q30	Score Qualité moyen	Valide QC ?	Valide BiolInfo ?
1	BFY_AAHFOSF_1_A6U0C.IND18	EVAL, Analyse BI en attente	3.40	3.32	643,585	387,438,170	82.01	32.76	Oui	---
1	BFY_AAGHOSF_1_A6U0C.IND28	EVAL, Analyse BI en attente	3.30	1.80	348,375	209,721,750	83.76	33.27	Oui	---
1	BFY_AAGEOSF_1_A6U0C.IND25	EVAL, Analyse BI en attente	3.30	3.45	668,756	402,591,112	84.47	33.50	Oui	---
1	BFY_AADBOSF_1_A6U0C.IND32	EVAL, Analyse BI en attente	3.30	5.40	1,047,739	630,738,878	82.87	33.05	Oui	---
1	BFY_AAFAOSF_1_A6U0C.IND11	EVAL, Analyse BI en attente	3.40	2.93	568,223	342,070,246	81.56	32.66	Oui	---
1	BFY_AADAOSF_1_A6U0C.IND31	EVAL, Analyse BI en attente	3.30	5.33	1,033,591	622,221,782	82.81	33.04	Oui	---
1	BFY_AAOGCSF_1_A6U0C.IND27	EVAL, Analyse BI en attente	3.30	2.78	539,902	325,021,004	84.95	33.66	Oui	

PAGE 78



# 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 (Biomass)	% Séquences Minérales (Internes)	Nb Séquences Minérales (Internes)	Nb Séquences Minérales (Biomass + Internes)	Nb Bases (Biomass + Internes)	% Perde	#	Valide ?	Complex Rendus
1	101.101	210.403.100	91.95	211.017.343	99.26	210.405.895	43.500.070.090	3.31	1		Oui	
2	101.101	229.170.349	92.54	232.110.307	99.18	210.391.797	42.490.142.994	3.95	2		Oui	
3	101.101	210.083.175	91.27	209.037.304	99.20	227.320.054	45.911.680.808	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	220.000.071	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	37.920.309.414	1.43	7		Oui	
8	101.101	241.993.005	91.5	221.418.632	99.35	219.973.823	44.434.712.240	1.98	8		Oui	

Nº Plate	Code	Etat	% dépend	% Séquences valides / plate	Nb Séquences valides	Nb Bases	% == Q30	Score Qualité moyen	Valide GC ?	Valide Biobits ?
1	NGI_BI_ShortW_1_C39G9ACXX.IND1	Contrôle qualité en attente	07.09	206.195.849	41.011.561.298	89.64	34.60	—	—	—



# READSET – ÉVALUATION

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de séquence →

**BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2** Evaluation en attente ← Etat (cf. workflow)

Ne pas oublier de sauvegarder



Partie évaluation readset

Général	Avancé
Code	BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2
Etat	Contrôle qualité en attente
Valide QC ?	- <span style="border: 1px solid blue; padding: 2px;">Valide QC ?</span>
Comptes Rendus QC Non obligatoire	<span style="border: 1px solid blue; padding: 2px;">CR multi valeurs</span>
Critères QC Non obligatoire	<span style="border: 1px solid blue; padding: 2px;">Critères d'évaluation utilisés</span>
Evalué par	lims (01/01/2000) <span style="border: 1px solid blue; padding: 2px;">User et Date</span>
Détails évaluation Non obligatoire	<span style="border: 1px solid blue; padding: 2px;">Commentaire (saisie libre) pour apporter des détails à l'évaluation</span>

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

Onglets traitements [READSET]

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

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

Statistiques associées au traitement [READSET]



# ÉVALUATION READSET : CHOIX DES RÉSOLUTIONS

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

## BAT\_AAKOSW\_2\_C39G9ACXX.IND2 Disponible

Sauvegarder Annuler

Général Avancé

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

← Catégorie de résolutions

Résolutions

# Separation distance between MP reads (read length included)

# 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).

The screenshot shows the NGL-BI software interface with a toolbar at the top and a search/filter bar. Below is a table with columns: Code, Run, N° Piste, Projet, Echantillon, Date Run, Etat, Valide QC ?, and Valide BioInfo ?. A context menu is open over the 'Valide QC ?' column for the first row, with 'Oui' and 'Non' options. The 'Non' option is highlighted with a blue background and a cursor icon.

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	-	



# READSETS > HIGHLIGHT ET CRITÈRES D'ÉVALUATION

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

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

**Readsets à Evaluer**

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

**Métriques à tester**

Code	% >= Q30	Score Qualité moyen	Nb Séquences valides	Nb Séquences utiles	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Date Run	Etat	% Triticum aestivum + triticeae + 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_AAGAOOW_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	

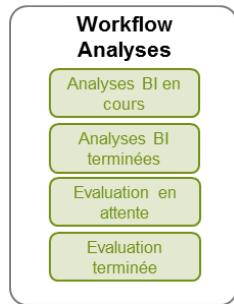
# Évaluer des analyses et générer des highlights via des critères d'évaluation



# 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*)



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

Pour renseigner individuellement chaque analyse

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	

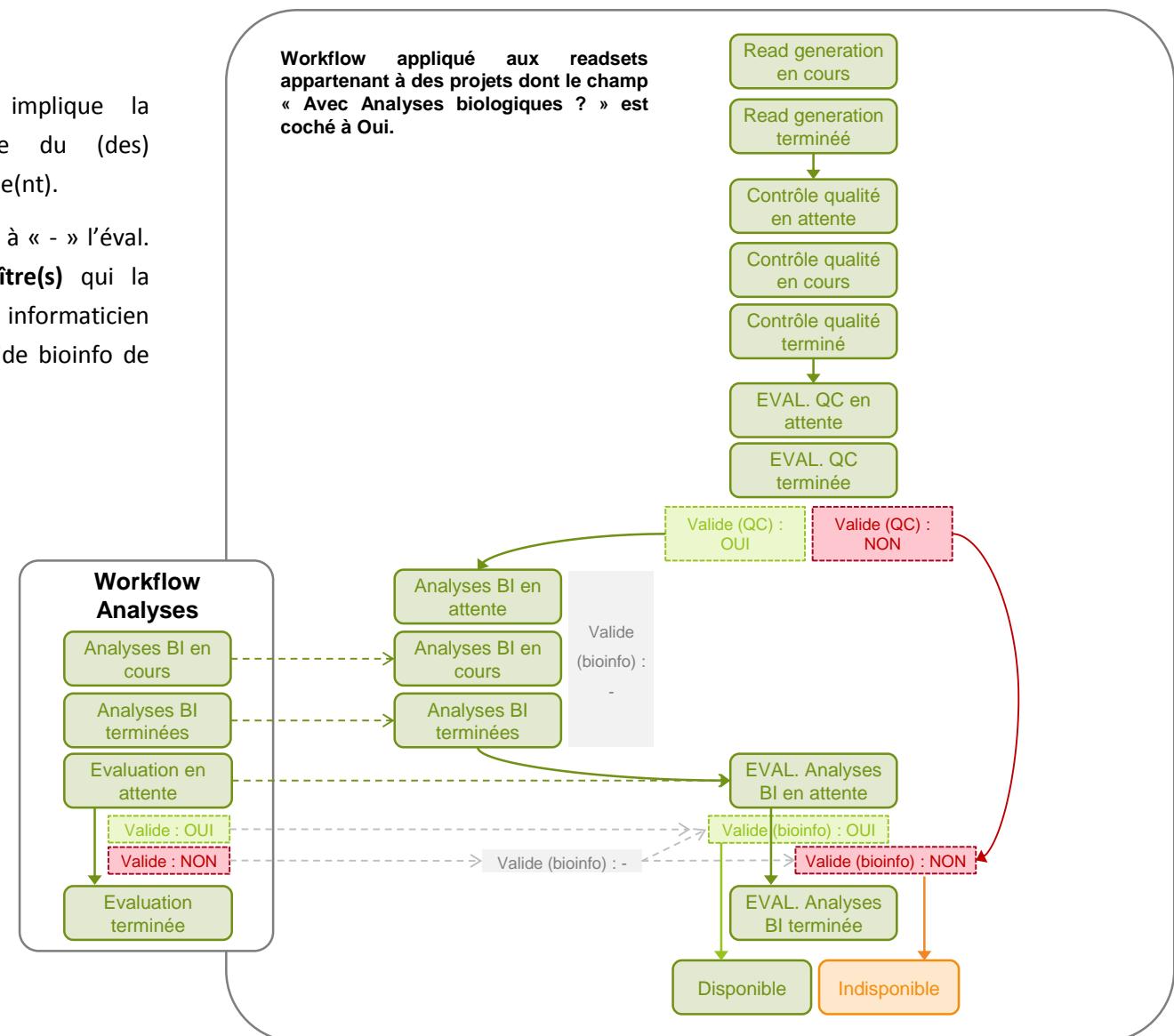


# ÉVALUATION ANALYSES

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



# ANALYSES > HIGHLIGHTS ET CRITÈRES D'ÉVALUATION

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

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

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

Config. Analyse blé

Propriétés testées

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

BA\_BFY\_ACBKOSF\_1\_A9YMU.IND40 BAC pool assembly BFY\_ACBKOSF\_1\_A9YMU.IND40 BFY BFY\_ACBK Evaluation en attente 64,45 533 18 097 97,25 173,93 20,62 31 132 922 141,06 1,10 583 000 506,35 311,77 5,89 critères éval. Analyse blé ✓

BA\_BFY\_ACBIOSF\_1\_A9YMU.IND39 BAC pool assembly BFY\_ACBIOSF\_1\_A9YMU.IND39 BFY BFY\_ACBI Evaluation en attente 67,12 534 31 589 98,27 124,31 6,71 18 538 839 117,43 0,02 735 000 433,11 276,34 6,49 0,25

BA\_BFY\_ACBHOSF\_1\_A9YMU.IND38 BAC pool assembly BFY\_ACBHOSF\_1\_A9YMU.IND38 BFY BFY\_ACBH Evaluation en attente 65,59 533 22 381 97,58 144,97 10,78 18 601 348 132,82 1,32 762 000 472,52 295,69 5,72 0,26

BA\_BFY\_ACBEOSF\_1\_A9YMU.IND35 BAC pool assembly BFY\_ACBEOSF\_1\_A9YMU.IND35 BFY BFY\_ACBE Evaluation en attente 61,23 532 31 094 94,09 163,04 10,11 19 260 322 151,63 1,54 650 000 481,90 286,03 7,33 0,26

BA\_BFY\_ACBBOSF\_1\_A9YMU.IND32 BAC pool assembly BFY\_ACBBOSF\_1\_A9YMU.IND32 BFY BFY\_ACBB Evaluation en attente 66,62 534 17 491 97,47 137,75 11,16 17 677 550 126,71 1,63 835 000 398,28 252,48 7,30 0,25

BA\_BFY\_ACAKOSF\_1\_A9YMU.IND30 BAC pool assembly BFY\_ACAKOSF\_1\_A9YMU.IND30 BFY BFY\_ACAK Evaluation en attente 68,99 539 12 746 97,44 121,04 14,74 11 309 280 109,38 4,38 375 000 897,81 592,63 9,47 1,24

BA\_BFY\_ACAIOSF\_1\_A9YMU.IND29 BAC pool assembly BFY\_ACAIOSF\_1\_A9YMU.IND29 BFY BFY\_ACAI Evaluation en attente 67,30 540 7 263 97,19 93,09 27,02 28 122 671 71,18 1,66 713 000 329,03 211,91 8,49 0,50

BA\_BFY\_ACAHOSF\_1\_A9YMU.IND28 BAC pool assembly BFY\_ACAHOSF\_1\_A9YMU.IND28 BFY BFY\_ACAH Evaluation en attente 69,06 540 5 293 97,33 82,74 22,05 21 111 383 71,26 5,67 671 000 243,47 160,57 10,03 0,81

BA\_BFY\_ACAGOSF\_1\_A9YMU.IND27 BAC pool assembly BFY\_ACAGOSF\_1\_A9YMU.IND27 BFY BFY\_ACAG Evaluation en attente 69,78 539 11 553 96,68 111,29 15,02 19 127 094 98,25 2,54 778 000 294,67 196,43 10,13 0,37

BA\_BFY\_ACAFOSF\_1\_A9YMU.IND26 BAC pool assembly BFY\_ACAFOSF\_1\_A9YMU.IND26 BFY BFY\_ACAF Evaluation en attente 71,10 539 16 983 97,35 123,17 16,07 13 359 026 104,39 0,00 603 000 400,11 270,70 9,70 0,32

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



# Fonctionnalités du tableau de résultats



# FONCTIONNALITÉS DU TABLEAU RÉSULTATS

## Tableau général :

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

## Colonnes :

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

## Tout Sélectionner

<span style="float: left; margin-right: 10px;">Annuler</span> <span style="float: left; margin-right: 10px;">Afficher Détails</span> <span style="float: left; margin-right: 10px;">Export CSV</span> <span style="float: left; margin-right: 10px;">Cacher</span> <span style="float: left; margin-right: 10px;">Tri</span> <span style="float: left; margin-right: 10px;">Grouper</span>													<span style="color: blue; font-size: 1.5em;">Nombre de résultats de la recherche effectuée</span>					
<span style="color: blue; font-size: 1.5em;">Page courante</span>												<span style="background-color: #0070C0; color: white; padding: 2px 5px;">1</span>	2	3	>	>>	Taille (10) ▾	1047 Résultat(s)

Code	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Date Run	Etat	Validé QC ?	Comptes Rendus QC	Validé Biolinfo ?	Comptes Rendus Biolinfo	
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

Code	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Date Run	Etat	Validé QC ?	Critères QC		
BEG_HOSW_2_C4ADYACXX.IND8	140925_MERCURE_C4ADYACXX	2	BEG	BEG_H	25/09/2014	EVAL. QC en attente	---			
BDD_BFOSW_7_C4ADYACXX.IND4	140925_MERCURE_C4ADYACXX	7	BDD	BDD_BF	25/09/2014	EVAL. QC en attente	---			
AWK_EMOSW_7_C4ADYACXX.IND1	140925_MERCURE_C4ADYACXX	7	AWK	AWK_EM	25/09/2014	EVAL. QC en attente	---			



# Fonction éditer dans un tableau



# FONCTION ÉDITER DANS UN TABLEAU (1/2)

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

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

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

Lignes sélectionnées individuellement, en cliquant dessus.

Chaque ligne renseignée indépendamment pour CR QC



# FONCTION ÉDITER DANS UN TABLEAU (2/2)

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

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

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

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



# Exporter les résultats de tableaux en CSV



# EXPORT DES RÉSULTATS EN CSV

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

Screenshot of a bioinformatics analysis interface showing results for multiple samples. The interface includes a top navigation bar with 'Readsets', 'Analyses', 'Statistiques', and 'Archives'. Below the navigation is a filter section with tabs for 'Filtres', 'Filtres supplémentaires', and 'Colonnes supplémentaires'. The main area displays a table of results with various columns including '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'. A blue circle highlights the 'Export CSV' button located above the table. A large blue arrow points downwards from this button towards the bottom left corner of the interface, indicating the export process. The bottom status bar shows the file path 'Readsets\_20141020\_1....csv' and the page number 'PAGE 95'.

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**

# 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	

- Possibilité de cocher « **Voir uniquement les groupes** » pour ne voir dans le tableau que les lignes groupées. Possibilités d'exporter en CSV toutes les lignes OU uniquement les lignes groupées.

			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			10 000 000			86,25	64 569 420	1 304,30	79,58	99,53	0,25	137	Oui	Problème quantité seq valides insuf	
			ALP			#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.

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 97



# GROUER SUR TOUTE LA SÉLECTION

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

Filtres    Filtres supplémentaires    Colonnes supplémentaires

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

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

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

                  Taille (10) ▾    1228 Résultat(s)

**Grouper sur certaines colonnes en particulier**

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

A361\_DA\_D000P2X\_8\_C5J1    C5JK2ACXX    8    AGING\_361    D000P2X    27/11/2014    EVAL\_Analyse BI en attente    36,65    145 252 241    29 340 952 682    0,58    Oui    ---

S464\_RD\_D000P3J\_4\_C5JK2ACXX.IND5    141127\_HISEQ6\_C5JK2ACXX    4    SPLICOTER\_464    D000P3J    27/11/2014    Analyse BI en attente    36,1    62 846 149    12 694 922 098    33,01    Oui    ---

S464\_RD\_D000P3K\_5\_C5JK2ACXX.IND5    141127\_HISEQ6\_C5JK2ACXX    5    SPLICOTER\_464    D000P3K    27/11/2014    Analyse BI en attente    35,76    44 644 698    9 018 228 996    39,87    Oui    ---

S464\_RD\_D000P2A\_1\_C5JK2ACXX.IND2    141127\_HISEQ6\_C5JK2ACXX    1    SPLICOTER\_464    D000P2A    27/11/2014    Analyse BI en attente    35,86    45 751 991    9 241 902 182    40,67    Oui    ---

A361\_DA\_D000P2X\_7\_C5JK2ACXX.IND5    141127\_HISEQ6\_C5JK2ACXX    7    AGING\_361    D000P2X    27/11/2014    EVAL\_Analyse BI en attente    36,59    149 288 890    30 156 355 780    0,65    Oui    ---

S464\_RD\_D000P3S\_3\_C5JK2ACXX.IND15    141127\_HISEQ6\_C5JK2ACXX    3    SPLICOTER\_464    D000P3S    27/11/2014    Analyse BI en attente    35,84    51 194 826    10 341 354 852    33,92    Oui    ---

S464\_RD\_D000P2F\_2\_C5JK2ACXX.IND7    141127\_HISEQ6\_C5JK2ACXX    2    SPLICOTER\_464    D000P2F    27/11/2014    Analyse BI en attente    35,54    46 316 180    9 355 868 360    24,16    Oui    ---

S464\_RD\_D000P3Q\_5\_C5JK2ACXX.IND6    141127\_HISEQ6\_C5JK2ACXX    5    SPLICOTER\_464    D000P3Q    27/11/2014    Analyse BI en attente    35,61    52 081 452    10 520 453 304    38,20    Oui    ---

S464\_RD\_D000P39\_2\_C5JK2ACXX.IND19    141127\_HISEQ6\_C5JK2ACXX    2    SPLICOTER\_464    D000P39    27/11/2014    Analyse BI en attente    35,38    48 823 082    9 862 262 564    33,68    Oui    ---

S464\_RD\_D000P41\_6\_C5JK2ACXX.IND21    141127\_HISEQ6\_C5JK2ACXX    6    SPLICOTER\_464    D000P41    27/11/2014    Analyse BI en attente    36,12    33 584 764    6 784 122 328    19,23    Oui    ---

**LIGNE GROUPEE sur toute la sélection ➡**

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.



# GROUP METHOD DISPONIBLES

GROUP METHOD disponibles	en-tête dans export csv	exemple
"average"	(Moyenne)	$\% \geq Q30$
"sum"	(Somme)	<i>Nb Séquences valides</i>
"unique"	(Valeur uniq.)	<i>Logiciel taxonomie</i>
"count" ou "count:false"	(Nb. valeurs)	<i>Broyage dans "Suivi manips_Tara Pacific"</i>
"countDistinct" ou "count:true"	(Nb. valeurs différentes)	<i>station tara</i>
"collect" ou "collect:false"	(Liste valeurs)	<i>Liste QC</i>
"collect:true"	(Liste valeurs différentes)	<i>protocole banque</i>

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	Valide QC ?	Valide 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"/>

<<    1    2    3    >>    Taille (10) ▾    5548 Résultat(s)



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



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

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

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

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

- Choisir le nouvel état.

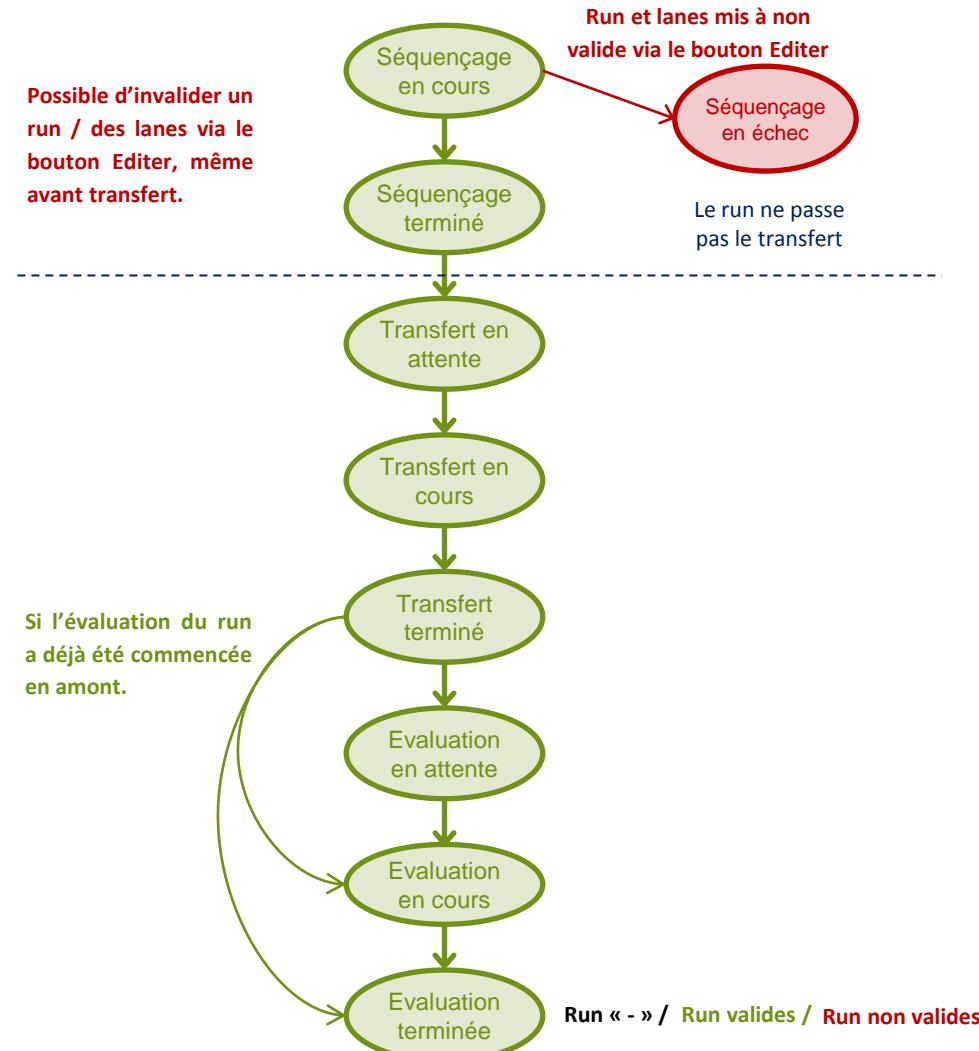
Code	Type	Date Run	Etat	Validé ?
140212_CARBONE_C384AACXX	RHS2000	17/01/1970	Nouveau	--
140221_MELISSE_A7396	RHS2000	17/01/1970	Séquençage en cours	--
140207_MERCURE_C381HACXX	RHS2000	17/01/1970	Séquençage en echec	Oui
080201_HELIUM_2062WAAAXX	RGAlk	01/02/2008	Séquençage terminé	Oui
080205_HELIUM_2062WAAAX2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

- Enregistrer.



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

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



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

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

Recherche

140225\_HISEQ3\_C3FFJACXX Séquençage en échec

Editer

Code	140225_HISEQ3_C3FFJACXX	Type	RHS2000	Nb Cycles	Version RTA
Etat	Séquençage en échec	Nb Clusters (total)		Ligne Contrôle	Version Flowcell
Valide ?	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

#	Valide ?	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_624LGAAXX	100707_AZOTE_624LGAAXX	5	AFR	AFR_L	07/07/2010	Indisponible	Non	Non
AQF_AQOSW_8_70GYNAAXX0	110513_HELIUM_70GYNAAXX	8	AQF	AQF_AQ	13/05/2011	Indisponible	Non	Non
AEG_BELOSS_1_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	1	AEG	AEG_BE	13/05/2011	Indisponible	Non	Non
AEG_BFOSS_2_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	2	AEG	AEG_BF	13/05/2011	Indisponible	Non	Non
AEG_BGOSS_3_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	3	AEG	AEG_BG	13/05/2011	Indisponible	Non	Non
AEG_BHOSS_4_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	4	AEG	AEG_BH	13/05/2011	Indisponible	Non	Non
ARC_CMBAOSW_1_662YWAAXXIND5	130711_BISMUTH_662YWAAXX	1	ARC	ARC_CMBA	11/07/2013	Indisponible	Non	Non
ARD_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_624LGAAXX	100707_AZOTE_624LGAAXX	5	AFR	AFR_L	07/07/2010	Nouveau	Non	Non
AQF_AQOSW_8_70GYNAAXX0	110513_HELIUM_70GYNAAXX	8	AQF	AQF_AQ	13/05/2011	Read generation en cours	Non	Non
AEG_BELOSS_1_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	1	AEG	AEG_BE	13/05/2011	Read generation terminée	Non	Non
AEG_BFOSS_2_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	2	AEG	AEG_BF	13/05/2011	Contrôle qualité en attente	Non	Non
AEG_BGOSS_3_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	3	AEG	AEG_BG	13/05/2011	Contrôle qualité en cours	Non	Non
AEG_BHOSS_4_70GYNAAXX	110513_HELIUM_70GYNAAXX	4	AEG	AEG_BH	13/05/2011	Contrôle qualité terminé	Non	Non
ARC_CMBAOSW_1_662YWAAXXIND5	130711_BISMUTH_662YWAAXX	1	ARC	ARC_CMBA	11/07/2013	Evaluation en attente	Non	Non
ARD_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	<span>Nouveau</span>	---	
BA.BFY_AADIOSF_1_A737Y.IND39	BAC pool assembly	BFY_AADIOSF_1_A737Y.IND39	BFY	BFY_AADI	<span>Analyse BI en cours</span>	---	
BA.BFY_AADHOSF_1_A737Y.IND38	BAC pool assembly	BFY_AADHOSF_1_A737Y.IND38	BFY	BFY_AADH	<span>Analyse BI terminée</span>	---	
BA.BFY_AADGOSF_1_A737Y.IND37	BAC pool assembly	BFY_AADGOSF_1_A737Y.IND37	BFY	BFY_AADG	<span>Evaluation en attente</span>	---	
BA.BFY_AADFOSF_1_A737Y.IND36	BAC pool assembly	BFY_AADFOSF_1_A737Y.IND36	BFY	BFY_AADF	<span>Evaluation terminée</span>	---	
BA.BFY_AADEOSF_1_A737Y.IND35	BAC pool assembly	BFY_AADEOSF_1_A737Y.IND35	BFY	BFY_AADE	<span>Evaluation en attente</span>	---	
BA.BFY_AADDOSF_1_A737Y.IND34	BAC pool assembly	BFY_AADDOSF_1_A737Y.IND34	BFY	BFY_AADD	<span>Evaluation terminée</span>	---	

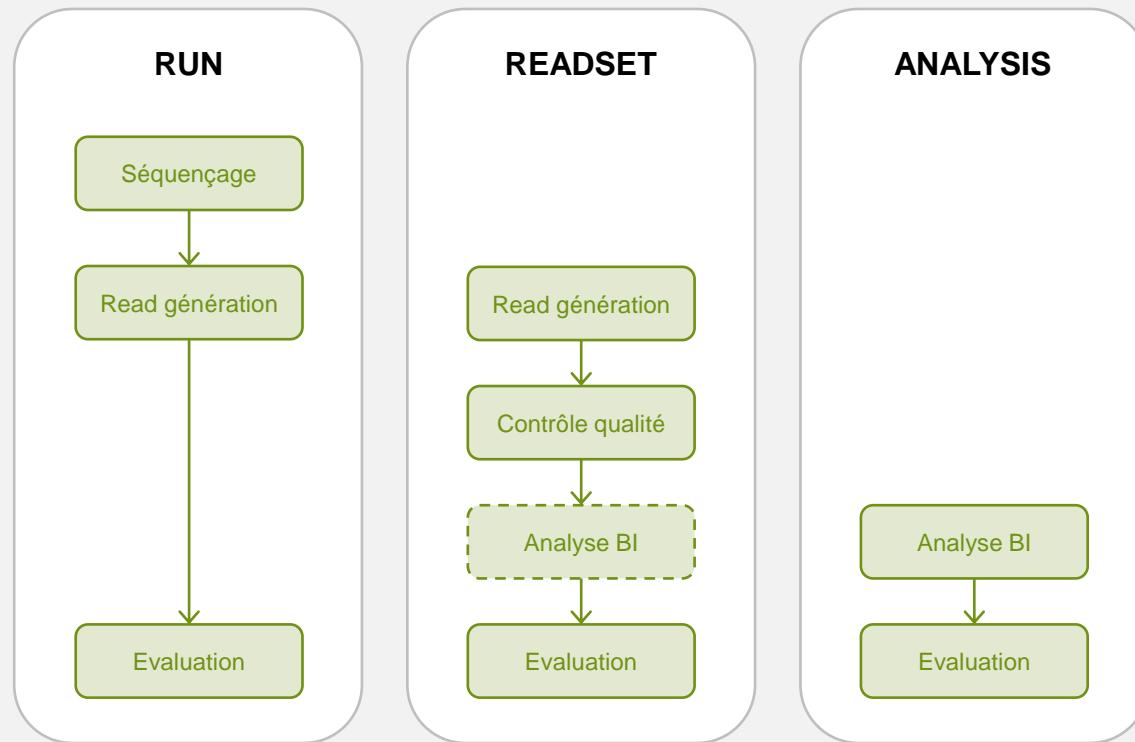
- Enregistrer.



# Workflow RUN, READSET et ANALYSES



# WORKFLOWS SIMPLIFIÉS

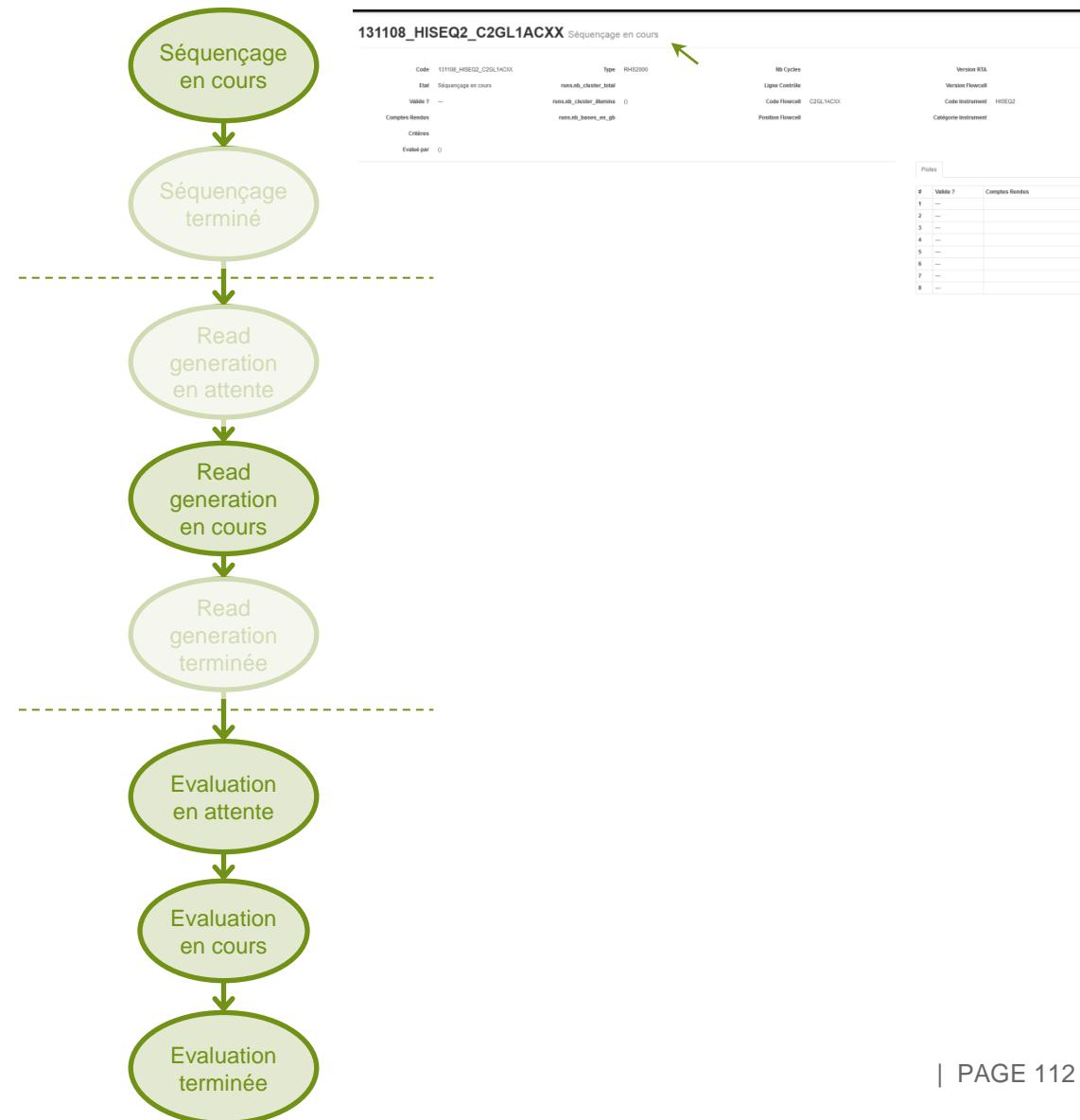


# Workflow RUN et vues détaillées des interfaces



# WORKFLOW RUN

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



# 1. RUN EN COURS DE SÉQUENÇAGE

NGL-BI   Evaluation ▾   Runs ▾   Readsets ▾   Archives

Rechercher

131108\_HISEQ2\_C2GL1ACXX Séquençage en cours

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

Pistes

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

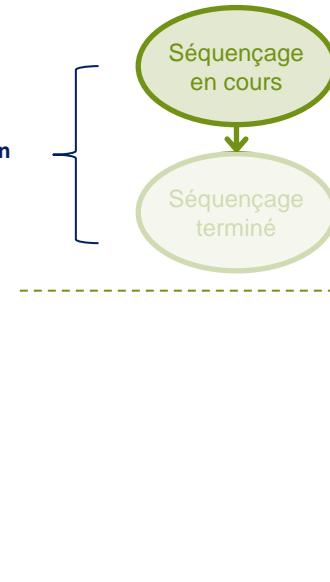
ReadSets (0)

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

The screenshot shows a detailed table of sequencing data for Run 131108\_HISEQ2\_C2GL1ACXX. The table includes columns for Density, % Cluster PF, % Phage/Prophage, Reads (M), Reads PF (M), % QC'd, % Rejected, Cycles Err, % Alignment Rate, % Error Rate, % Error Rate Cycle 20, % Error Rate Cycle 25, % Error Rate Cycle 30, % Error Rate Cycle 75, % Error Rate Cycle 100, Intensity Cycle 1, and % Intensity Cycle 20. The table is divided into two sections: 'Read 1' (Rows 1-8) and 'Read 2' (Rows 9-16). Each section contains data for different flowcell lanes (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8). The interface also displays various status indicators and dropdown menus at the top and right side of the table.



## 2. DONNÉES SAV ET ALERTING

### 121203\_HISEQ7\_D1DAGACXX Séquençage en cours

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



# PROCÉDURE D'IMPORT DES DONNÉES SAV

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

Séquenceur Analysis Viewer 3.1.11.1 MERCURE\_C4VN4ACXX

Run Folder: U:\MERCURE\131205\_MERCURE\_C598ACXX

Analysis	Imaging	Summary	Flowcell	Yield	Cycles	Indexing	
Read 1 (1)	732 +/- 64	91.97 +/- 1.36	0.240 / 0.162	202.31	100.78	52.7	
2	56	744 +/- 100	0.00 / 0.000	205.57	100.49	52.8	
3	86	817 +/- 80	0.00 / 0.000	223.95	100.21	52.9	
4 (C)	95	955 +/- 80	0.00 / 0.000	256.41	210.91	91.1	
5	723 +/- 64	93.30 +/- 1.77	0.170 / 0.122	100.99	100.31	93.4	
6	56	687 +/- 67	93.74 +/- 1.69	0.177 / 0.132	100.04	177.77	93.8
7	95	849 +/- 86	94.86 +/- 1.58	0.195 / 0.137	234.80	100.45	68.3
8	824 +/- 100	93.30 +/- 2.34	0.207 / 0.160	227.93	200.79	90.8	

**Read 1 (2)**

Lane	Title	Density (DNAblock)	Chaine PF (%)	Phasé/Phasé	Reads (MB)	Reads PF (MB)	% > Q20	Yield (MB)	Cycles En Read	Aligned (%)
1	95	732 +/- 64	91.97 +/- 1.36	0.00 / 0.000	202.31	100.78	52.7	1.1	0	0.0 +/- 0.0
2	56	744 +/- 100	0.00 / 0.000	205.57	100.49	52.8	1.1	0	0.0 +/- 0.0	
3	86	817 +/- 80	0.00 / 0.000	223.95	100.21	52.9	1.0	0	0.0 +/- 0.0	
4 (C)	95	955 +/- 80	0.00 / 0.000	256.41	210.91	91.1	1.0	0	0.0 +/- 0.0	
5	723 +/- 64	93.30 +/- 1.77	0.00 / 0.000	100.99	100.31	93.4	1.0	0	0.0 +/- 0.0	
6	56	687 +/- 67	93.74 +/- 1.69	0.00 / 0.000	100.04	177.77	93.8	1.0	0	0.0 +/- 0.0
7	95	849 +/- 86	94.86 +/- 1.58	0.00 / 0.000	234.80	100.45	68.3	1.2	0	0.0 +/- 0.0
8	824 +/- 100	93.30 +/- 2.34	0.00 / 0.000	227.93	200.79	90.8	1.2	0	0.0 +/- 0.0	

**Read 3**

Lane	Title	Density (DNAblock)	Chaine PF (%)	Phasé/Phasé	Reads (MB)	Reads PF (MB)	% > Q20	Yield (MB)	Cycles En Read	Aligned (%)
1	95	732 +/- 64	91.97 +/- 1.36	0.187 / 0.110	202.31	100.78	52.8	1.1	0	0.0 +/- 0.0
2	56	744 +/- 100	0.140 / 0.090	205.57	100.49	52.9	1.0	0	0.5 +/- 0.0	
3	86	817 +/- 80	0.187 / 0.140	223.95	100.21	52.9	1.0	0	0.4 +/- 0.0	
4 (C)	95	955 +/- 80	0.187 / 0.140	256.41	210.91	91.1	1.0	0	0.4 +/- 0.0	
5	723 +/- 64	93.30 +/- 1.77	0.129 / 0.100	100.99	100.31	91.1	1.0	0	0.7 +/- 0.1	
6	56	687 +/- 67	93.74 +/- 1.69	0.129 / 0.100	100.04	177.77	95.8	1.0	0	0.0 +/- 0.1
7	95	849 +/- 86	94.86 +/- 1.58	0.140 / 0.100	234.80	100.45	68.4	1.0	0	0.5 +/- 0.1
8	824 +/- 100	93.30 +/- 2.34	0.162 / 0.120	227.93	200.79	90.8	1.0	0	0.5 +/- 0.1	

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

- Aller dans le répertoire du SEQUENCEUR (**pas du run**), dans le dossier IMPORT\_SAV : on y trouve un fichier CSV vide\* du nom du run. L'ouvrir.

- Copier/coller dans ce fichier le summary report et enregistrer sous > CSV ( séparateur point virgule).

seq3 (\nfs12.seq.local) (R:) > MERCURE > IMPORT\_SAV

Nom	Modifié le	Type
141106_MERCURE_0272_BC4VNPAcxx	06/11/2014 14:30	Fichier CSV

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

141029\_HISEQ5\_C4VN4ACXX Séquençage en cours

Code	Type	RunID	No Cycles	Ligne Contrôle
141029_HISEQ5_C4VN4ACXX	Code Fiduci	C4VN4ACXX	No Cycles (moyenne)	No Cycles M. total
			Validé ?	Validation en cours
			% Cycles M. (moyenne)	% Cycles M. (total)
			Critères	Position Fiduci
			Evalué par	Version RTA
				Version Fiduci
				Supprimé

Détail évaluation

Run ID	# Density (DNAblock)	% Cluster	% Phasing	Reads (MB)	Reads PF (MB)	% > Q20	Cycles Err	Aligned (%)	% Error Rate	% Error Rate Cycle 1	% Error Rate Cycle 2
1	700.00 +/- 4.40	89.40 +/- 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
2	133.00 +/- 4.40	89.60 +/- 0.194	0.237	188.790	169.940	91.800	100	0.10 +/- 0.00	0.39 +/- 0.13	0.04 +/- 0.04	0.31 +/- 0.10
3	63.00 +/- 4.40	90.00 +/- 0.194	0.237	188.790	169.940	91.800	100	0.10 +/- 0.00	0.39 +/- 0.13	0.04 +/- 0.04	0.31 +/- 0.10
4	676.00 +/- 3.20	89.80 +/- 0.211	0.237	196.820	168.910	92	100	0.10 +/- 0.00	0.32 +/- 0.15	0.25 +/- 0.12	0.32 +/- 0.13
5	115.00 +/- 3.20	89.80 +/- 0.209	0.237	196.820	168.910	92	100	0.20 +/- 0.15	0.18 +/- 0.14	0.27 +/- 0.13	0.35 +/- 0.17
6	91.00 +/- 3.20	89.80 +/- 0.209	0.237	196.820	168.910	92	100	0.15 +/- 0.15	0.18 +/- 0.14	0.27 +/- 0.13	0.35 +/- 0.17
7	721.00 +/- 3.19	91.79 +/- 0.182	0.181	199.240	181.940	92.80	100	0.00 +/- 0.00	0.24 +/- 0.11	0.32 +/- 0.11	0.40 +/- 0.10
8	92.00 +/- 3.19	89.10 +/- 0.187	0.178	221.860	196.75	90.800	100	0.50 +/- 0.22	0.24 +/- 0.21	0.37 +/- 0.23	0.46 +/- 0.22

\* Ce fichier vide existe tant que le run est à un état antérieur ou égal à "Evaluation en attente", dès qu'il passe à évaluation en cours ou évaluation terminée, le fichier disparaîtra.

- [disponible au CNG] Génération automatique d'alertes sur les données importées en cours de séquençage :

- Alertes envoyées par mail ;
- Sur la base de seuils (BAD/FLAG) définis au préalable ;
- Règles vérifiées à chaque import de summary report ;
- Notifications visibles dans l'interface du run, au niveau des lanes.

# STRUCTURE DU MAIL D'ALERTE SAV

ALERTING SAV - Run 121023\_HISEQ10\_C177JACXX - Message (HTML)

**Fichier**    **Message**

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

De : garnier@cng.fr ; ...  
 À : garnier@cng.fr ; ...  
 Cc :  
 Objet : ALERTING SAV - Run 121023\_HISEQ10\_C177JACXX

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

Tri par RUN → Run 121023\_HISEQ10\_C177JACXX

Tri par READ → • read1

N° des lanes et cyclesErrRated →

Visualisation des données SAV [BAD] et [FLAG]

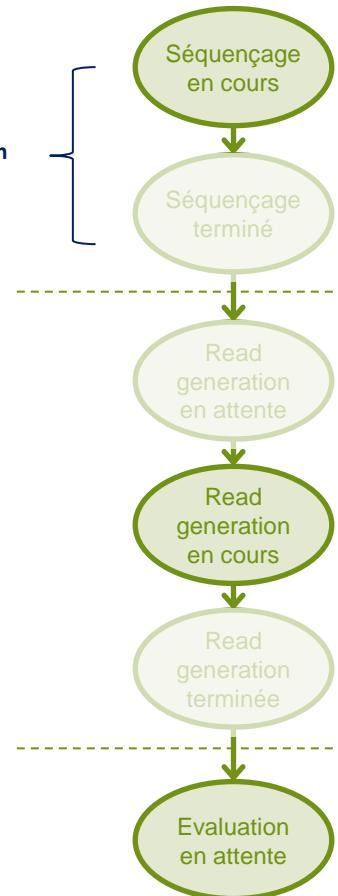
Lane	BAD	FLAG
Number=2 cyclesErrRated=99	<ul style="list-style-type: none"> <li>◦ clusterDensity=1100</li> <li>◦ clusterPFPerc=61.0</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>◦ phasing=0.55</li> <li>◦ prephasing=0.57</li> <li>◦ errorRatePerc=0.73</li> </ul>
Number=7 cyclesErrRated=99	<ul style="list-style-type: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

• read2

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



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



131108\_HISEQ2\_C2GL1ACXX Séquençage en cours

Code	131016_HB002_G2GL1AC0X	Type	RH52000	Alt Cycles													
Etat	Séquençage en cours			Ligne Contrôle													
Validé ?	—	rems_nb_cluster,rem_nb	0	Code Fonciale													
Comptes Rendus		rems_nb_error,rem_gb		Postion Fonciale													
Critères																	
Évalué par	0																
<b>Test 1</b>																	
#	Density	% Cluster	% Plan/PrePhytes	Reads (M)	Reads (P)	% == Q30	Cycles Err	% Alignment	% Error	% Error Rate	% Error Rate	Intensity	% Intensity	Cycle 20	Affaires		
1.	1.033 000	—	89.00	0.150 / 0.171	281 650	229 590	85.900	100	0.40 ± 0.01	0.42 ± 0.02	0.35 ± 0.21	0.34 ± 0.05	0.43 ± 0.22	5,146.70	79.00 ± 1.48	2548.1	
2.	750.000	—	89.00	0.150 / 0.171	209 100	193 950	85.400	100	0.70 ± 0.01	0.70 ± 0.01	0.60 ± 0.01	0.64 ± 0.07	0.69 ± 0.05	234.00	81.00 ± 1.00	234.00	
3.	750.00	—	89.00	0.149 / 0.161	209 100	193 950	85.400	100	0.70 ± 0.01	0.70 ± 0.01	0.60 ± 0.01	0.64 ± 0.07	0.69 ± 0.05	234.00	81.00 ± 1.00	234.00	
4.	389.000	—	84.20	0.150 / 0.172	273 940	229 290	86.000	100	1.30 ± 0.20	0.35 ± 0.01	0.20 ± 0.19	0.27 ± 0.12	0.35 ± 0.11	5,135.00	79.00 ± 1.23	2548.1	
5.	389.000	—	84.20	0.150 / 0.172	273 940	229 290	86.000	100	1.30 ± 0.20	0.35 ± 0.01	0.20 ± 0.19	0.27 ± 0.12	0.35 ± 0.11	5,135.00	79.00 ± 1.23	2548.1	
6.	704.000	—	89.00	0.134 / 0.162	194 720	180 850	94.300	100	0.80 ± 0.01	0.87 ± 0.05	0.14 ± 0.08	0.28 ± 0.08	0.27 ± 0.08	5,146.00	83.00 ± 1.18	272.00	
7.	704.000	—	89.00	0.134 / 0.162	194 720	180 850	94.300	100	0.80 ± 0.01	0.87 ± 0.05	0.14 ± 0.08	0.28 ± 0.08	0.27 ± 0.08	5,146.00	83.00 ± 1.18	272.00	
8.	569.00	—	89.00	0.134 / 0.165	156 580	148 25	95.700	100	0.90 ± 0.00	0.92 ± 0.01	0.16 ± 0.06	0.16 ± 0.06	0.21 ± 0.06	5,185.00	83.00 ± 1.13	2548.1	
9.	569.00	—	89.00	0.134 / 0.165	156 580	148 25	95.700	100	0.90 ± 0.00	0.92 ± 0.01	0.16 ± 0.06	0.16 ± 0.06	0.21 ± 0.06	5,185.00	83.00 ± 1.13	2548.1	
10.	693.00	—	89.00	0.129 / 0.161	190 460	170 450	93.900	100	0.90 ± 0.00	0.92 ± 0.01	0.16 ± 0.11	0.19 ± 0.07	0.20 ± 0.05	4,950.00	82.00 ± 1.26	260.00	
11.	693.00	—	89.00	0.129 / 0.161	190 460	170 450	93.900	100	0.90 ± 0.00	0.92 ± 0.01	0.16 ± 0.11	0.19 ± 0.07	0.20 ± 0.05	4,950.00	82.00 ± 1.26	260.00	
12.	562.00	—	84.40	0.125 / 0.161	155 440	141 740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.35 ± 0.01	0.14 ± 0.05	0.19 ± 0.12	0.26 ± 0.13	4,622.00	83.00 ± 1.33	2548.1	
13.	562.00	—	84.40	0.125 / 0.161	155 440	141 740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.35 ± 0.01	0.14 ± 0.05	0.19 ± 0.12	0.26 ± 0.13	4,622.00	83.00 ± 1.33	2548.1	
14.	830.00	—	89.00	0.133 / 0.162	175 850	164 580	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.25 ± 0.05	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.20 ± 0.05	5,400.00	84.00 ± 1.33	260.00	
15.	830.00	—	89.00	0.133 / 0.162	175 850	164 580	94.800	100	1.00 ± 0.10	0.25 ± 0.05	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.20 ± 0.05	5,400.00	84.00 ± 1.33	260.00	
<b>Test 2</b>																	
#	Density	% Cluster	% Plan/PrePhytes	Reads (M)	Reads (P)	% == Q30	Cycles Err	% Alignment	% Error	% Error Rate	% Error Rate	Intensity	% Intensity	Cycle 20	Affaires		
1.	1.033 000	—	91.00 / 0.166	295 600	229 590	85.900	100	0.30 ± 0.01	0.38 ± 0.01	0.34 ± 0.05	0.77 ± 0.05	0.39 ± 0.08	5,146.00	86.00 ± 1.38	567.00		
2.	750.000	—	91.00 / 0.169	209 100	193 950	85.400	100	0.70 ± 0.01	0.70 ± 0.01	0.17 ± 0.03	0.33 ± 0.05	0.40 ± 0.07	5,146.00	81.00 ± 1.20	234.00		
3.	750.000	—	91.00 / 0.169	209 100	193 950	85.400	100	0.70 ± 0.01	0.70 ± 0.01	0.17 ± 0.03	0.33 ± 0.05	0.40 ± 0.07	5,146.00	81.00 ± 1.20	234.00		
4.	389.000	—	84.20	0.169 / 0.187	273 940	229 290	83.400	100	1.20 ± 0.20	0.30 ± 0.01	0.20 ± 0.26	0.29 ± 0.08	0.37 ± 0.07	5,146.00	83.00 ± 1.00	2548.1	
5.	389.000	—	84.20	0.169 / 0.187	273 940	229 290	83.400	100	1.20 ± 0.20	0.30 ± 0.01	0.20 ± 0.26	0.29 ± 0.08	0.37 ± 0.07	5,146.00	83.00 ± 1.00	2548.1	
6.	704.000	—	89.00	0.169 / 0.194	170 240	180 050	91.100	100	0.90 ± 0.00	0.91 ± 0.00	0.20 ± 0.16	0.37 ± 0.14	0.47 ± 0.11	5,087.00	84.70 ± 0.80	470.00	
7.	704.000	—	89.00	0.169 / 0.194	170 240	180 050	91.100	100	0.90 ± 0.00	0.91 ± 0.00	0.20 ± 0.16	0.37 ± 0.14	0.47 ± 0.11	5,087.00	84.70 ± 0.80	470.00	
8.	569.00	—	89.00	0.150 / 0.197	156 580	148 25	93.300	100	0.90 ± 0.00	0.92 ± 0.01	0.14 ± 0.02	0.28 ± 0.03	0.37 ± 0.03	5,146.00	84.00 ± 0.92	567.00	
9.	569.00	—	89.00	0.150 / 0.197	156 580	148 25	93.300	100	0.90 ± 0.00	0.92 ± 0.01	0.14 ± 0.02	0.28 ± 0.03	0.37 ± 0.03	5,146.00	84.00 ± 0.92	567.00	
10.	693.00	—	89.00	0.165 / 0.197	190 460	170 450	89.200	100	0.90 ± 0.00	0.91 ± 0.00	0.11 ± 0.03	0.24 ± 0.05	0.31 ± 0.06	4,950.00	83.00 ± 1.20	260.00	
11.	693.00	—	89.00	0.165 / 0.197	190 460	170 450	89.200	100	0.90 ± 0.00	0.91 ± 0.00	0.11 ± 0.03	0.24 ± 0.05	0.31 ± 0.06	4,950.00	83.00 ± 1.20	260.00	
12.	562.00	—	84.40	0.150 / 0.191	155 440	141 740	91.400	100	1.30 ± 0.20	0.30 ± 0.01	0.11 ± 0.02	0.22 ± 0.02	0.33 ± 0.01	4,622.00	83.00 ± 1.33	2548.1	
13.	562.00	—	84.40	0.150 / 0.191	155 440	141 740	91.400	100	1.30 ± 0.20	0.30 ± 0.01	0.11 ± 0.02	0.22 ± 0.02	0.33 ± 0.01	4,622.00	83.00 ± 1.33	2548.1	
14.	830.00	—	89.00	0.165 / 0.193	175 850	164 580	82.100	100	1.00 ± 0.10	0.25 ± 0.05	0.17 ± 0.03	0.32 ± 0.05	0.43 ± 0.07	291.00	85.00 ± 1.10	291.00	
15.	830.00	—	89.00	0.165 / 0.193	175 850	164 580	82.100	100	1.00 ± 0.10	0.25 ± 0.05	0.17 ± 0.03	0.32 ± 0.05	0.43 ± 0.07	291.00	85.00 ± 1.10	291.00	

121107\_HISEQ1\_D094VACXX Evaluation en att

Code	121107_HBEGI_D9E4ACDX	Type	R02000	MI-Cycles	51				
Etat	Evaluation en alerte			Ligne Contrôle	8				
Nombre ?		rns_ab_cleaner_total	1,280,407,824						
		rns_ab_cleaner_linen	1,174,402,754 (91,75)						
		rns_ab_bones_gb	68,118,023,712						
Campus Rendus				Position Fichier	D9E4ACDX				
Créatrices									
Évalué par	gabriel (21102103)								
Supprimer									
#	Nombre	Classeur	% Classeur Filtrés (Intern)	Nombre Classeur Filtrés (Intern)	% Séquences Filtrées (Intern)	Nombre Séquences Filtrées (Intern)	Nombre Séquences Filtrées (Intern) + intern	Nombre Bases (Intern Bases + Intern)	%
8	15,0	134,585,023	34,95	127,300,079	88,05	126,000,079	126,000,079	6,430,049,243	
9	15,0	153,593,100	83,47	152,291,412	99,24	151,277,191	151,277,191	7,738,085,741	
3	15,0	178,101,467	92,28	164,357,023	97,58	160,374,386	160,374,386	8,179,093,686	
4	15,0	147,531,792	88,31	147,287,593	99,02	129,010,550	129,010,550	6,579,540,000	
5	15,0	170,556,054	82,61	154,524,724	99,32	155,484,514	155,484,514	7,829,115,214	
8	15,0	180,388,268	93,34	141,571,499	99,25	140,430,064	140,430,064	7,162,238,244	
7	15,0	180,379,018	90,12	156,556,744	99,33	161,481,951	161,481,951	8,234,559,601	

# 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	---	---



# WORKFLOW RUN

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

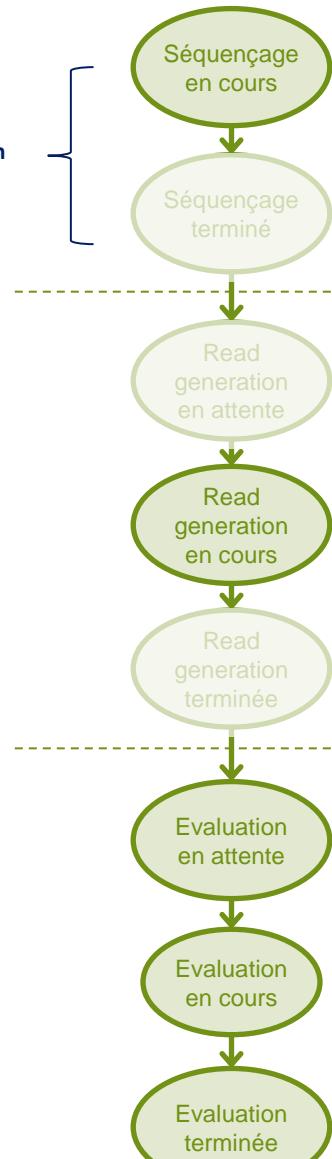
- Import(s) SAV Summary Report en cours ou à la fin du run**  
→ données visualisables dans l'interface du run.

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

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

- Evaluation du run (et lanes)**

- 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	131108_HISEQ2_C2GL1ACXX	Type	RH52000	Nb Cycles	1	Ligne Contrôle		Version RTA	Versus Flowcell	Code Instrument	C2GL1ACXX
Etat	Séquençage en cours	rms_nb_cluster_total		Position Floucell		Code Floucell		Code Instrument	HISEQ2	Catégorie Instrument	
Validé ?	—	rms_nb_cluster_Bureau	0								
Compte Rendus		rms_nb_bases_en_gb									
Critères											
Evalué par	0										
Read 1											
Accélétr.	93.00 +/- 0.00	% Cluster	PF	Phas/Préphas.	Reads (M)	Reads (K)	% En.	Capturé Err.	% Alignement	% Error Rate	% Intensity Cycle
75.00	0.134 / 0.162	194,720	180,850	94,200 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.01	0.453 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.148 / 0.181	219,150	193,550	93,400 / 100	0.78 +/- 0.00	0.27 +/- 0.00	0.14 +/- 0.07	0.28 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.544 / 0.00	81.00 +/- 1.10
75.00	0.150 / 0.172	273,120	239,250	88,800 / 100	1.30 +/- 0.20	0.26 +/- 0.01	0.20 +/- 0.19	0.27 +/- 0.12	0.35 +/- 0.11	7.135 / 0.00	79.80 +/- 1.20
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.00	0.445 / 0.00	83.50 +/- 1.10
75.00	0.154 / 0.182	194,720	180,850	94,300 / 100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05			

# 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	

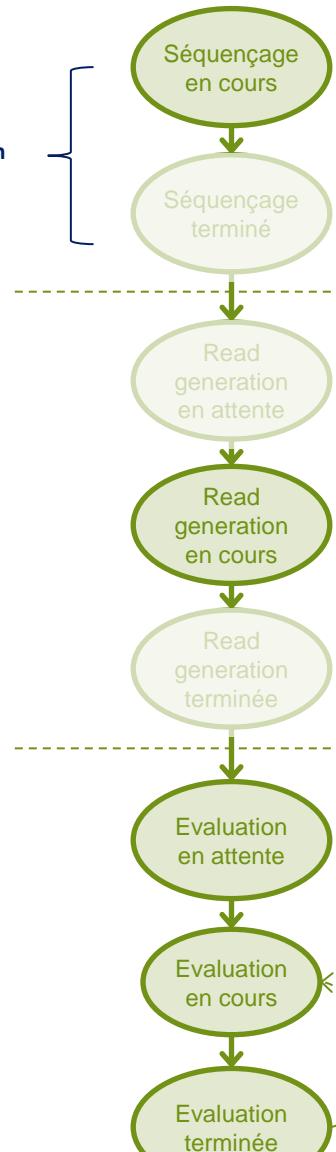
N° Piste	Code	% Séquences valides / piste	Nb Séquences Valides	Nb Bases	Q30	Score Qualité Moyen	Validé Prod ?	Validé BioInfo ?
1	E421_CB_B00EPPR_1_D1DAGACXX.IND2	37	66,141,643	13,360,611,886	92.7	36.15	---	---
1	E421_CB_B00EUIT_1_D1DAGACXX.IND4	38	66,712,820	13,475,989,640	92.81	36.2	---	---
1	E421_CB_B00EUJ_1_D1DAGACXX.IND5	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 121

(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	131106_MHEQZ_C021MCX	Type	RHS2000	lit Cycles										
Etat	Dépannage en cours	ress_nb_cluster_total		Ligne Contrôle										
Validation	—	ress_nb_cluster_terminée	0	Code Historique										
Complex Renderers		ress_nb_hexane_mg_gb		Postion Historique										
Critères														
Evalué par	0													
ngrep	1													
Read 1														
Density	% Cluster # (hexane)	% Cluster # (Phen/Prophen)	Results (M)	Results (PF)	% Err= Q30	Cycles Err	% Alignment	% Error	% Error Rate Cycle 30	% Error Rate Cycle 50	% Error Rate Cycle 100	Intensity Cycle 100	Intensity Cycle 50	Intensity Cycle 20
1	704.00 — 0.00	0.154 / 0.162	194.720	180.055	94.350	100	0.80 ± 0.10	0.27 ± 0.07	0.14 ± 0.08	0.20 ± 0.05	0.27 ± 0.05	5.450 ± 0.450	83.50 ± 1.50	272.00
2	705.00 — 0.00	0.149 / 0.161	200.192	195.560	90.400	100	0.79 ± 0.07	0.26 ± 0.07	0.14 ± 0.07	0.20 ± 0.06	0.27 ± 0.06	5.450 ± 0.450	83.50 ± 1.50	272.00
3	580.00 — 0.00	0.420 / 0.450	273.340	229.280	88.000	100	1.32 ± 0.20	0.25 ± 0.10	0.23 ± 0.19	0.27 ± 0.12	0.25 ± 0.11	5.120 ± 0.450	81.90 ± 1.20	260.00
4	704.00 — 0.00	0.154 / 0.162	194.720	180.055	94.350	100	0.80 ± 0.09	0.27 ± 0.06	0.14 ± 0.08	0.28 ± 0.06	0.27 ± 0.06	5.450 ± 0.450	83.50 ± 1.50	272.00
5	595.00 — 0.00	0.154 / 0.165	156.580	148.225	95.700	100	0.80 ± 0.08	0.26 ± 0.06	0.14 ± 0.08	0.28 ± 0.06	0.26 ± 0.06	5.560 ± 0.450	83.90 ± 1.50	272.00
6	690.00 — 0.00	0.200 / 0.210	170.460	169.070	83.900	100	0.80 ± 0.07	0.26 ± 0.05	0.15 ± 0.11	0.19 ± 0.07	0.25 ± 0.07	4.950 ± 0.450	82.00 ± 1.20	260.00
7	562.00 — 0.00	0.420 / 0.450	155.440	144.740	95.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.10	0.14 ± 0.08	0.19 ± 0.12	0.26 ± 0.13	4.525 ± 0.450	83.00 ± 1.30	260.00
8	630.00 — 0.00	0.130 / 0.162	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 ± 0.450	84.00 ± 1.30	272.00
Read 2														
Density	% Cluster # (hexane)	% Cluster # (Phen/Prophen)	Results (M)	Results (PF)	% Err= Q30	Cycles Err	% Alignment	% Error	% Error Rate Cycle 30	% Error Rate Cycle 50	% Error Rate Cycle 100	Intensity Cycle 100	Intensity Cycle 50	Intensity Cycle 20
1	740.00 — 0.00	0.150 / 0.162	194.720	180.055	94.350	100	0.80 ± 0.10	0.27 ± 0.07	0.14 ± 0.08	0.20 ± 0.05	0.27 ± 0.05	5.450 ± 0.450	83.50 ± 1.50	272.00
2	750.00 — 0.00	0.150 / 0.165	200.192	195.560	90.700	100	0.79 ± 0.10	0.27 ± 0.07	0.17 ± 0.03	0.23 ± 0.05	0.24 ± 0.05	5.120 ± 0.450	81.90 ± 1.20	260.00
3	581.00 — 0.00	0.195 / 0.210	273.340	229.280	88.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.10	0.25 ± 0.26	0.24 ± 0.19	0.27 ± 0.28	5.120 ± 0.450	81.90 ± 1.20	260.00
4	704.00 — 0.00	0.150 / 0.164	194.720	180.055	94.350	100	0.80 ± 0.10	0.27 ± 0.07	0.23 ± 0.16	0.27 ± 0.14	0.11 ± 0.03	5.450 ± 0.450	83.50 ± 1.50	272.00
5	595.00 — 0.00	0.185 / 0.197	156.580	148.225	95.800	100	0.80 ± 0.09	0.27 ± 0.06	0.14 ± 0.08	0.28 ± 0.03	0.27 ± 0.03	5.560 ± 0.450	83.90 ± 1.50	272.00
6	690.00 — 0.00	0.150 / 0.167	160.460	156.950	92.600	100	0.80 ± 0.08	0.26 ± 0.06	0.17 ± 0.03	0.24 ± 0.05	0.21 ± 0.05	4.470 ± 0.450	83.20 ± 1.20	260.00
7	562.00 — 0.00	0.150 / 0.161	155.440	144.740	91.400	100	1.30 ± 0.20	0.26 ± 0.10	0.11 ± 0.02	0.22 ± 0.02	0.20 ± 0.02	4.525 ± 0.450	83.00 ± 1.30	260.00
8	630.00 — 0.00	0.185 / 0.193	175.850	164.590	92.100	100	1.00 ± 0.10	0.26 ± 0.05	0.17 ± 0.03	0.26 ± 0.05	0.24 ± 0.06	4.970 ± 0.450	85.30 ± 1.30	272.00

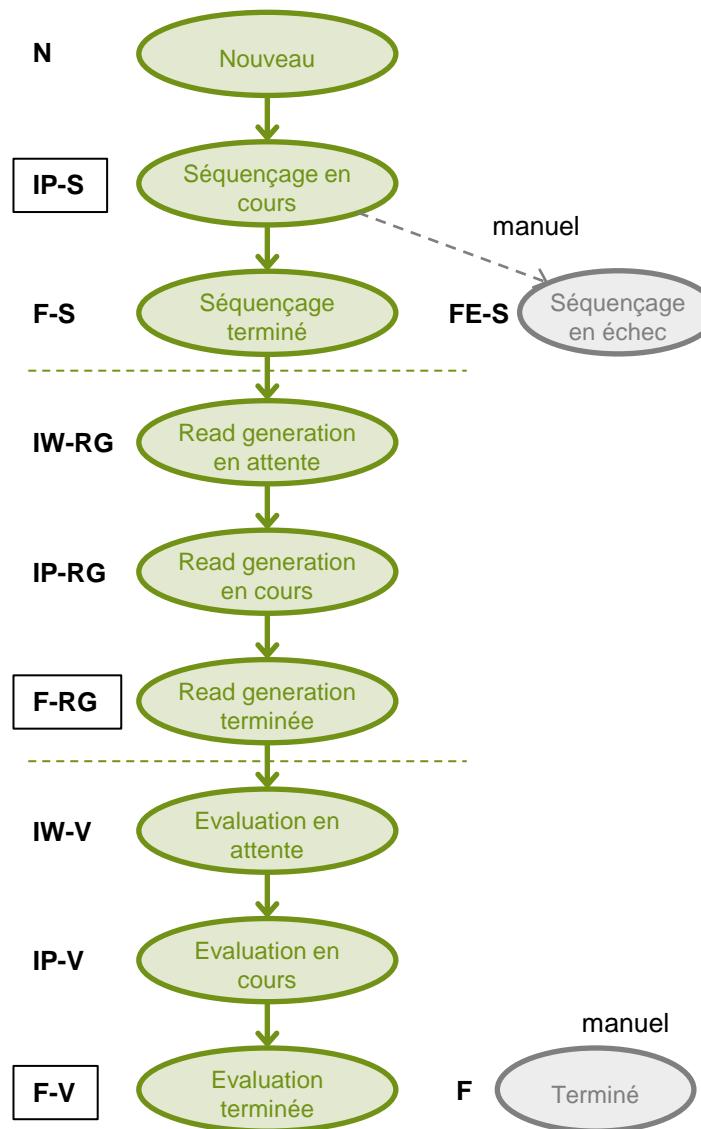
121107\_HISEQ1\_D094VACXX Evaluation en atten

Code	Type	M-Cycles				
121107_H0061_D004ACX	RH2000	51				
Etat						
Evaluation en attente	rms_nb_cluster_total	1,280,472,024				
Variable						
	rms_nb_cluster_Rennes	1,174,452,564 (91%)				
	rms_nb_jones_en_gb	68,110,323,712				
Campagne Rendus						
Criteria						
Eviter la	gabon (25/11/2013)					
Report	Envoyer					
#	No-Cycles	No Clusters Fibres (Rennes)	No Cluster Fibres (Rennes)	No Séquences Fibres (interne)	No Séquences (Résultat Interne + Interne)	No-Bases (Résultat Interne + Interne)
1	1,110	134,543,023	94,95	127,000,399	98,65	126,080,079
2	1,110	153,530,830	83,47	152,847,412	98,24	151,727,191
3	1,110	178,109,447	82,84	164,542,723	97,68	160,374,984
4	1,110	187,109,447	82,84	164,542,723	98,62	160,374,984
5	1,110	170,135,681	82,84	105,542,724	99,32	105,484,674
6	1,110	170,135,681	82,84	104,542,724	99,28	104,484,674

121203\_HISEQ7\_D1DAGACXX Evaluation test

Code	Type	RunID	Ms-Cycles			
121201_H8BZ7_D1DAGADXX		1.21797.789	101			
Entrepôt terminée	run_nb_cluster_total	1.21797.789	Ligne Contrôle 1			
Validé ? Oui	run_nb_cluster_max	1.143.757.549 (33.93)	Code Fowcall D1DAGADXX			
Compte Restes reset resos	run_nb_heavy_en_gb	23.045.349.041	Position Fowcall A			
Catégories						
Créé par	(par 10192012019)					
rgrip						
SHR						
# Ms-Cycles	Nb Clusters	% Clusters Filtrés (Bannis)	Nb Cluster Filtrés (Bannis)	% Sélecteurs Filtrés (Inertes)	Nb Sélecteurs Filtrés (Banni + Inertes)	Nb Restes (Banni + Inertes)
1.101.101	188.111.239	93.99	179.041.397	99.25	179.327.073	30.415.065.746
2.101.101	150.971.984	93.99	144.714.120	99.89	143.245.849	23.815.561.498
3.101.101	147.022.449	94.36	135.725.497	98.36	133.671.081	27.031.962.362
4.101.101	142.403.210	94.26	130.228.393	88.63	133.376.759	26.942.105.318
5.101.101	161.193.741	93.95	160.811.177	99.8	148.102.517	30.376.784.434

# WORKFLOW RUN ET RÈGLES



## Règles communes

**IP-S**

- Copie properties de container support vers run.properties (sequencingProgramType)
- + libProcessTypeCodes de tous les contents
- + mise à jour de project codes et sample codes

**F-RG**

- Calcul percentClusterIlluminaFilter sur RUN
- Calcul validSeqPercent de chaque READSET d'un run
- Calcul seqLossPercent de chaque LANE

CNS : Synchro LIMS insertion run / readsets

Lane invalidée sur RUN à « Eval. terminée » implique :

Si valid QC readset à « - » alors :

valid QC readset = false + état readset mis à F-VQC

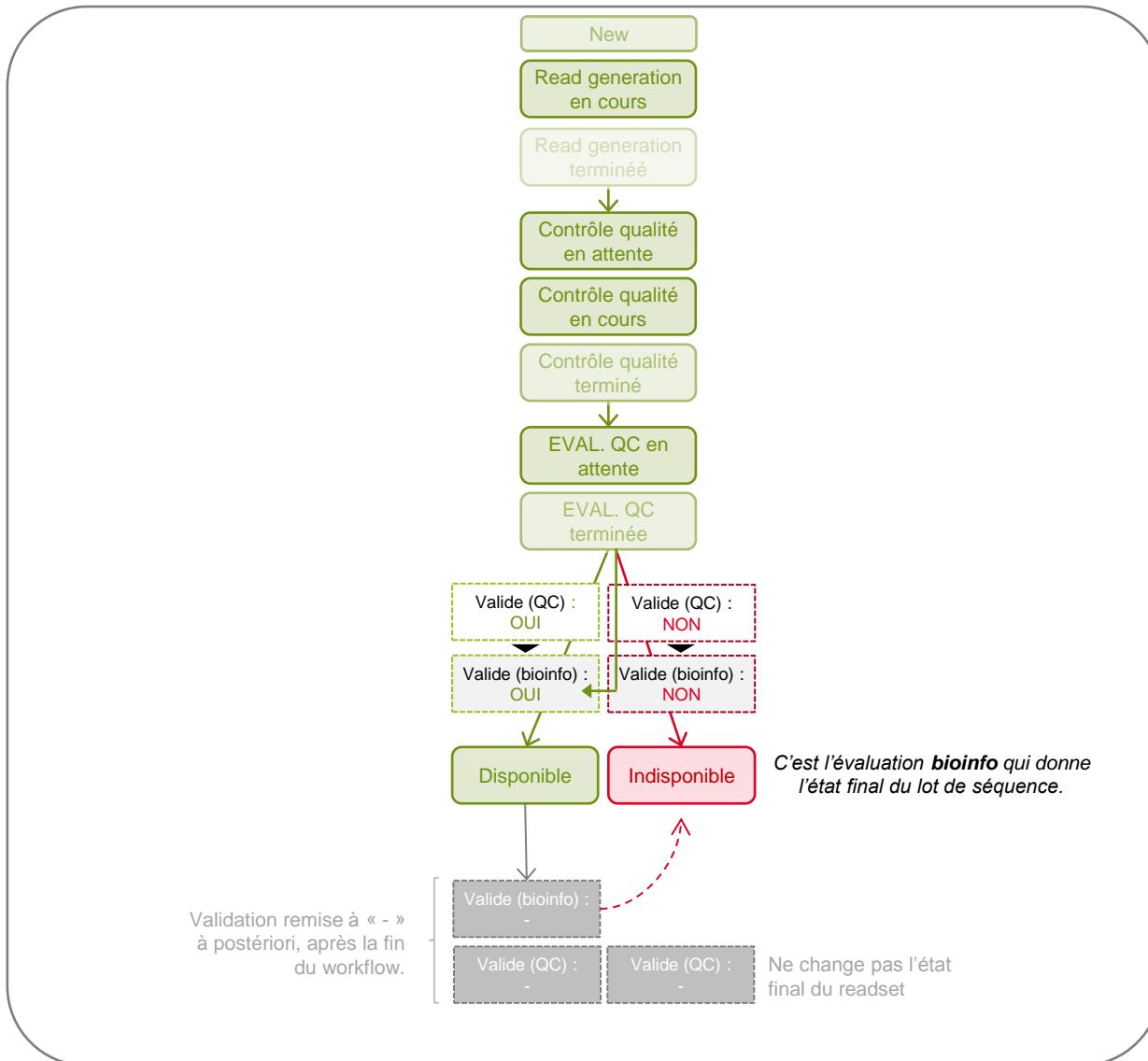
CNS : mise à jour état run dans lims



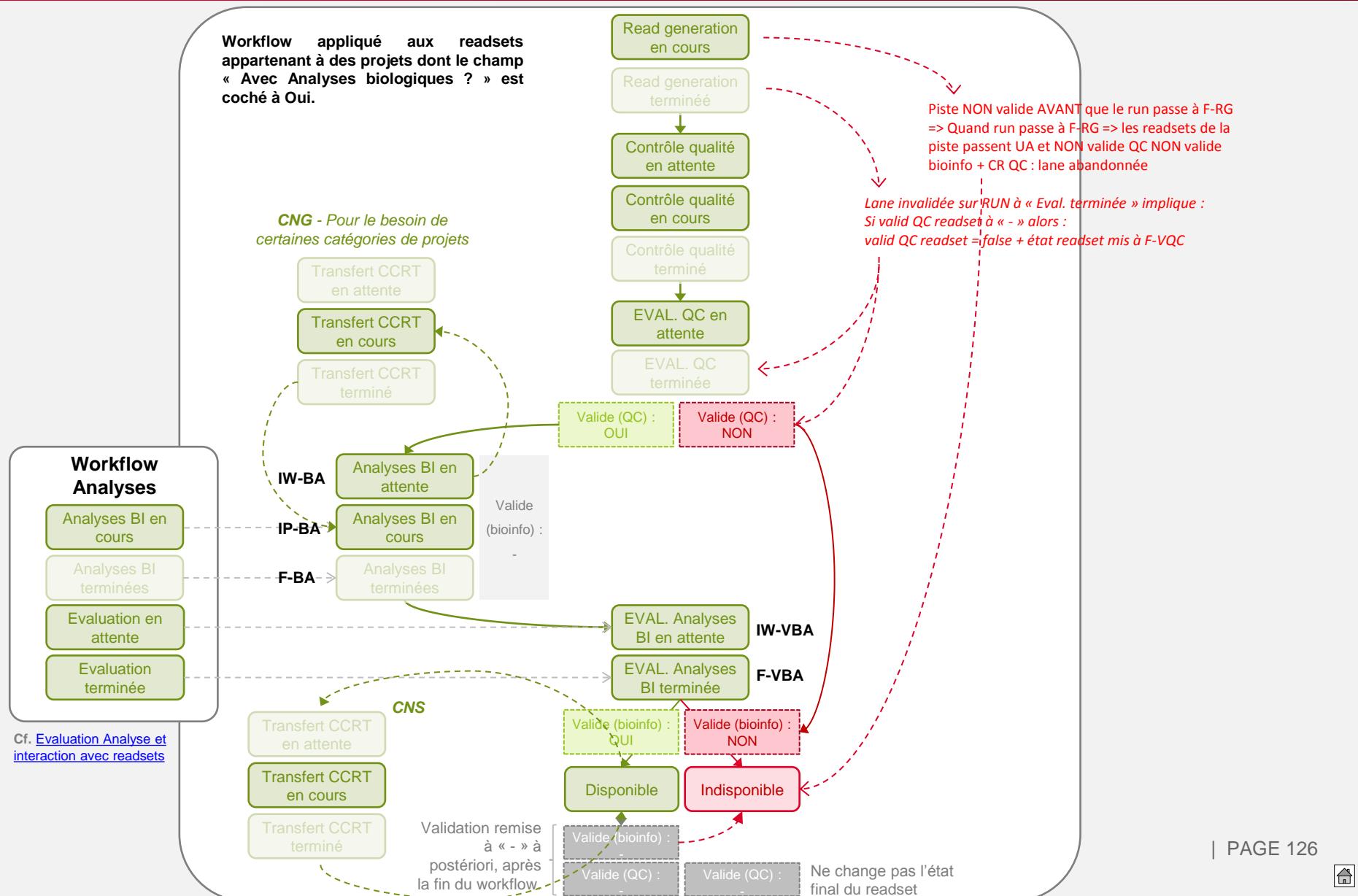
# Workflow READSET



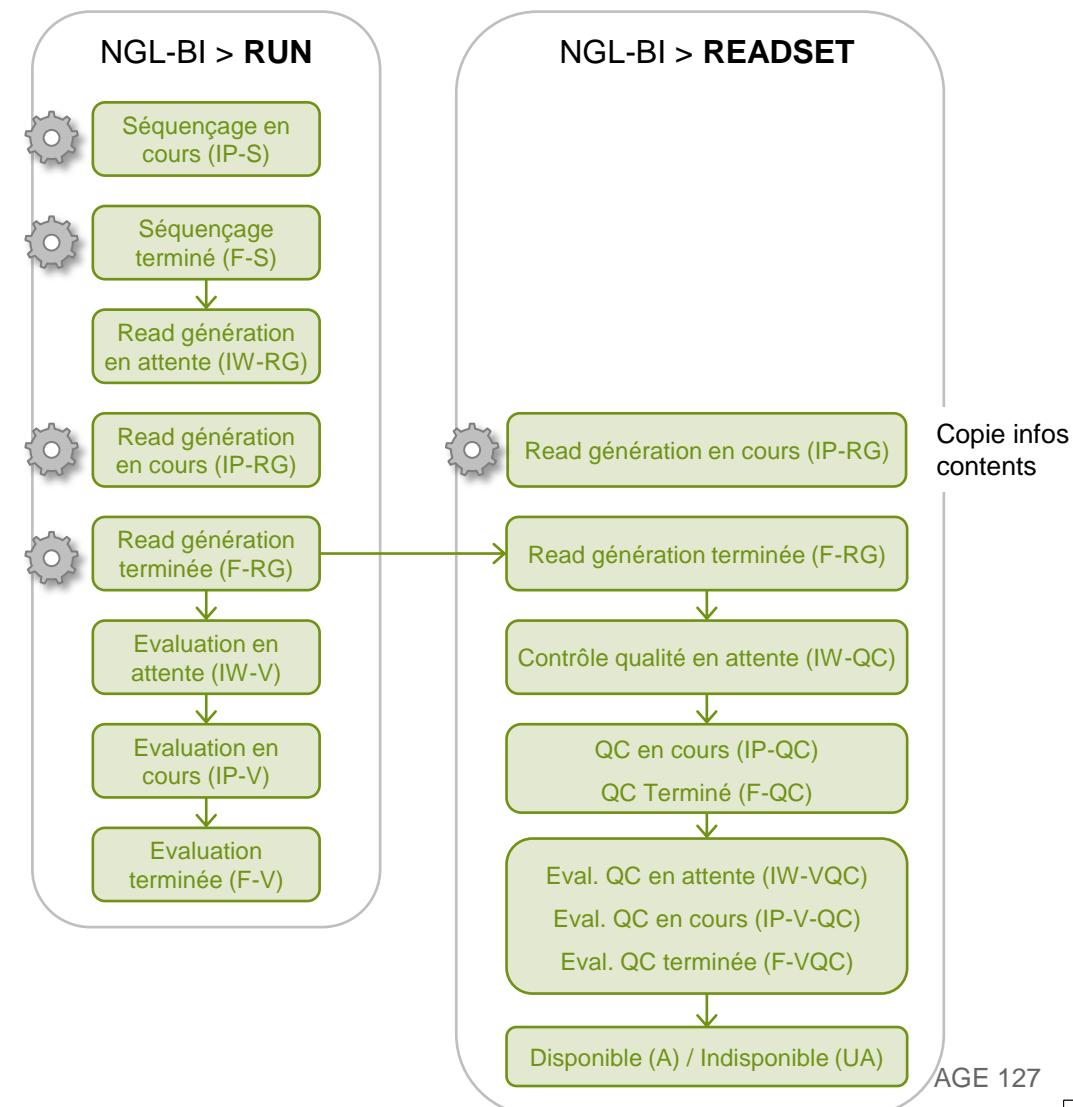
# WORKFLOW READSET « CLASSIQUE »



# WORKFLOW READSET AVEC ANALYSES BIOLOGIQUES

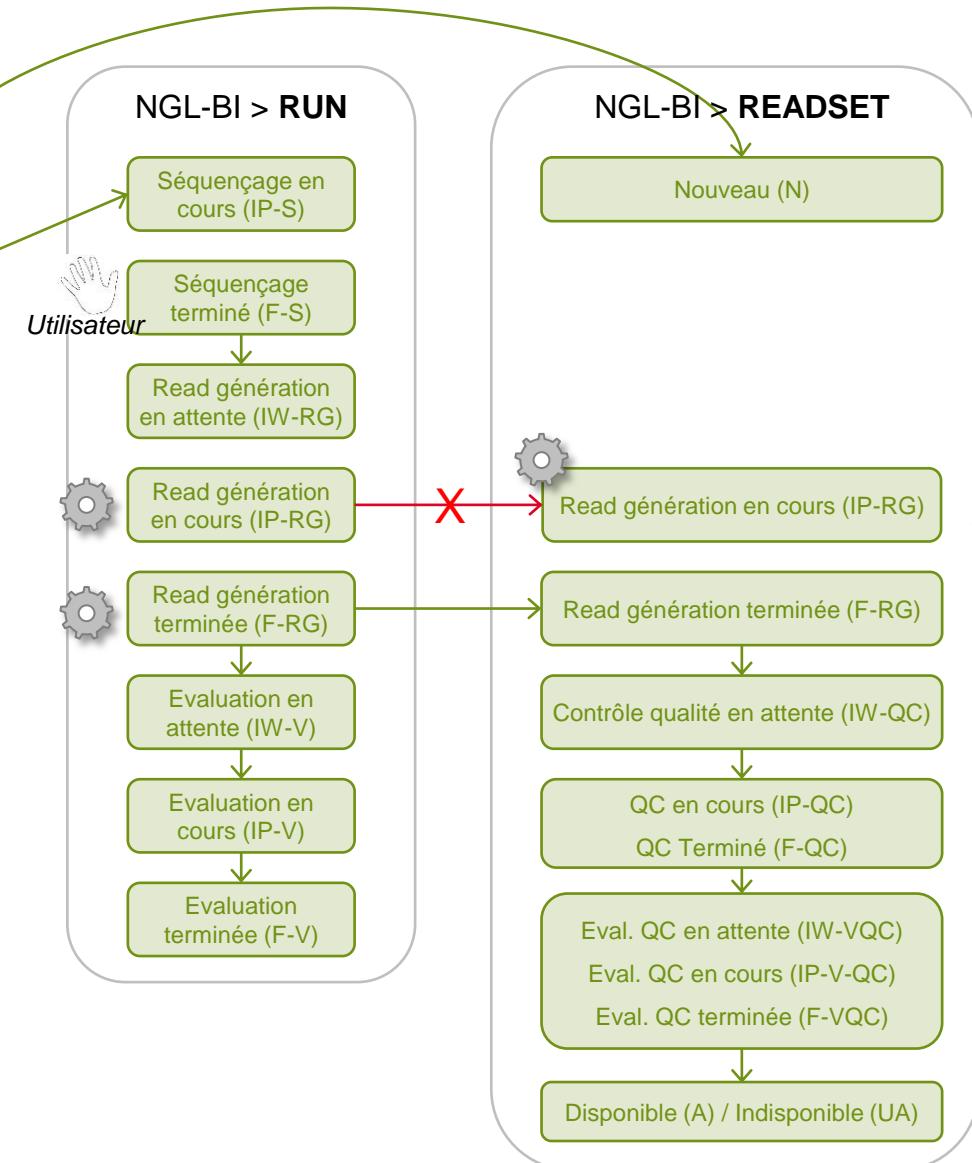
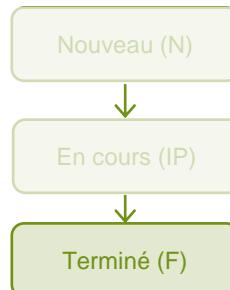


# WORKFLOW ILLUMINA



# WORKFLOW NANOPORE

## NGL-SQ > Expérience Dépôt Nanopore



→ Workflow NGL, changement d'état automatique



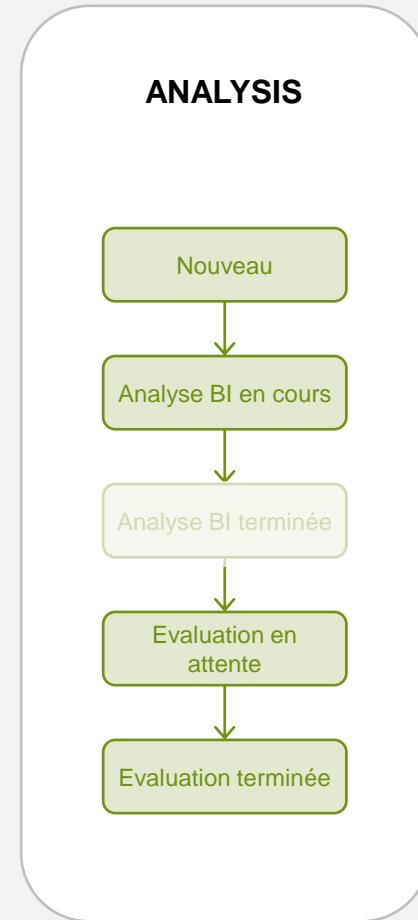
Fait par transfert Nanopore (à priori ?)



# Workflow ANALYSE



# WORKFLOW ANALYSE



# ANNEXES



# LEXIQUE

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



# CRITÈRES D'ÉVALUATION DÉFINISSANT LES HIGHLIGHTS

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

## ➤ RUN :

- [CNS\\_Highlight\\_RUN.xlsx \(NGS-RG et SAV\)](#) : regroupe les **ValuationCriteria** suivants :
  - RHS2000 2x101
  - RHS2500 2x101
  - RHS2500R 2x101 ; RHS2500R 2x151 ; RHS2500R 2x251
  - MISEQ 2x101 ; MISEQ 2x151 ; MISEQ 2x251 ; MISEQ 2x301
- [CNG\\_critère évaluation\\_highlight\\_run.xlsx](#) : regroupe les **ValuationCriteria** suivants :
  - RHS2000 2x101
  - RHS2500 2x101

## ➤ READSET :

- [CNS\\_Highlight\\_READSET\\_masse\\_blé.xlsx](#) : regroupe les **ValuationCriteria** suivants :
  - critères éval. blé MP masse
  - critères éval. blé PE masse
- [CNS\\_ValuationCriteria\\_RNAseq.xlsx](#)
- [CNS\\_ValuationCriteria\\_PhylloAlps.xlsx](#)
- [CNS\\_ValuationCriteria\\_BII\\_BIK](#)

## ➤ ANALYSE :

- [CNS\\_Highlight\\_ANALYSES\\_blé.xlsx](#) : regroupe les **ValuationCriteria** suivants :
  - critères éval. Analyse blé

# REPORTING CONFIGURATION

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

## ➤ REPORTING CONFIGURATION :

- [CNS - Config report\\_readsets\\_tara.xlsx](#)
- [CNS - Config report\\_readsets\\_blé.xlsx](#)
- [Config report\\_readsets\\_RNAseq.xlsx](#)
- [Config report\\_readsets\\_PhylloAlps.xlsx](#)
- [CNS - Config report\\_analyses\\_blé.xlsx](#)
- ...



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

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

## ➤ Colonnes supplémentaires :

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

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



# ETATS WORKFLOW : NOMS ET CODES

## Run

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

## ReadSet

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

## Analysis

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

