

DE LA RECHERCHE À L'INDUSTRIE



NGL-BI

DOCUMENTATION UTILISATEURS

SOMMAIRE (1/2)

- [S'authentifier](#)
 - [et utiliser les raccourcis de la page d'accueil](#)
- [Définitions](#)
 - [RUN](#)
 - [READSET](#)
 - [ANALYSE \(BA\)](#)
- [Rechercher des runs, readsets ou analyses](#) (*et exemple de filtres de recherche disponibles*)
- Visualiser les détails et les traitements :
 - [d'un run](#)
 - *et raccourcis depuis la page run*
 - [d'un readset](#) (
 - [zoom sur l'onglet Infos échantillons](#) (*qui contient les infos propagées depuis NGL-SQ*)
 - [export PDF des résultats](#)
 - [d'une analyse](#) (*et info sur RS maître d'une analyse*)
- Effectuer du reporting sur les readsets
 - [Via un tableau bilan préexistant \(Configuration de colonnes préétablie\)](#)
 - [Via les Colonnes supplémentaires \(mode libre\)](#)
 - [Bilans d'activité / Bilans de production](#)
- [Générer des représentations graphiques de statistiques sur les readsets](#)
 - [Configuration manuelle](#) (*et tris, groupes et séries*)
 - [Pré-configuration](#)
- [Générer des représentations graphiques de statistiques sur les Lanes](#)
- 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 \(info sur RS maître d'une analyse\)](#) et [highlights](#)
 - [Cas spécifiques analyses](#) (*validation automatique ou cas de RS avec multi-analyses BA*)



SOMMAIRE (2/2)



- [Fonctionnalités du tableau de résultats](#)
 - [Éditer dans un tableau](#)
 - [Exporter les résultats en CSV](#)
 - [« Grouper » des résultats \(et *groupMethod disponibles*\)](#)
- [Renseigner des runs / des readsets :](#)
 - [Run : A conserver ?](#)
 - [Readset : Envoyé au CCRT ? / Envoyé au collaborateur ?](#)
- [Changer l'état d'un run, readset ou analyse](#) (attention, se référer aux pages [workflow](#) et aux changements autorisés)
- [Workflow RUN](#)
 - (et [Procédure d'import SAV](#))
 - [Quelques règles associées](#)
 - [Cas particulier du run à Séquençage en échec](#)
- [Workflow Readset](#)
 - [WF RS classique \(et exemples de règles associées\) \(et \[cas de retour en arrière dans le WF\]\(#\)\)](#)
 - [WF RS avec analyse BA \(et \[cas de retours en arrière dans le WF\]\(#\)\)](#)
 - [« Sur-workflow » Boucle Transfert CCRT \(et \[cas de retours en arrière dans le WF\]\(#\)\)](#)
- [Synthèse workflows RUNS \(infos métiers et techniques\)](#)
 - [ILLUMINA, NANOPORE, BIONANO](#)
- [Workflow Analyse](#)
- [Documentation sur les règles dans BI](#)
- [ANNEXES \(Lexique, états WF : noms et codes...\)](#)

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



HOME - AUTHENTICATION

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

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

CNG

CNS



JASIG




HOME - RACCOURCIS

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

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

NGL-BI Evaluation ▾ Runs ▾ Readsets ▾ Archives 

Bienvenue **login** sur NGL - Bio Informatique

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

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

Runs en cours de séquençage					
	Code	Type	Date Run	Etat	Validé ?
1	2	3	Taille (5) ▾	12 Résultat(s)	
140207_HISEQ3_C3CFLACXX	RHS2000	07/02/2014	Séquençage en cours	---	
140207_HISEQ3_C3CDCACXX	RHS2000	07/02/2014	Séquençage en cours	---	
140218_HISEQ1_C3U3TACXX	RHS2000	18/02/2014	Séquençage en cours	---	
140218_HISEQ1_C3URVACXX	RHS2000	18/02/2014	Séquençage en cours	---	
140220_HISEQ2_C3FMGACXX	RHS2000	20/02/2014	Séquençage en cours	---	

Runs en cours de read generation					
	Code	Type	Date Run	Etat	Validé ?
Taille (5) ▾	140214_HISEQ6_D08J4ACXX	RHS2500	04/10/2011	Read generation en cours	---
4 Résultat(s)	111005_HISEQ8_D08HNACXX	RHS2500	05/10/2011	Read generation en cours	---
	140214_HISEQ6_C3EYWACXX	RHS2000	14/02/2014	Read generation en cours	---
	140214_HISEQ6_C3FFCACXX	RHS2000	14/02/2014	Read generation en cours	---

Runs en attente d'évaluation					
	Code	Type	Date Run	Etat	Validé ?
1	2	3	Taille (5) ▾	13 Résultat(s)	
140129_HISEQ10_H84N2ADXX	RHS2500R	29/01/2014	Evaluation en attente	---	
140204_HISEQ11_C3C52ACXX	RHS2500	04/02/2014	Evaluation en attente	---	
140204_HISEQ11_C3C1PACXX	RHS2500	04/02/2014	Evaluation en attente	---	
140205_HISEQ10_C3CE4ACXX	RHS2500	05/02/2014	Evaluation en attente	---	
140205_HISEQ10_C3CD4ACXX	RHS2500	05/02/2014	Evaluation en attente	---	

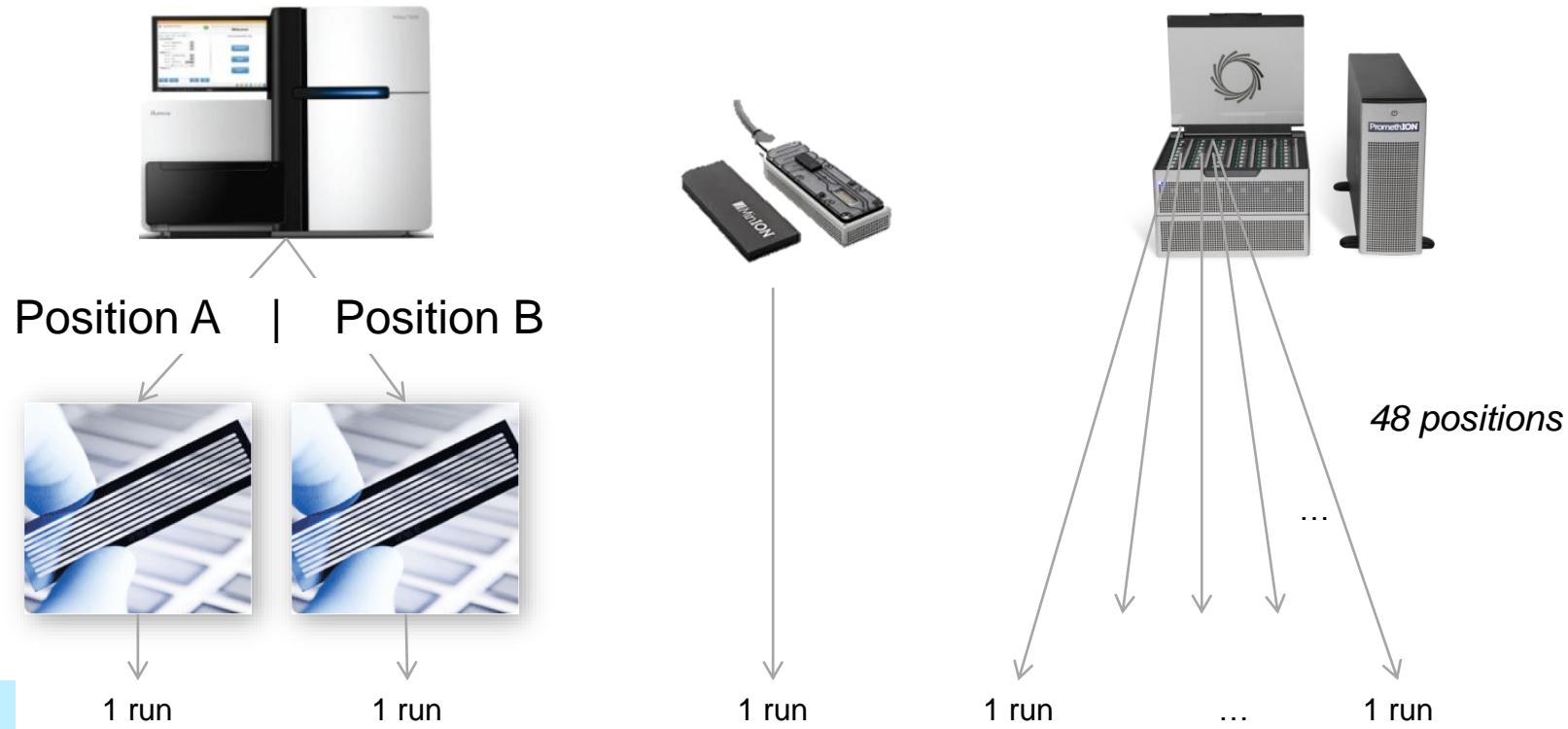
Runs à conserver					
	Code	Type	Date Run	Etat	Validé ?
Taille (5) ▾	140214_HISEQ6_D08J4ACXX	RHS2500	04/10/2011	Read generation en cours	---
0 Résultat(s)	111005_HISEQ8_D08HNACXX	RHS2500	05/10/2011	Read generation en cours	---
	140214_HISEQ6_C3EYWACXX	RHS2000	14/02/2014	Read generation en cours	---
	140214_HISEQ6_C3FFCACXX	RHS2000	14/02/2014	Read generation en cours	---



**RUN
> DÉFINITION**

RUN

Run : expérience de séquençage sur N cycles (ex Illumina : de 50 cycles à 2x300 cycles) ou N heures (ex Nanopore), correspondant à 1 flowcell, déposée sur un séquenceur (et sur une position donnée), à une date donnée, et générant des readsets (résultats de séquences).

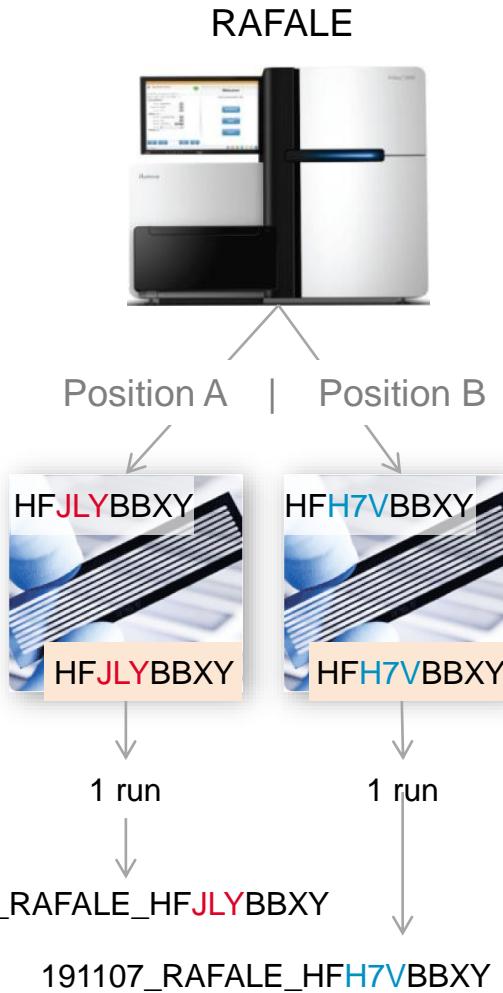


Code run : <DATE (YYMMDD)>_<INSTRUMENT>_<CODE FLOWCELL>

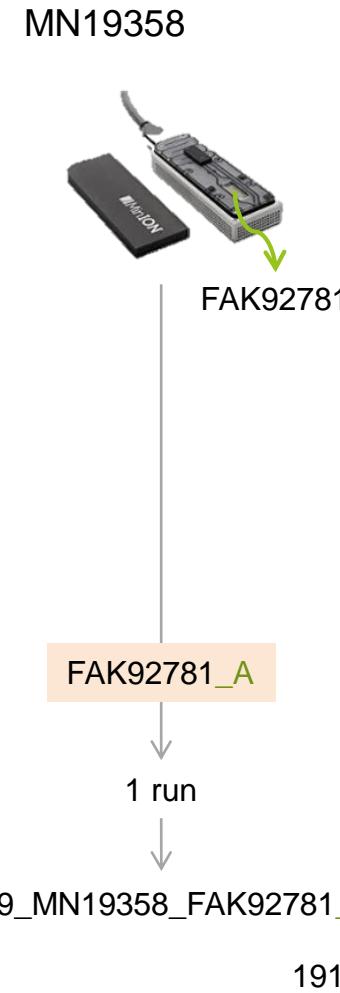
RUN - EXEMPLES

Code run : <DATE (YYMMDD)>_<INSTRUMENT>_<CODE FLOWCELL>

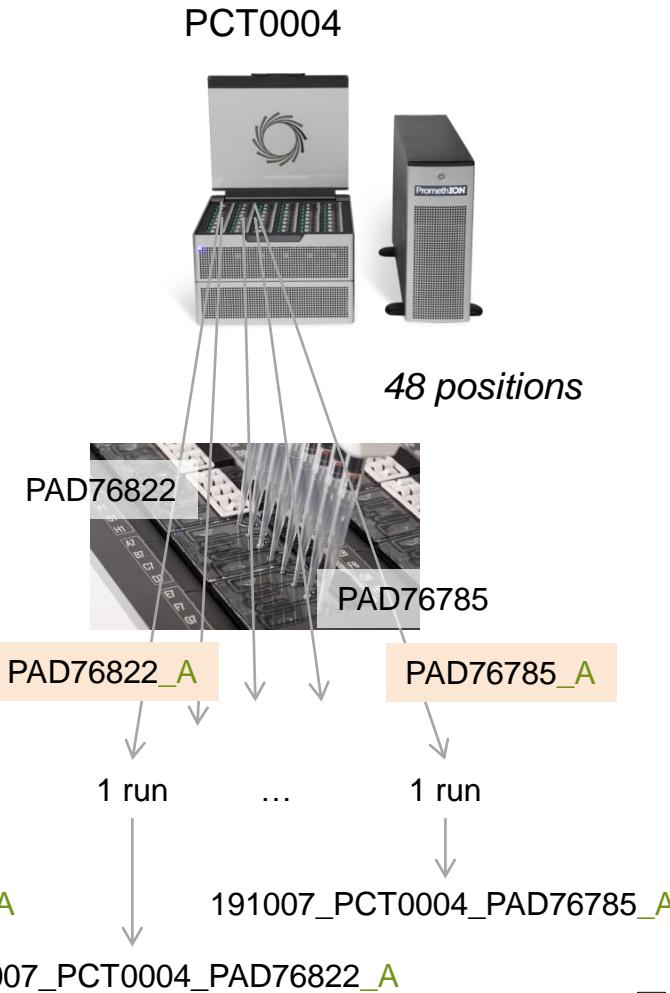
Date réelle dépôt : 07/11/2019



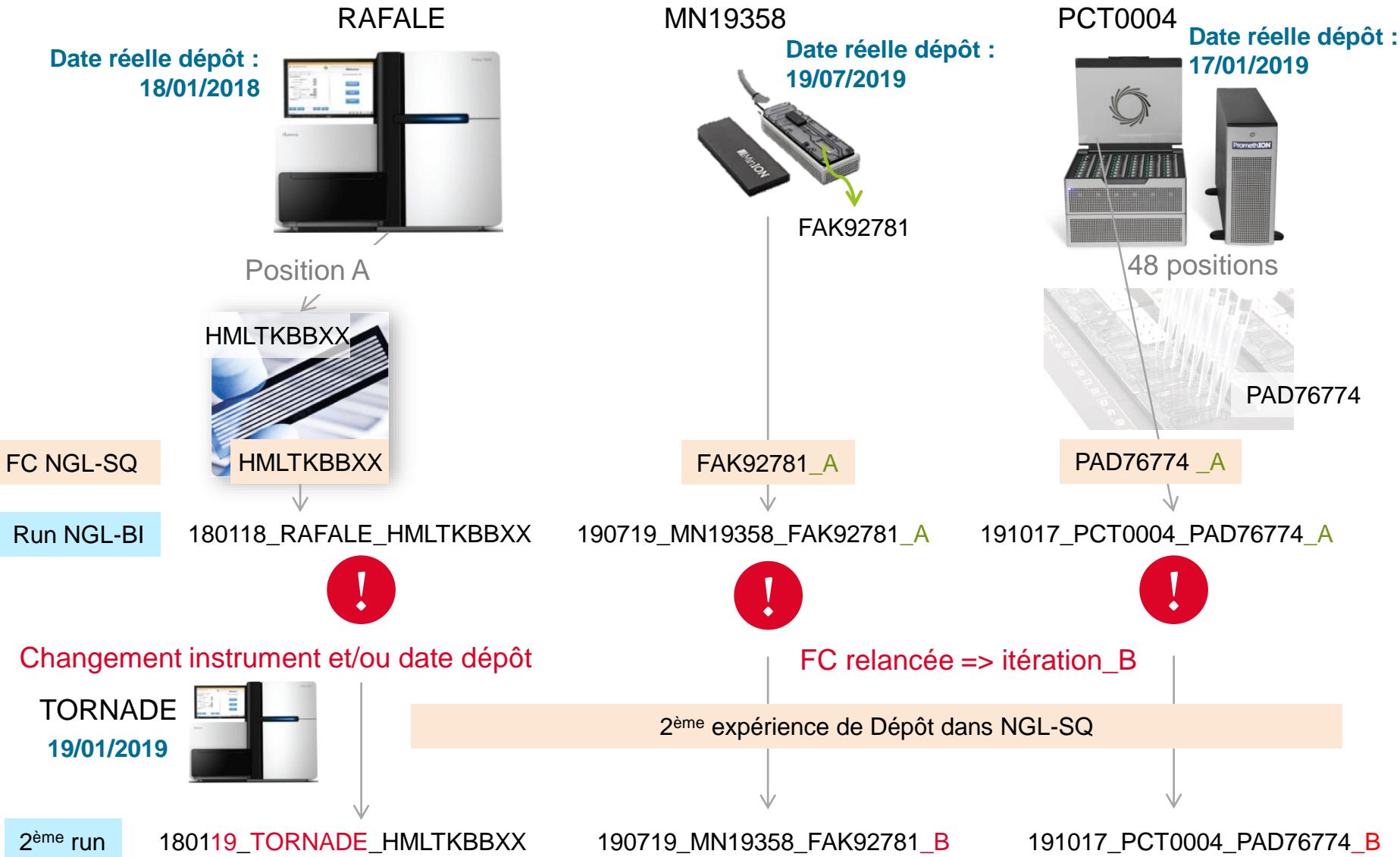
Date réelle dépôt : 19/07/2019



Date réelle dépôt : 07/10/2019



RUN - EXEMPLES – CAS D’ÉCHEC ET DE « RELANCE »

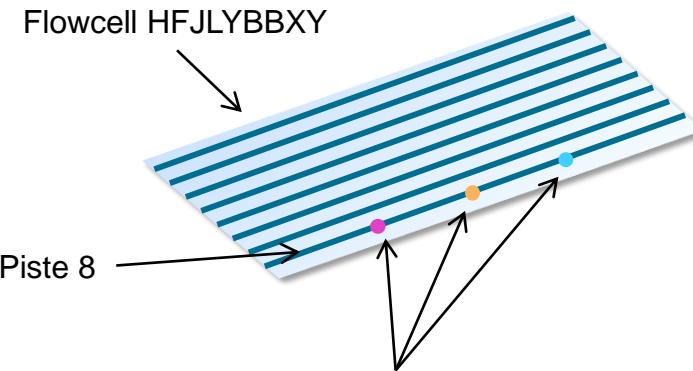
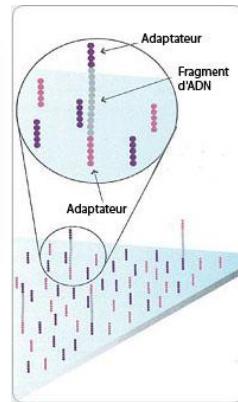


READSET

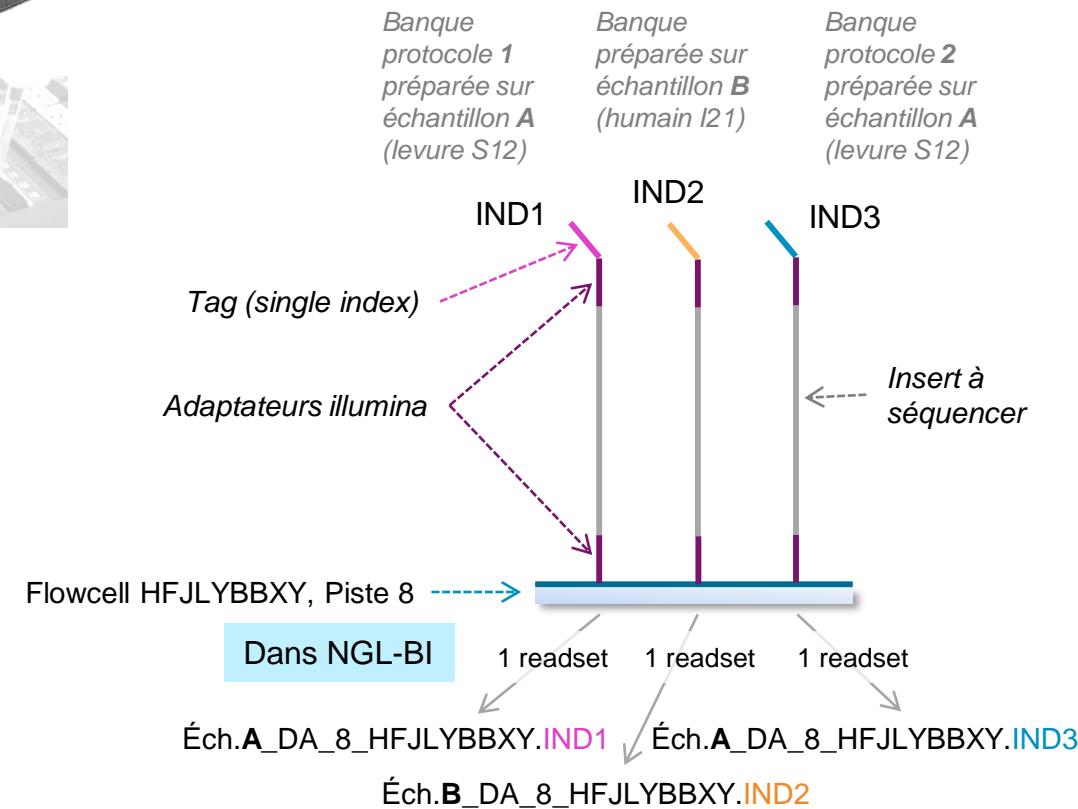
> DÉFINITION

READSET

- **Readset** : = lot de séquences correspondant à un échantillon (= *sample*) ayant subi une préparation de banque (= *librairie*) déposée sur une piste avec un index donné (ou non indexé).



Sur laquelle on a multiplexé des banques
(exemple piste 8 : banques *rose*, *orange*, *bleue*, ayant
des index différents, poolées sur une même piste)

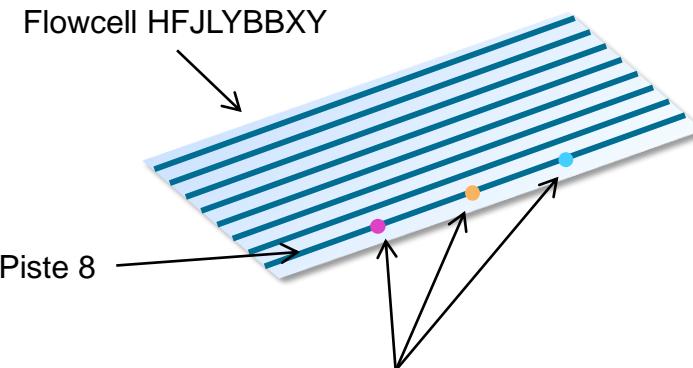
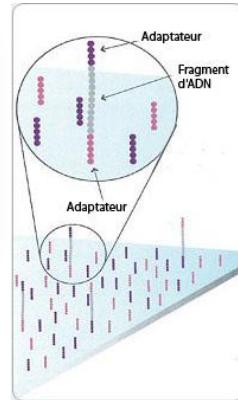
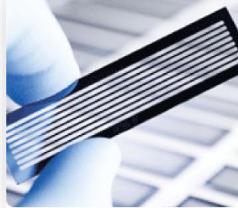


READSET – EXEMPLES

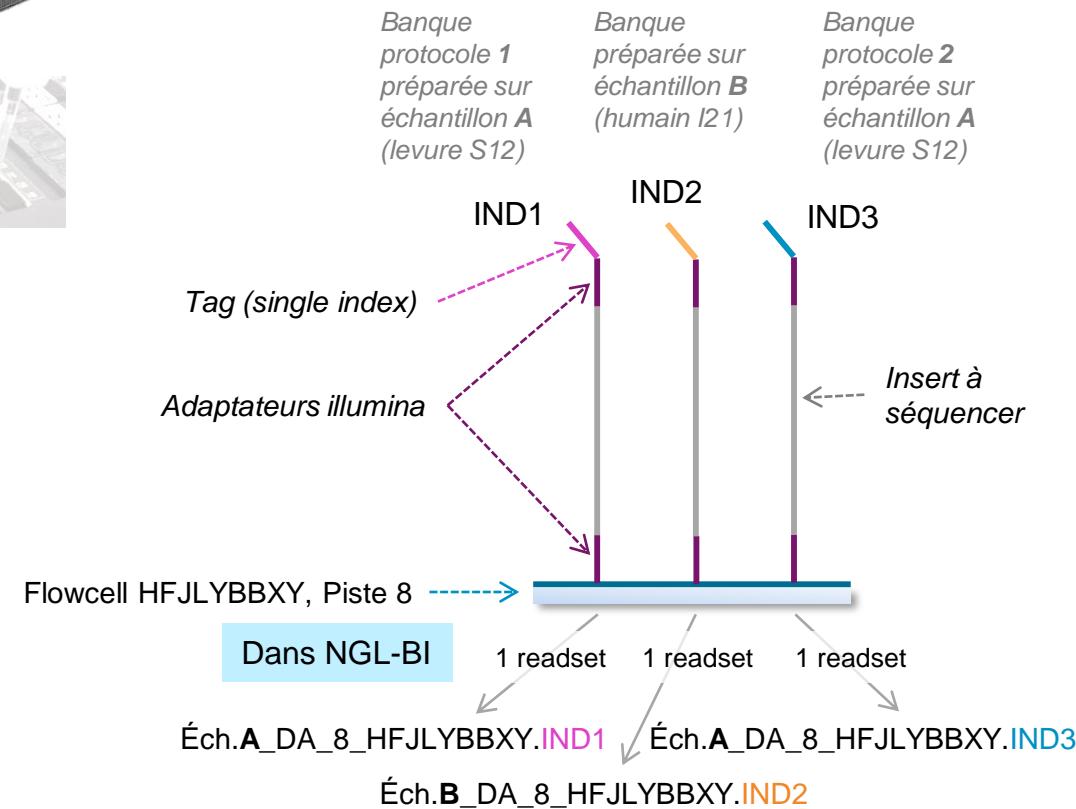
CHY_AA_ONT_1_FAL24617_A

BUK_ABGNOSDA_1_HLC2GDSXX.12BA197

Code readset : <code sample>_(ou OS)<type processus banque>_<n°piste>_<CODE FLOWCELL>.<short name tag>



Sur laquelle on a multiplexé des banques
(exemple piste 8 : banques *rose*, *orange*, *bleue*, ayant
des index différents, poolées sur une même piste)



ANALYSE (BA)

> DÉFINITION

DÉFINITION ANALYSE (BA : *Biological Analysis*)

- 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.

Rechercher des runs, readsets ou analyses



RECHERCHER DES RUNS

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

Plusieurs filtres de recherche sont disponibles :

- Sélectionnez des projets (nomenclature CNS : « AQI » | nomenclature CNG : « ECTOPIA_432 ») ;
- Sélectionnez des échantillons : 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.

- 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)

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.

Filtres supplémentaires :

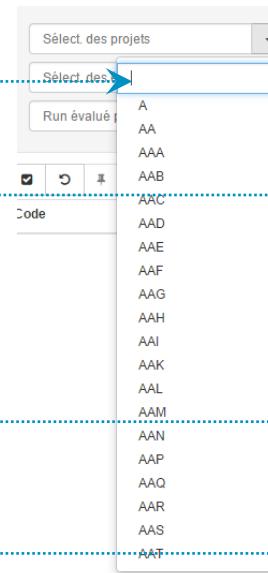
- Type de lectures (SR / PE) ;
- Nb cycles Read 1 (saisie libre : nb exact de cycles R1 après transfert, ex : 101, 151, 201, 301...)

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

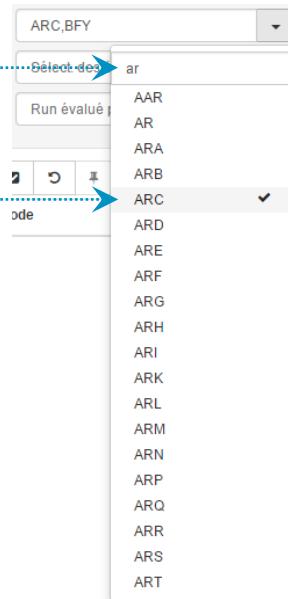
- Pour sélectionner un ou plusieurs projet(s), taper des lettres qui composent le nom / code du projet dans la cellule située en haut de la liste déroulante.



- 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
ARC
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. At the top, there are tabs for 'Filtres', 'Filtres supplémentaires', and 'Colonnes supplémentaires'. Below these are two sections labeled 'zone de texte' (text area). The first 'zone de texte' contains dropdown menus for 'Sélect. des projets', 'Sélect. des échantillons', 'Sélect. des états', 'Sélect. une éval QC', 'Sélect. des instruments', and 'Sélect. des résol. QC.'. The second 'zone de texte' contains dropdown menus for 'Sélect. des échantillons', 'Sélect. une éval bioinfo.', 'Sélect. des types de run', 'Sélect. un run', and 'ReadSet évalué par:'. To the right of these sections are several input fields: 'Regex pour le code', 'Run depuis le (jj/mm/aaaa)', 'Run jusqu'au (jj/mm/aaaa)', 'Sélect. des types de run', 'Sélect. un run', and 'Sélect. colonnes config.'. At the bottom right are buttons for 'Réinitialiser tous les filtres de recherche' (Reset all search filters), 'Lancer la recherche' (Launch search), and a magnifying glass icon.

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.

- 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



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.



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)	

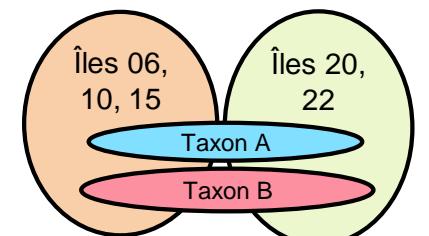
Filtres Filtres supplémentaires Colonne supplémentaires Experimental search mode

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 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.					Sélect. des résol. bioinfo.
Code	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Date Run	
BFY_ACNH OSF_ 1_ABCD3.IND28	141017_MELISSE_ABCD3	1	BFY	BFY_ACNH	17/10/2014	
BKB_IN OSF_ 1_ABAV8.IND21	141017_MIMOSA_ABAV8	1	BKB	BKB_IN	17/10/2014	
BKB_AKH OSF_ 1_ABAV8.IND22	141017_MIMOSA_ABAV8	1	BKB	BKB_AKH	17/10/2014	
BKB_AIB OSF_ 1_ABAV8.IND19	141017_MIMOSA_ABAV8	1	BKB	BKB_AIB	17/10/2014	



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

Filtres supplémentaires						
Sélect. des projets	Sélect. des échantillons	.IND2	Sélect. des états	Sélect. une éval QC	Sélect. une éval bioinfo.	Sélect. des instruments
Sélect. des résol. QC.	Sélect. des résol. bioinfo.					Sélect. des résol. bioinfo.
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 supplémentaires						
Sélect. des projets	Sélect. des échantillons	IND2\$ \$: se termine par le caractère précédent	Sélect. des états	Sélect. une éval QC	Sélect. une éval bioinfo.	Sélect. des instruments
Sélect. des résol. QC.	Sélect. des résol. bioinfo.					Sélect. des résol. bioinfo.
Code	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Date R	
GBT_DOSW_1_ABAV8. IND2	141017_MIMOSA_ABAV8	1	GBT	GBT_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.

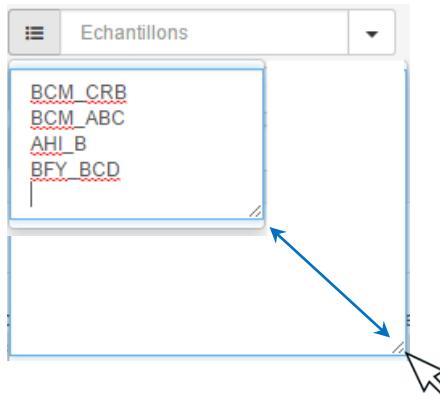


DÉTAIL FILTRE DE RECHERCHE / DOUBLE MODE

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...

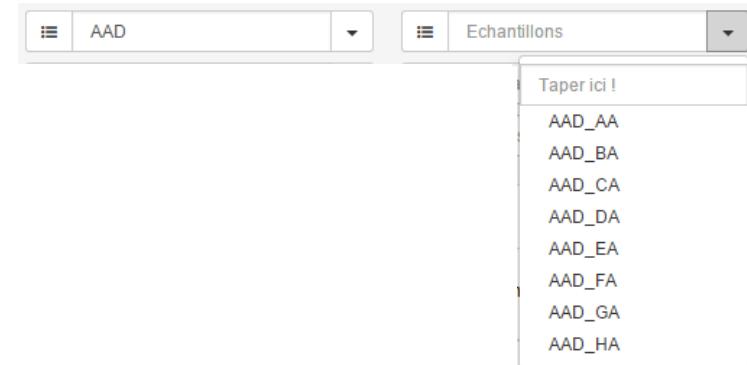


Sélection dans une liste

Sélectionner un ou plusieurs échantillons dans le menu déroulant.

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

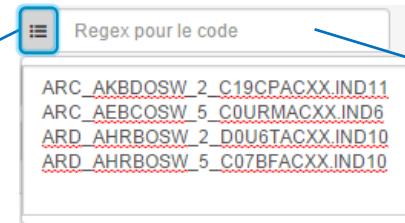
La liste affichée des échantillons possibles est limitée à 20 valeurs. Utiliser le bandeau « Taper ici ! » pour commencer à taper le nom de l'échantillon et la liste se rafraîchit.



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.

Lancer la recherche

Réinitialiser tous les filtres de recherche

Sélect. colonne

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.

VISUALISER UN RUN

Cliquer sur le run à consulter.

↓

NGL-BI Evaluation ▾ Runs ▾ Readsets ▾ Analyses ▾ Statistiques ▾ Archives

Recherche		Sélect. des projets		Sélect. des échantillons		01/10/2014		Run jusqu'au (jj/mm/aaaa)		Sélect. des instruments	
141027_PLATINE_H072KAMXX		Sélect. des états	Sélect. des types	Sélect. une évaluation	Sélect. un run					Sélect. des résol. de run / lane	
141024_MIMOSA_ABCJT											
141023_MELISSE_AAUNG											
141022_CARBONE_C4VM6ACXX											

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

↓

Recherche

141027_PLATINE_H072KAMXX	
141024_MIMOSA_ABCJT	
141023_MELISSE_AAUNG	
141022_CARBONE_C4VM6ACXX	

141027_PLATINE_H072KAMXX Séquençage en cours

Code	141027_PLATINE_H072KAMXX	Type	RHS2500R	Nb Cycles	Code Instrument	PLATINE												
Etat	Séquençage en cours	Nb Clusters (total)		Ligne Contrôle	Type d'Instrument	HISEQ2500												
Valide ?	---	% Clusters filt. (moyenne)		Code Flowcell	H072KAMXX	Date Run	27/10/2014											
Comptes Rendus		Nb Clusters filt. (total)		Position Flowcell		Date fin RG												
Critères		Nb Bases (total)		Version RTA														
Evalué par	(0)	A conserver ? <input type="checkbox"/>		Version Flowcell														
Supprimé Non																		
Détails évaluation																		
<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th colspan="3">Pistes</th> </tr> <tr> <th>#</th> <th>Valide ?</th> <th>Comptes Rendus</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1</td> <td>---</td> <td></td> </tr> <tr> <td>2</td> <td>---</td> <td></td> </tr> </tbody> </table>							Pistes			#	Valide ?	Comptes Rendus	1	---		2	---	
Pistes																		
#	Valide ?	Comptes Rendus																
1	---																	
2	---																	

PAGE 27

INTERFACE RUN – DÉTAILS

[Lien vers Lexique ici](#)

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	Le choix d'un critère d'évaluation permet l'highlighting	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

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

Récapitulatif des lots de séquences sur la FC et métriques importantes

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



VISUALISER UN RUN DANS SON WORKFLOW

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



141008_SOUFRE_C4A65ACXX Evaluation terminée

Run status flow

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

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

RHS2000
1 520 393 260
88,48
1 345 304 718
281 168 686 062
Non

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



RACCOURCIS RUNS – READSETS

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

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

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

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

Readsets (10)

🔍
Voir Readsets
Evaluer Readsets

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	---	---

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

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

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

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

PAGE 30

RACCOURCIS RUN – PREP FC DANS SQ

191023_JARVIS_HLC2GDSXX Evaluation terminée

Général

Infos workflow

Code 191023_JARVIS_HLC2GDSXX Type NovaSeq 6000 Nb Cycles 151, 12, 0, 151

Etat Evaluation terminée Nb Clusters (total) 15 320 088 576

Ligne Contrôle 0

Valide ? Oui % Clusters filt. (moyenne) 85,65

Code Flowcell HLC2GDSXX



Comptes Rendus Nb Clusters filt. (total) 13 122 009 794

Position Flowcell A

Critères NovaSeq S4 2x151 Nb Bases (total) 3 962 846 957 788

Version RTA v3.4.4

Evalué par bordelai (29/10/2019) A conserver ?

Version Flowcell S4

Supprimé Non

Détails évaluation lane 1 : pool CLZ,BUF,CPB depot 100pM +1% phix
lane 2,3 et 4 pool CMK depot 100pM +1% phix

SAV NGS-RG Top Index

Run			
Rendement total (Gb)	Rendement total non indexé (Gb)	% Q30 total	% Q30 total non indexé
4 081,21	3 936,86	91,88	91,81

Read 1											
#	Density (K/mm2)	% Density PF	% Cluster PF	% Phasing	% Prephasing	% >= Q30	Cycles Err Rated	% Alignement	% Error Rate	Intensity Cycle 1	Alertes
1	2 961,00 +/- 0,00		82,38 +/- 1,12	0,091	0,095	93,05		1,37 +/- 0,02	0,16 +/- 0,03	1 806,00 +/- 103,00	
2	2 961,00 +/- 0,00		86,77 +/- 0,58	0,080	0,084	93,8		1,22 +/- 0,03	0,16 +/- 0,03	1 815,00 +/- 84,00	
3	2 961,00 +/- 0,00		86,64 +/- 1,09	0,083	0,090	93,11		1,05 +/- 0,02	0,27 +/- 0,58	1 752,00 +/- 125,00	

Pistes

#

1

2

3

4



RACCOURCIS RUN – PREP FC DANS SQ

PREPA-FC-ORDERED-20191022_160309JHE Terminé



Expérience

Type d'expérience Prep. flowcell ordonnée

Protocole * Illumina NovaSeq 6000 system guide

Etat Terminé

Statut OK

Résolutions Déroulement correct

Choix feuille de calculs * NovaSeq S4 / XP FC

Instrument

Type d'instrument * NovaSeq Xp Flow Cell Dock

Instrument * NovaSeq Xp Flow Cell Dock 1

Contenant sortie * Flowcell 4 pistes

Type lectures * PE

Type flowcell * S4

Code Flowcell * HLC2GDSXX

Run(s)

191023_JARVIS_HLC2GDSXX

Composition flowcell

Feuille de calcul



- | | | |
|---|--------------------------|-----------------------------|
| 1 | <input type="checkbox"/> | 4A2E3SKGX / 100% / PhiX:1%; |
| 2 | <input type="checkbox"/> | 4ALF14CE0 / 100% / PhiX:1%; |
| 3 | <input type="checkbox"/> | 4ALF2YLB1 / 100% / PhiX:1%; |
| 4 | <input type="checkbox"/> | 4ALF3NL21 / 100% / PhiX:1%; |



RACCOURCIS RUN – PREP FC DANS SQ

PREPA-FC-ORDERED-20191022_160309JHE Terminé



Expérience

Type d'expérience Prep. flowcell ordonnée

Protocole * Illumina NovaSeq 6000 system guide

Etat Terminé

Statut OK

Résolutions Déroulement correct

Choix feuille de calculs * NovaSeq S4 / XP FC

Instrument

Type d'instrument * NovaSeq Xp Flow Cell Dock

Instrument * NovaSeq Xp Flow Cell Dock 1

Contenant sortie * Flowcell 4 pistes

Type lectures * PE

Type flowcell * S4

Code Flowcell * HLC2GDSXX

Run(s)

191023_JARVIS_HLC2GDSXX



Composition flowcell

Feuille de calcul

	Code Container	% à déposer	Echantillon / Tag 2ndaire / Tag	Type échantillon	Type librairie	% phiX	Volume final (µL)
1	4A2E3SKGX	100	BUF_AAQP // 12BA209, BUK_AAQH // 12BA212 ...	ADN	DC, DA	1	150
2	4ALF14CE0	100	CMK_BR // 12BA042, CMK_DB // 12BA094 ...	ADN	DA	1	150
3	4ALF2YLB1	100	CMK_GK // 12BA141, CMK_DU // 12BA133 ...	ADN	DA	1	150
4	4ALF3NL21	100	CMK_ET // 12BA148, CMK_GY // 12BA119	ADN	DA	1	150



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 (1/15)

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 »



Résultat évaluation lot de séquence

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				

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 (2/15)

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	f1708c84ec898fb37346fe42cb41ae3
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 (3/15)

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



ZOOM ONGLET INFO ÉCHANTILLON

IP-RG : Copie infos contenus SQ
dans RS sample on container

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

Infos de contenu dans le container de SQ

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

Code d'échantillon	BUQ_AARU	% par piste	15
Ref. Collaborateur	CO-0002043	Qté engagée ds bq RNA (ng)	2 000
Taxon Id	51117	Ille	I06
Taxon	Millepora	Site	S01
Type d'échantillon	ARN	Méthode synthèse cDNA	random
Catégorie d'échantillon	ARN	Taille insert (pb)	305
Code support container	H3N7CBBXY	Type processus banque	RB - RNaseq stranded
Code container	H3N7CBBXY_1	OA	OA000
Infos spécifiques au RNaseq pour pipeline bioinfo		Layout Nominal Length (pb)	305
		Orientation brin synthétisé	reverse
		Tag	12BA294
		Issu du projet	BUN
		Réplicat	R01
		Catégorie de Tag	SINGLE-INDEX
		Protocole bq RNA	TruSeq Stranded poly A
		Code Barre TARA	CO-0002043
		Colonie / Poisson	C028
		Traitement DNase ?	Oui
		Issu de l'échantillon	CO-0002043
		Issu du type d'échantillon	coral
		META	Oui
		Dev / Prod ?	PROD
		Protocole TARA Pacific ou MP	SEQ-(4g-lysing)_Coral
		Code aliquot	CO-0002043
		Protocole d'extraction	ZR Duet euk.

Toutes les informations pertinentes d'un échantillon ou de sa préparation ne peuvent être contenues dans le CODE readset ! Beaucoup de métadonnées sont associées au readset (données de sample + données héritées au fur et à mesure des manips dans SQ) pour le besoin de :

- Reporting
- Pipelines bioinfo

Et sont disponibles facilement en recherchant dans l'interface ou au moyen d'URL



Code d'échantillon BUR_AOUS

% par piste 0.403

Ref. Collaborateur CO-1015968

Ile I32

Taxon Id 46719

Code éch. témoin négatif PCR (2) CEB_ANO

Taxon Porites

Site S03

Type d'échantillon Amplicon

Taille amplicon attendue 411/600

Catégorie d'échantillon Amplicon

Tag 2ndaire BID02

Code support container HCVLYDRXX

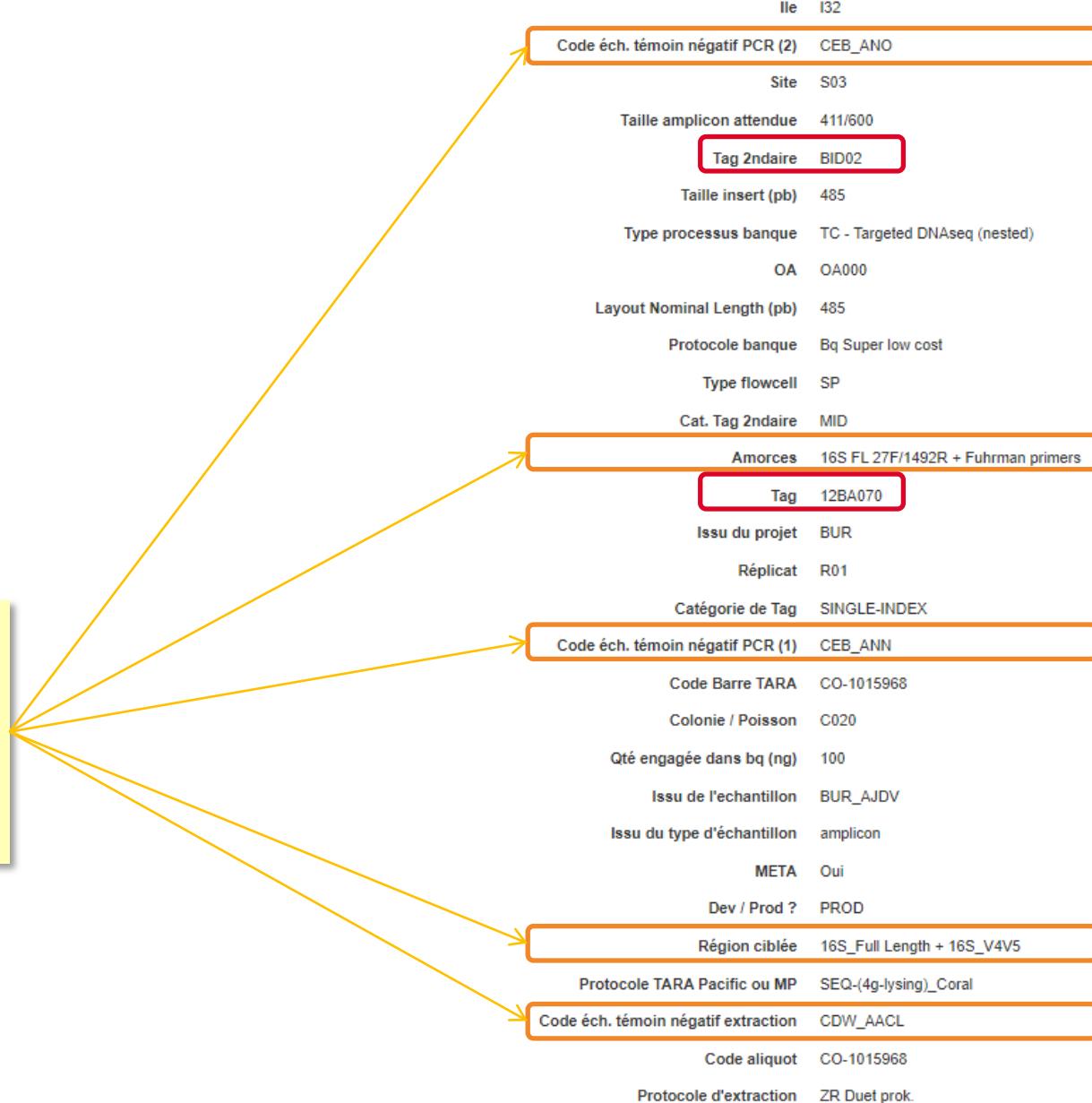
Taille insert (pb) 485

Code container HCVLYDRXX_1

Type processus banque TC - Targeted DNAseq (nested)

OA OA000

Infos spécifiques au metaB
pour pipeline BA,
etc.



INTERFACE READSET – DÉTAILS (4/15)

Code couleur : valide, non valide, « - »

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

(NEW nov. 2022)

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

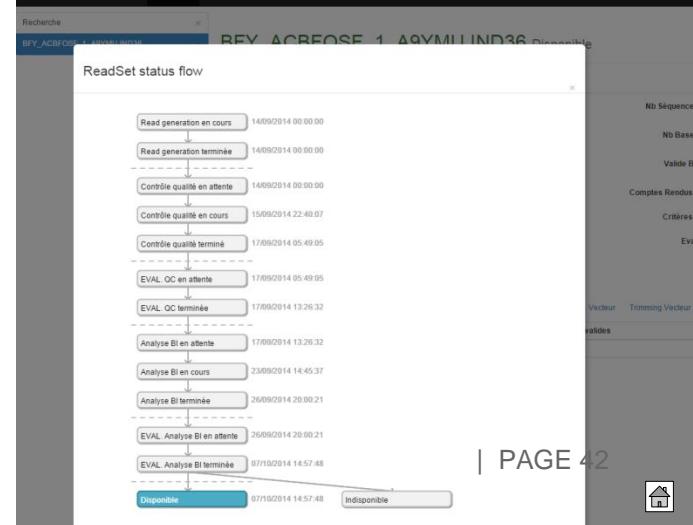
Valide QC ?	Evalé par	Date	Valide BioInfo ?	Evalué par	Date
---			---		
Oui	jguy	16/11/2022 19:11:25	Oui	jguy	16/11/2022 19:11:57
			Non	jguy	16/11/2022 19:12:04

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 (5/15)

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

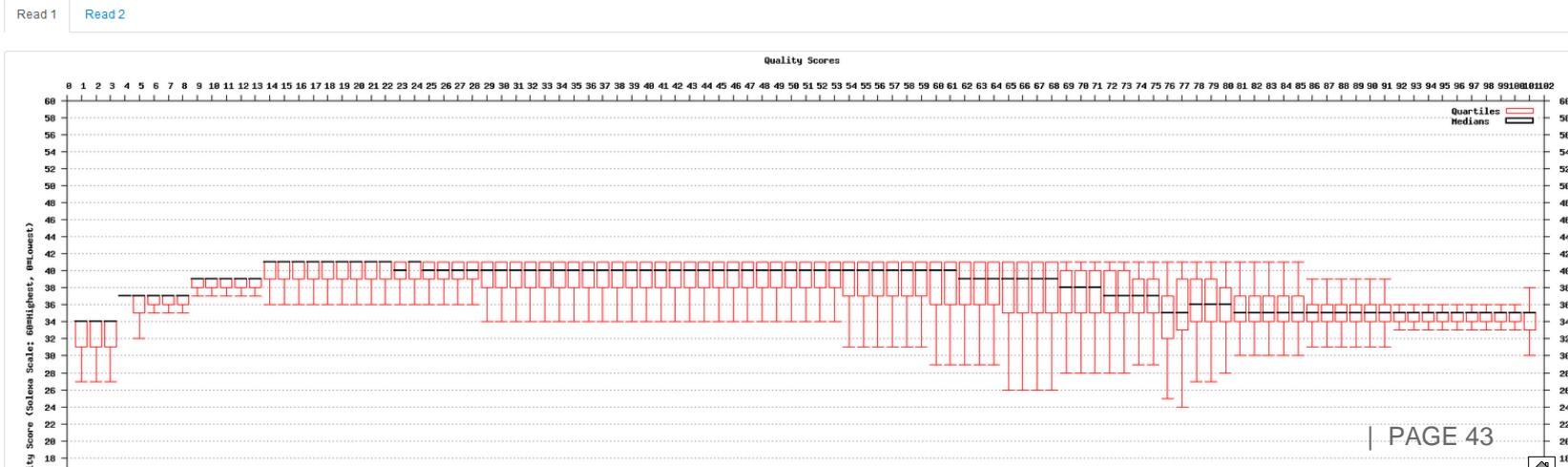
Code	BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2	Nb Séquences utiles	200,311,306	Run / N° Piste	140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2
Etat	Disponible	Nb Bases utiles	39,920,324,496	Type de Run	RHS2000
Valide QC ?	Non	Valide BioInfo ?	Oui	Nb Cycles	209
Comptes Rendus QC	Problème qualité Q30 duplicat > 30	Comptes Rendus BioInfo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

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)

Onglets traitements [READSET]

Statistiques associées au traitement [READSET]

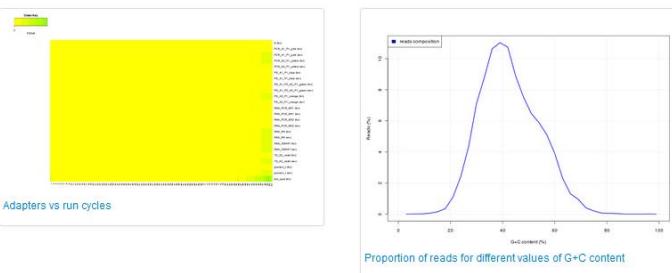
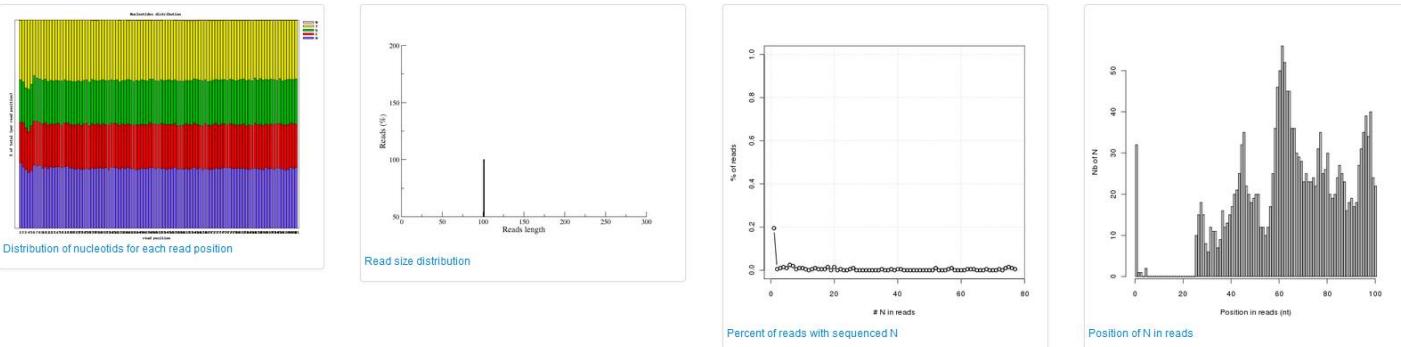
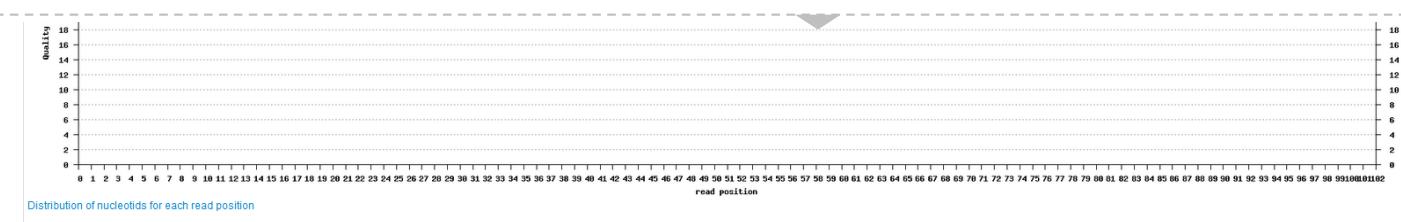


INTERFACE READSET – DÉTAILS (6/15)

Onglets
traitements
[READSET]

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

Read 1 Read 2



INTERFACE READSET – DÉTAILS (7/15)

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	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 (8/15)

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 (9/15)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de
séquence

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

Editer

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

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

Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

Onglets traitements
[READSET]

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

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

Statistiques associées au traitement [READSET]



INTERFACE READSET – DÉTAILS (10/15)

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)

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)

* pas encore disponible pour le CNG



INTERFACE READSET – DÉTAILS (11/15)

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)

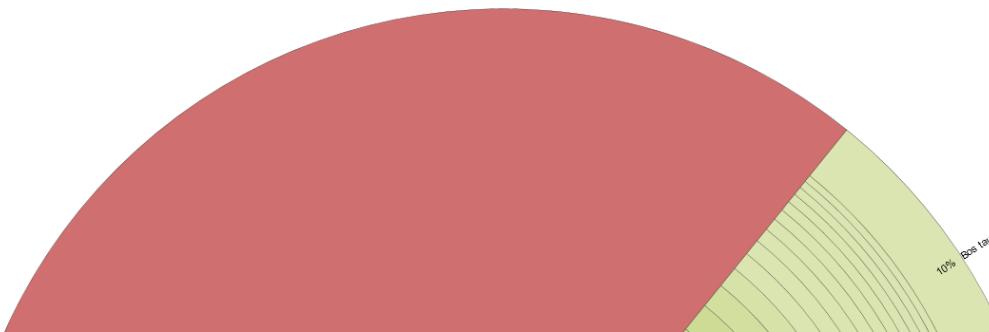
Bilans **Krona** Arbre phylogénétique

Krona Search:

all

Total: 20000

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



* pas encore disponible pour le CNG



INTERFACE READSET – DÉTAILS (12/15)

Code couleur : valide, non valide, « - »

NOM du lot de séquence →

BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible ← Etat (cf. workflow)

Editer

Mode impression

Général Avancé Infos échantillon Infos workflow

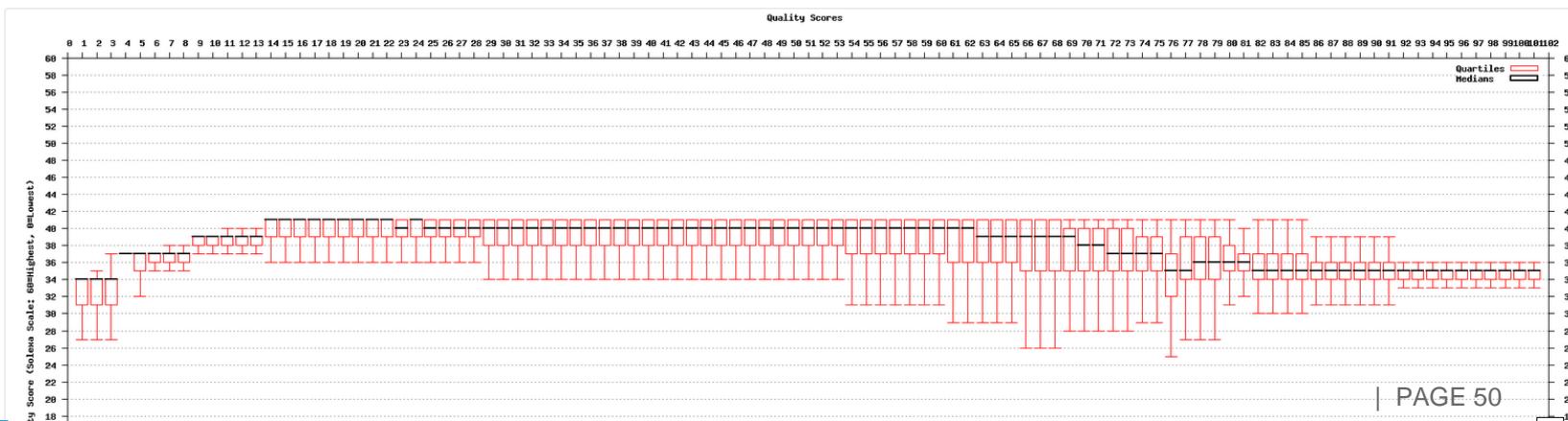
Code	BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2	Nb Séquences utiles	200,311,306	Run / N° Piste	140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2
Etat	Disponible	Nb Bases utiles	39,920,324,496	Type de Run	RHS2000
Valide QC ?	Non	Valide BioInfo ?	Oui	Nb Cycles	209
Comptes Rendus QC	Problème qualité Q30 duplicat > 30	Comptes Rendus BioInfo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



Statistiques associées au traitement [READSET]

INTERFACE READSET – DÉTAILS (13/15)

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 (14/15)

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)		

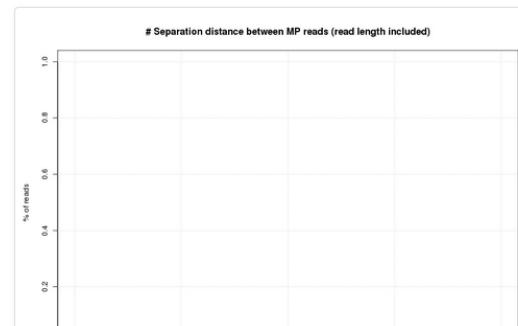
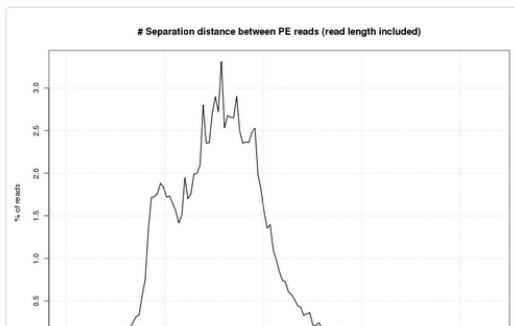
Détails évaluation commentaires suppl. sur l'évaluation

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)

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 (15/15)

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

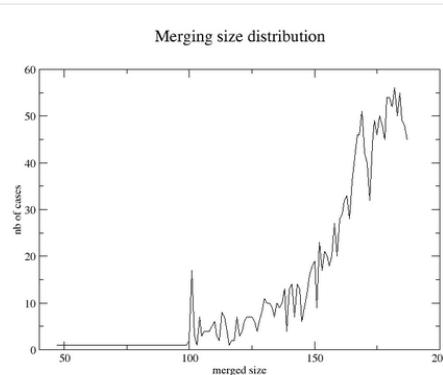
Code	BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2	Nb Séquences utiles	200,311,306	Run / N° Piste	140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2
Etat	Disponible	Nb Bases utiles	39,920,324,496	Type de Run	RHS2000
Valide QC ?	Non	Valide BioInfo ?	Oui	Nb Cycles	209
Comptes Rendus QC	Problème qualité Q30 duplicat > 30	Comptes Rendus BioInfo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

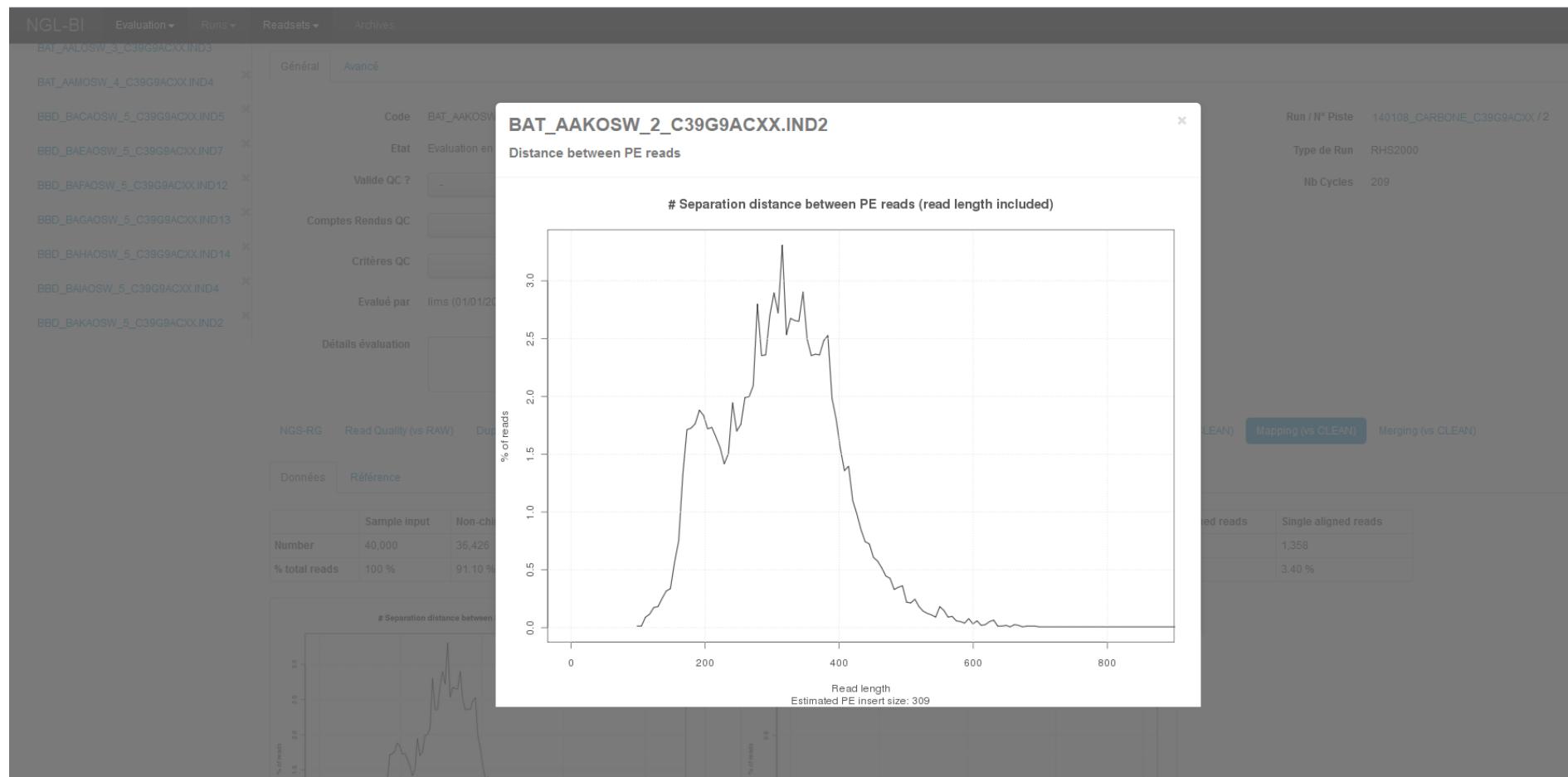


* pas encore disponible pour le CNG



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

Editer Mode impression

Général	Avancé				
Code	BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4	Nb Séquences utiles	481 265	Run / N° Piste	140912_MELISSE_A9YMU / 1
Etat	Analyse BI en cours	Nb Bases utiles	269 304 239	Type de Run	RMISEQ
Validé QC ?	Oui	Validé BioInfo ?	---	Nb Cycles	609

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

BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4 Analyse BI en cours

Impression Retour

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

Détails évaluation

- Puis choisir Destination : imprimante ou « enregistrer au format PDF »



31/10/2014

Readsets

BFY_ABTDOSF_1_A9YMU.IND4

Sélectionner un emplacement de destination

Rechercher des emplacements 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 56

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	
Evalué par	mangenot (07/10/2014)		
Commentaire			
Traitements → Merging Assembly Contig Filter Scaffolding Gap Closing			
Reads input (pairs)	Merged reads	% merged reads	Median size (bases)
604 596	411 044	67,99	533
			Average size (bases)
			524,00
			Min size (bases)
			74
			Max size (bases)
			587

Readset qui suit le workflow « avec analyses biologiques »
 TOUS les readsets qui composent l'analyse (RS maître(s) + RS autres*)

*Readsets qui suivent le workflow « classique »

Lien vers les interfaces des readsets concernés par l'analyse

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



READSET(S) MAÎTRE(S) D'UNE ANALYSE VS READSETS

BA.BFZ_BBFOSF_1_AF5DN.IND11 Evaluation terminée

Général

Avancé

Code	BA.BFZ_BBFOSF_1_AF5DN.IND11	Type	BAC pool assembly
Etat	Evaluation terminée	Code ReadSets Maîtres	BFZ_BBFOSF_1_AF5DN.IND11
Valid ?	Oui	Code ReadSets	BFZ_BBFOSF_1_AF5DN.IND11 BFZ_ABVOSN_1_HB8H5ADXX.IND38

Comptes Rendus

BA.CIN_FPOSTA_2_HV2Y7BCX2.12BA379 Evaluation terminée

Général

Avancé

Code	BA.CIN_FPOSTA_2_HV2Y7BCX2.12BA379	Type	Amplicons Contamination Control
Etat	Evaluation terminée	Code ReadSets Maîtres	CIN_FPOSTA_2_HV2Y7BCX2.12BA379
Valid ?	Oui	Code ReadSets	CIN_FPOSTA_2_HV2Y7BCX2.12BA379 CEB_ZZOSTA_2_HV2Y7BCX2.12BA320 CEB_ZYOSTA_2_HV2Y7BCX2.12BA308

Comptes Rendus

- Le **readset maître** est le point d'entrée pour BA, **c'est lui qui suit le WF RS avec BA dans NGL-BI** et c'est lui (**son eval bioinfo**) qui est impacté par l'évaluation des analyses.
- Les **readsets (tous)** listés dans une analyse sont le(s) RS maître(s) + les **autres RS***.
- ***Autres RS** : constituent l'analyse donc impliqués également dans BA (pour les joe), mais au regard d'NGL-BI, ne suivent pas le WF RS BA (suivent le WF RS classique) et ne sont pas impactés (leur éval bioinfo) par l'éval analyse.



Visualiser des readsets ou analyses selon
une configuration de tableau spécifique



CONFIGURATION SPÉCIFIQUE

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

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

Filtres Choix Colonnes

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

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

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

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 BioInfo	Validé Rendus 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

(ne pas hésiter à demander une formation)



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 ».

Sélect. des projets 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 biolinfo Sélect. des types de run Sélect. un run Sélect. colonne

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

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

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

% Duplicats R1

% Duplicats R2

% Duplicates Pairs

Reads trim. R1

% Reads trim. R2

% Removed Reads (E. coli)

% Bacteria

% Eukaryota

Colonnes « fixes »							Colonnes ajoutées												
Code	Run	Nº Piste	Projet	Echantillon	Date Run	Etat	Score % >= Q30	Qualité moyen	% Déposé	Fraction de run	% Duplicats 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_AAKF	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 a focus on the 'Supplementary Columns' search feature. At the top, there is a navigation bar with tabs: 'NGL-BI', 'Evaluation', 'Runs', 'Readsets', 'Analyses', 'Statistiques', 'Archives', 'Bilans', 'Aide', and 'Administration'. Below the navigation bar, there is a search bar labeled 'Recherche de Readsets' and three tabs: 'Filtres', 'Filtres supplémentaires', and 'Colonnes supplémentaires'. The 'Colonnes supplémentaires' tab is selected.

The main area displays a list of supplementary columns, divided into four groups by dashed boxes:

- Group 1:** 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.
- Group 2:** 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).
- Group 3:** 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.
- Group 4:** 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).

To the right of the column list, there is a search bar labeled 'Regex pour colonne' with a blue border and a '+' button. A blue arrow points from this search bar to the 'Regex pour colonne' input field in the bottom section of the interface.

The bottom section of the interface shows two examples of using the 'Regex pour colonne' feature:

- Example 1:** The search term 'dupli' is entered into the 'Regex pour colonne' input field. A dashed box highlights the results: '% Duplicates R1 (Raw)', '% Duplicates R2 (Raw)', '% Duplicates Pairs (Raw)', and '% Duplicates Pairs (Clean)'. A black arrow points from the 'dupli' input field to the highlighted results.
- Example 2:** The search term 'Tara' is entered into the 'Regex pour colonne' input field. A dashed box highlights the results: 'Station Tara (label)', 'Code-barres Tara', 'Protocole Tara Pacific', and 'Environnement Tara Pacific'. A black arrow points from the 'Tara' input field to the highlighted results.



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

+

Recherche pour colonne
 Contexte

Infos run
 Info chevauchement
 Infos échantillon
 Infos manips
 Infos ngsrg
 Infos couverture
 Infos duplicats
 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_H32YCBCX2.IND10	171122_FLUOR_H32YCBCX2	1	BZG	BZG_AABD	22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---		---
BCB_DAQIOSW_1_H32YCBCX2.IND34	171122_FLUOR_H32YCBCX2	1	BCB	BCB_DAQI	22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---		---
BZG_AAAKOSRB_1_H32YCBCX2.IND8	171122_FLUOR_H32YCBCX2	1	BZG	BZG_AAAK	22/11/2017	Contrôle qualité en cours	---		---
BZG_AABJOSRB_1_H32YCBCX2.IND9	171122_FLUOR_H32YCBCX2	1	BZG	BZG_AABJ	22/11/2017	Contrôle qualité en cours	---		---
BUR_AAJDOSTA_2_H32YCBCX2.12BA002	171122_FLUOR_H32YCBCX2	2	BUR	BUR_AAJD	22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---		---
BUR_AAJLOSTA_2_H32YCBCX2.12BA003	171122_FLUOR_H32YCBCX2	2	BUR	BUR_AA JL	22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---		---
BUR_AAJTOSTA_2_H32YCBCX2.12BA004	171122_FLUOR_H32YCBCX2	2	BUR	BUR_AA JT	22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---		---

| PAGE 66

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
 Taxon ID Type d'échantillon Taille amplicon attendue

+ ()

Regex pour colonne
 Infos échantillon

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 dupliques
 Infos trimming
 Infos décontamination
 Infos taxonomie



CONTEXTES DE COLONNES

Si besoin, choisir un 2^{ème} contexte. Choisir les colonnes et les ajouter avec le bouton +

Filtres Filtres supplémentaires Colonne supplémentaire

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

contexte 2

contexte 1

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_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	---
		BZG_AABJOSRB_1_H32YCBCX2.IND9	171122_FLUOR_H32YCBCX2	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_H32YCBCX2.12BA002	171122_FLUOR_H32YCBCX2	2	BUR	BUR_AAJD	CO-0000029	Pocillopora	46730	22/11/2017	Contrôle qualité en attente	---

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^{ème} contexte, etc.

Filtres Filtres supplémentaires Colonne supplémentaires

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

Regex pour colonne
Infos merging

contexte 3, etc

contexte 2

contexte 1

Code barres Tara Pacific Protocole Tara Pacific Code Run N° 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 BioInfo ? Comptes Rendus BioInfo

		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				---	---	---	---
		BZG_AABJOSRB_1_H32YCBCX2.IND9	171122_FLUOR_H32YCBCX2	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_H32YCBCX2.12BA002	171122_FLUOR_H32YCBCX2	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 CONTEXTE ou non.

CONTEXTES DE COLONNES

Infos run

Type Run
Nb cycles utiles R1
Nb cycles utiles R2

% Déposé
Fraction de run

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

Info chevauchement

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

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 sortingRibo

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

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 couverture

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

Infos merging

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

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)

Infos duplcats

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

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 trimming

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

Infos évaluation

Détails évaluation

On peut mettre une propriété dans plusieurs contextes

Info décontamination

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

Infos Tara

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

Info taxonomie

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

Infos fichiers

Archive ID
Localisation
Chemin
Fichiers

Info ancien lims

Objectif taille insert (LIMS)



BILANS D'ACTIVITÉ / BILANS DE PRODUCTION

Bilans automatiques

- Illumina
- Nanopore
- Par année
- Et bilan général

BILANS ILLUMINA

BILANS GÉNÉRAL / BILAN PAR ANNÉE

Bilan général

Année 2019

Année 2018

Année 2017

Année 2016

Année 2015

Année 2014

Année 2013

Année 2012

Année 2011

Année 2010

Année 2009

Année 2008

Bilan par trimestre		Bilan par type séquençage	Bilan des 10 premiers projets de cette année
Trimestre	Mois run		
1	Janvier		
1	Février		
2	Mars		
	Somme :		
2	Avril		
2	Mai		
3	Juin		
	Somme :		
3	Juillet		
3	Août		
4	Septembre		
	Somme :		
4	Octobre		
4	Novembre		
5	Décembre		
	Somme :		
	Somme totale de cette année :		

Nombre de bases par trimestre



BILANS GÉNÉRAL (ILLUMINA)

12 Résultat(s)

Bilan général

Année 2019

Année 2018

Année 2017

Année 2016

Année 2015

Année 2014

Année 2013

Année 2012

Année 2011

Année 2010

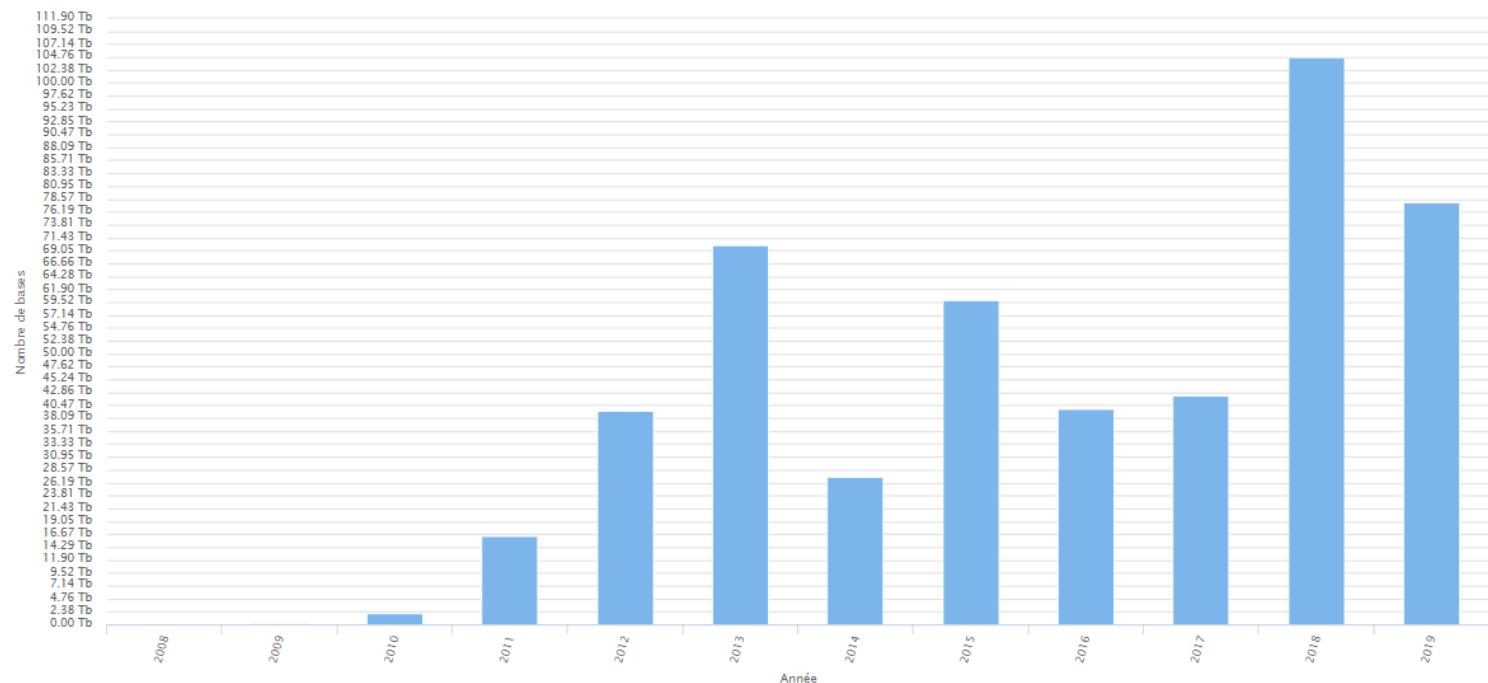
Années 2009

Année 2008

Année run	Nombre de bases
2008	30 929 307 000
2009	269 928 657 000
2010	2 111 349 356 012
2011	16 395 899 150 092
2012	39 488 375 532 726
2013	69 971 803 284 059
2014	27 281 295 881 651
2015	59 907 905 977 082
2016	39 767 305 653 918
2017	42 222 079 137 699
2018	104 790 375 184 027
2019	77 871 048 582 068

Propriété	Valeur
Somme :	480 108 295 703 332

Nombre de bases par année



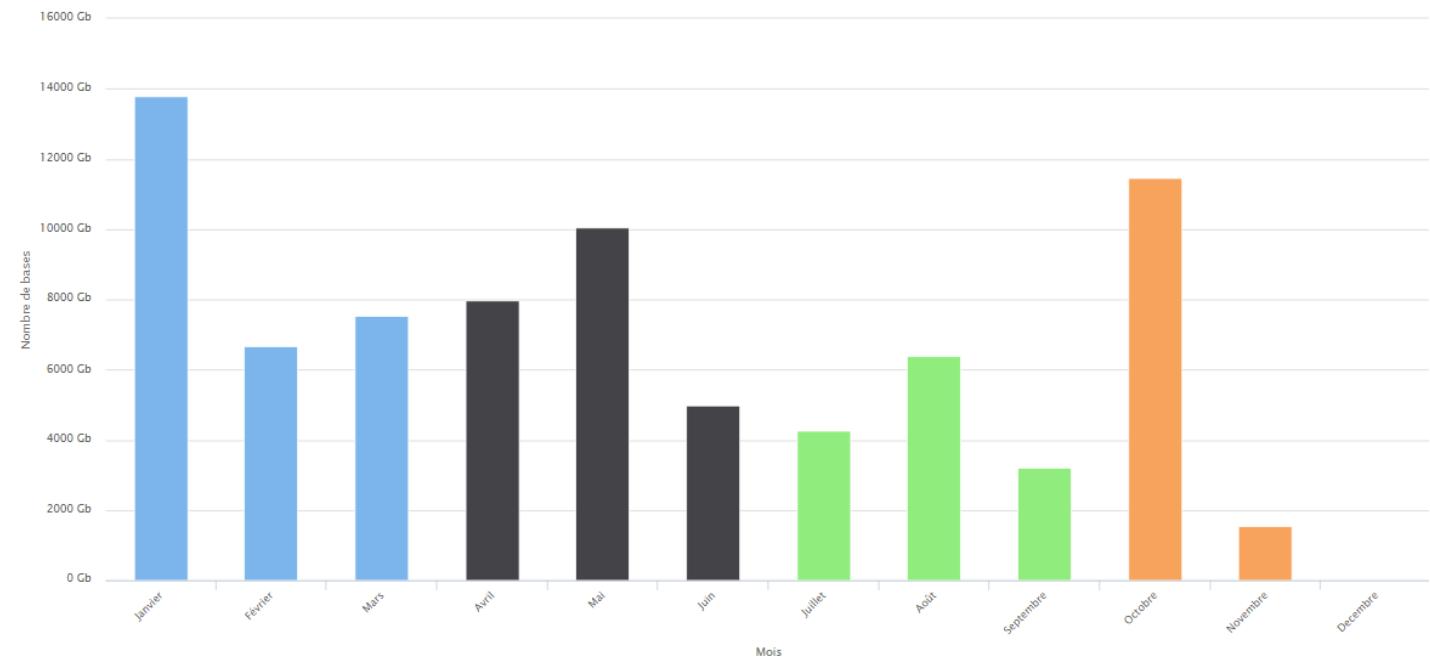
BILAN PAR ANNÉE

BILAN / TRIMESTRE

Bilan général
Année 2019
Année 2018
Année 2017
Année 2016
Année 2015
Année 2014
Année 2013
Année 2012
Année 2011
Année 2010
Année 2009
Année 2008

Bilan par trimestre	Bilan par type séquençage	Bilan des 10 premiers projets de cette année	Bilan par type d'échantillon *	Bilan mensuel par type séquençage
Trimestre	Mois run		Nombre de bases	
1	Janvier		13 773 455 080 472	
1	Février		6 664 785 388 348	
2	Mars		7 526 064 408 792	
	Somme :		27 984 284 855 612	
2	Avril		7 984 928 635 498	
2	Mai		10 048 005 976 514	
3	Juin		4 985 885 420 560	
	Somme :		23 016 822 032 572	
3	Juillet		4 258 002 313 080	
3	Août		6 397 825 754 518	
4	Septembre		3 207 084 993 022	
	Somme :		13 862 913 081 500	
4	Octobre		11 470 742 533 302	
4	Novembre		1 556 288 099 080	
5	Décembre		0	
	Somme :		13 027 030 632 382	
	Somme totale de cette année :		77 871 048 582 066	

Nombre de bases par trimestre



BILAN / TYPE DE SÉQUENÇAGE

Bilan par trimestre

Bilan par type séquençage

Bilan des 10 premiers projets de cette année

Bilan par type d'échantillon *

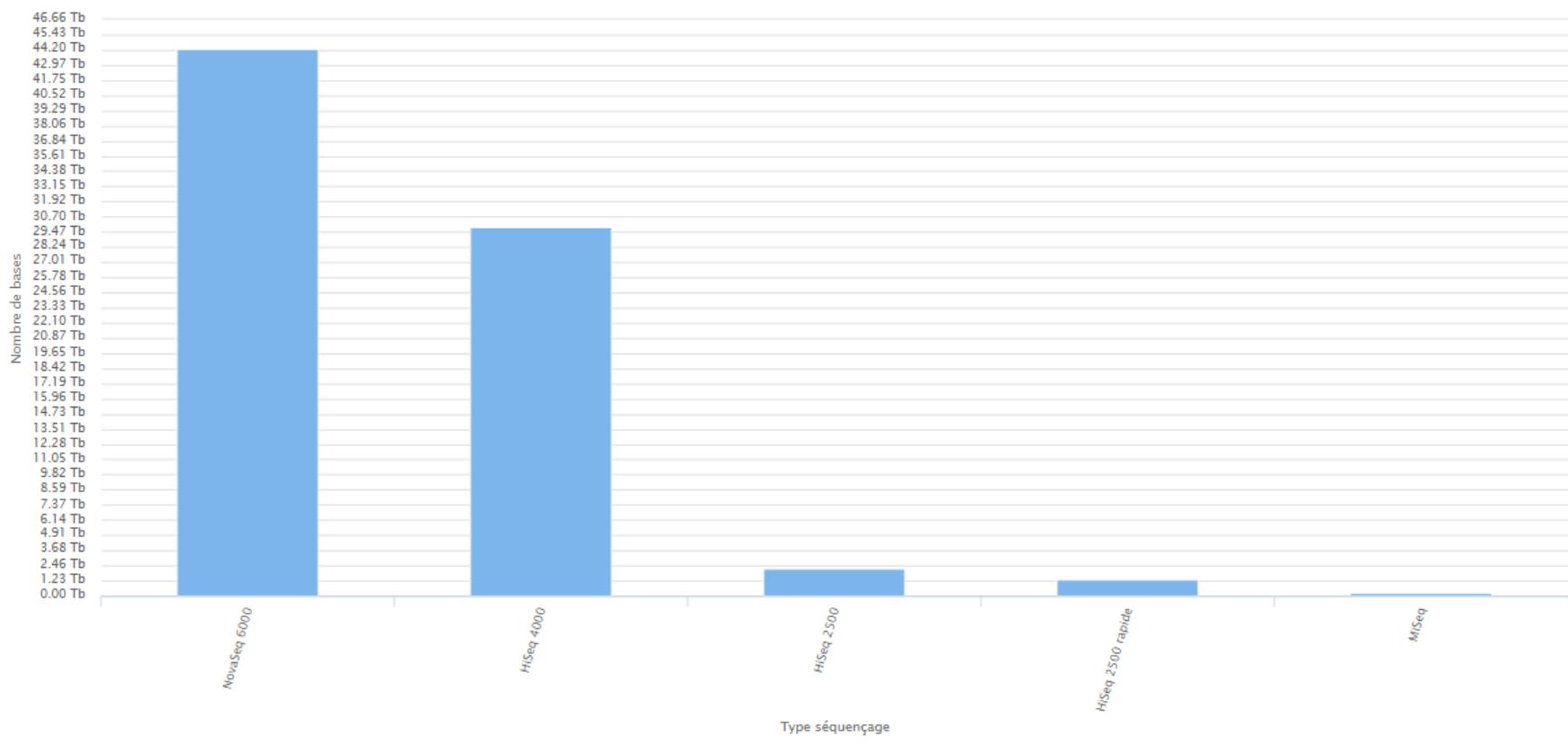
Bilan mensuel par type séquençage

5 Résultat(s)

Type séquençage	Nombre de bases	Pourcentage
NovaSeq 6000	44 269 624 568 924	56,85 %
HiSeq 4000	29 864 940 441 796	38,35 %
HiSeq 2500	2 216 407 730 410	2,85 %
HiSeq 2500 rapide	1 289 740 453 372	1,66 %
MiSeq	230 335 387 564	0,30 %

Propriété	Valeur
Somme :	77 871 048 582 066

Nombre de bases par type séquençage



BILAN / PROJETS

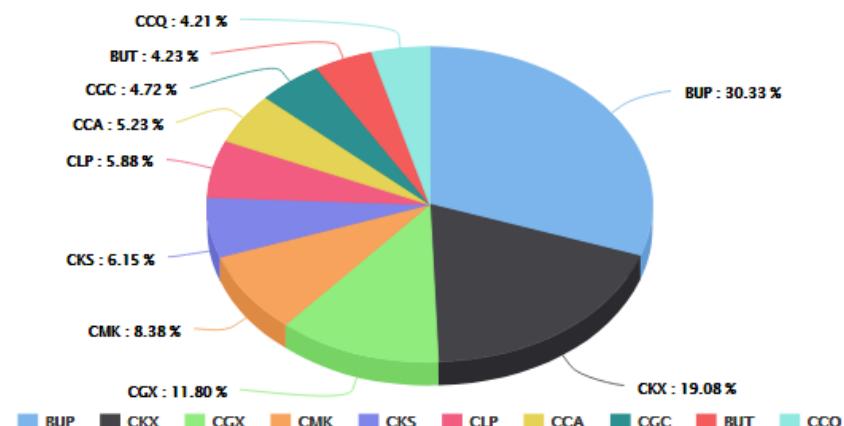
[Bilan par trimestre](#)
[Bilan par type séquençage](#)
[Bilan des 10 premiers projets de cette année](#)
[Bilan par type d'échantillon *](#)
[Bilan mensuel par type séquençage](#)

10 Résultat(s)

Code sous-projet	Nom sous-projet	Nombre de bases	Pourcentage sur dix projets	Pourcentage sur cette année
BUP	Coral_MetaG	13 635 649 980 552	30.33 %	17.51 %
CKX	Bucephale_payant	8 576 587 697 284	19.08 %	11.01 %
CGX	Bucephale_genomes	5 305 187 653 352	11.80 %	6.81 %
CMK	Cacao_Reséquençage	3 765 194 845 804	8.38 %	4.84 %
CKS	Hêtre_RNA_genotypage	2 765 089 520 630	6.15 %	3.55 %
CLP	reseq_pop_ADN_hêtre	2 642 479 874 116	5.88 %	3.39 %
CCA	Amaizing_URGV	2 350 490 209 830	5.23 %	3.02 %
CGC	WheatOMICS_RNAseq	2 121 826 696 628	4.72 %	2.72 %
BUT	Fish_MetaG	1 903 236 543 218	4.23 %	2.44 %
CCQ	Water_DNA	1 891 060 487 286	4.21 %	2.43 %

Propriété	Valeur	Pourcentage
Total des 10 premiers projets	44 956 783 508 680	57,73 %
Somme totale de cette année :	77 871 048 582 068	100 %

Bilan des 10 premiers projets de cette année



BILAN / TYPE ÉCHANTILLON

[Bilan par trimestre](#)
[Bilan par type séquençage](#)
[Bilan des 10 premiers projets de cette année](#)
[Bilan par type d'échantillon *](#)
[Bilan mensuel par type séquençage](#)

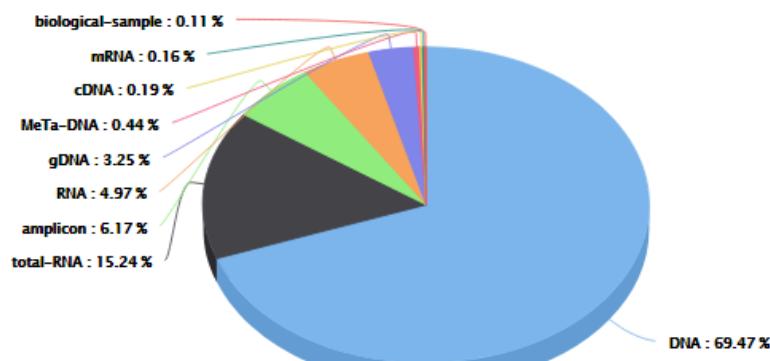
* Les readsets en cours de Read Generation ont le type d'échantillon 'non défini' tant que le transfert n'est pas terminé.

9 Résultat(s)

Catégorie d'échantillon	Type d'échantillon	Nombre de bases	Pourcentage
DNA	ADN	54 087 373 716 658	69.46 %
RNA	ARN total	11 870 155 582 668	15.24 %
amplicon	Amplicon	4 802 060 868 926	6.17 %
RNA	ARN	3 870 553 239 244	4.97 %
DNA	ADN Génomique	2 534 488 379 596	3.25 %
DNA	ADN Métagénomique	344 522 636 744	0.44 %
cDNA	cDNA	147 723 974 064	0.19 %
RNA	ARNm	127 571 986 174	0.16 %
environmental-samples	Echantillon biologique	86 598 217 992	0.11 %

Propriété	Valeur
Somme :	77 871 048 582 066

Bilan par type d'échantillon *


[Highcharts.com](#)


BILAN MENSUEL PAR TYPE DE SÉQUENÇAGE

Bilan par trimestre

Bilan par type séquençage

Bilan des 10 premiers projets de cette année

Bilan par type d'échantillon *

Bilan mensuel par type séquençage

14 Résultat(s)

Mois run	NovaSeq 6000	HiSeq 2500	MiSeq	HiSeq 4000	HiSeq 2500 rapide	Nb. en échec	Total (runs internes hors échec)
Janvier	2	0 [+9 externe]	0	9	3	0	14
Février	1	0	3	7	1	0	12
Mars	1	0 [+2 externe]	6	6	0	0	13
Avril	3	0	6	6	2	0	17
Mai	2	0	2	4	3	0	11
Juin	3	1 [+6 externe]	6	6	2	0	18
Juillet	3	0 [+2 externe]	6	6	3	0	18
Août	3	0	6	5	0	0	14
Septembre	4	0	4	3	2	0	13
Octobre	4	0 [+2 externe]	10	5	1 (+1 en échec)	1	20
Novembre	2	0 [+4 externe]	1	2	1	0	6
Décembre	0	0	0	0	0	0	0
Total (runs internes hors échec)	28	1	50	59	18		
Total (runs externes)	0	25	0	0	0		

Propriété

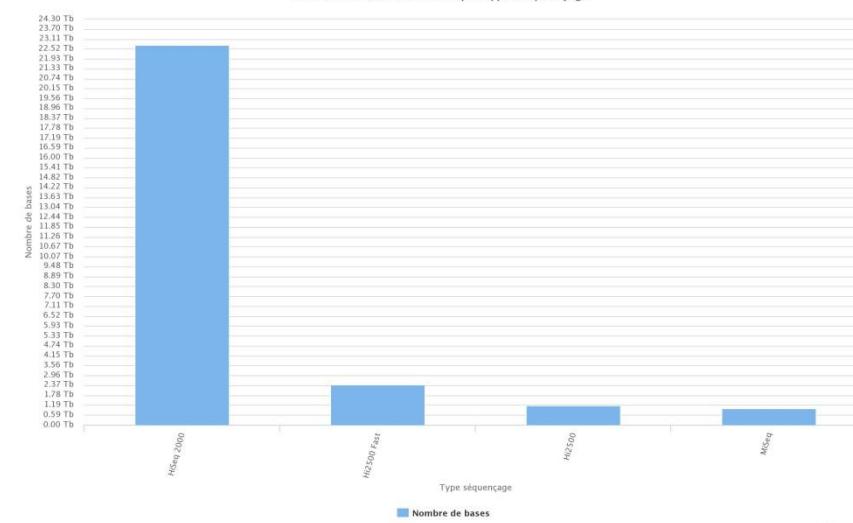
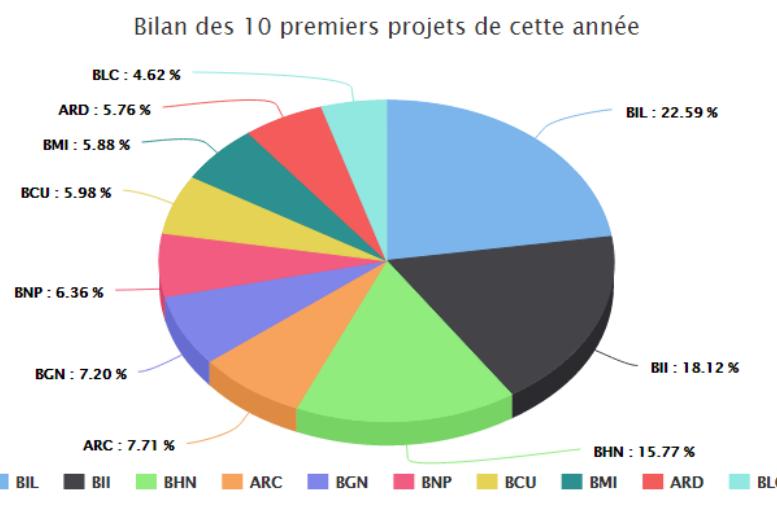
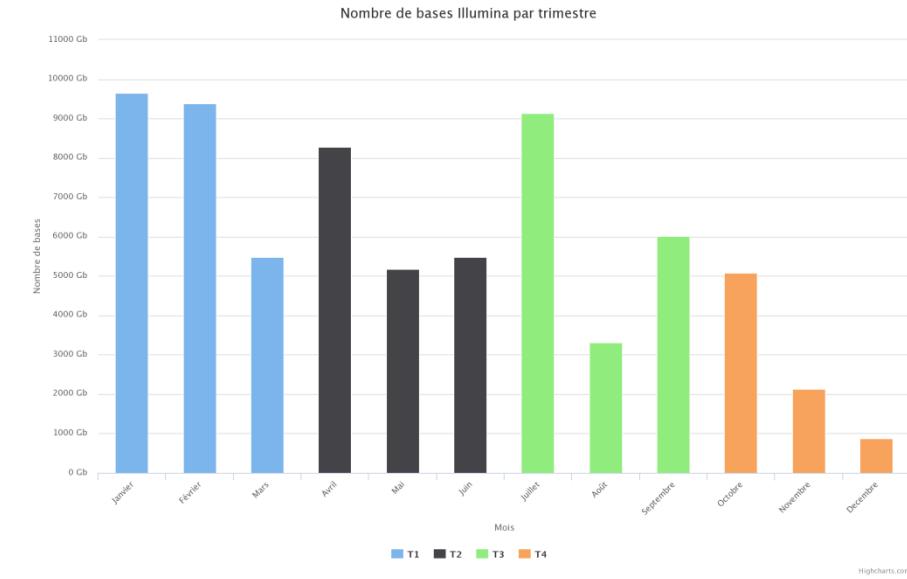
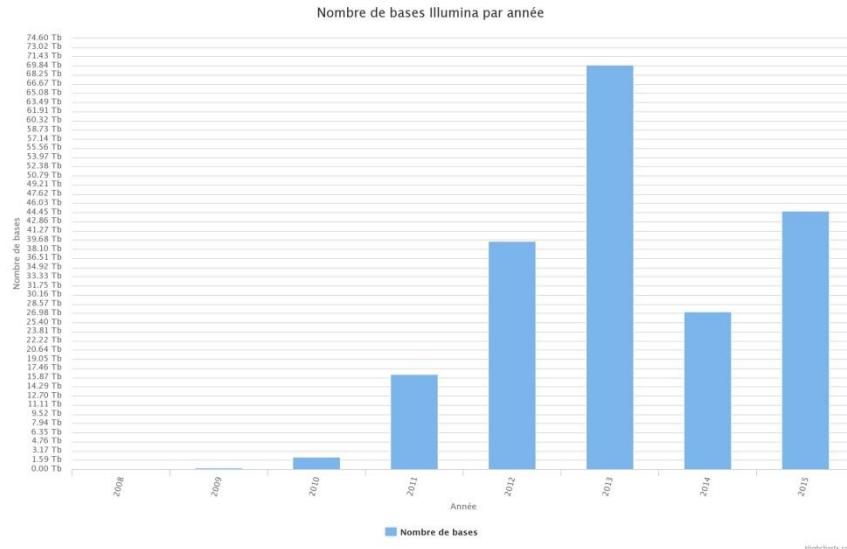
Valeur

Somme :

182



BILANS D'ACTIVITÉ / BILANS DE PRODUCTION



BILANS D'ACTIVITÉ / BILANS DE PRODUCTION

Bilan par trimestre

Bilan par type séquençage

Bilan des 10 premiers projets de cette année

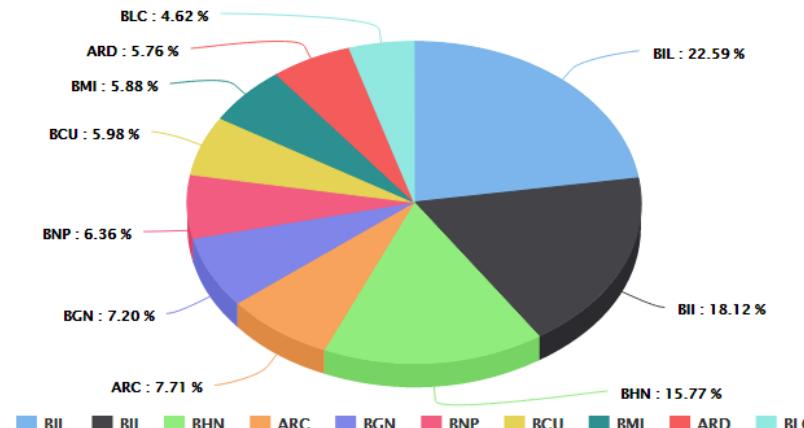
Bilan par type d'échantillon *

10 Résultat(s)

Code sous-projet	Nom sous-projet	Nombre de bases	Pourcentage sur dix projets	Pourcentage sur cette année
BIL	Leptolife	6 850 246 595 057	22,59 %	15,34 %
BII	MetaT_St_Prot_R_P	5 495 099 043 624	18,12 %	12,31 %
BHN	MetaG_St_Prot_P	4 781 871 272 316	15,77 %	10,71 %
ARC	MetaT_St_Protist_T	2 338 607 673 164	7,71 %	5,24 %
BGN	PhyloAlps	2 183 559 211 055	7,2 %	4,89 %
BNP	DNAcline_Latitudinal	1 929 642 352 770	6,36 %	4,32 %
BCU	African_rices	1 812 485 859 017	5,98 %	4,06 %
BMI	MetaG_St_Bact_P	1 781 449 172 668	5,88 %	3,99 %
ARD	MetaT_St_Protist_R	1 745 927 220 631	5,76 %	3,91 %
BLC	PEAMust-2	1 400 754 796 413	4,62 %	3,14 %

Propriété	Valeur	Pourcentage
Total des 10 premiers projets	30 319 643 196 715	67,9 %
Somme totale de cette année :	44 652 714 122 068	100 %

Bilan des 10 premiers projets de cette année



BILANS NANOPORE

BILAN GÉNÉRAL NANOPORE

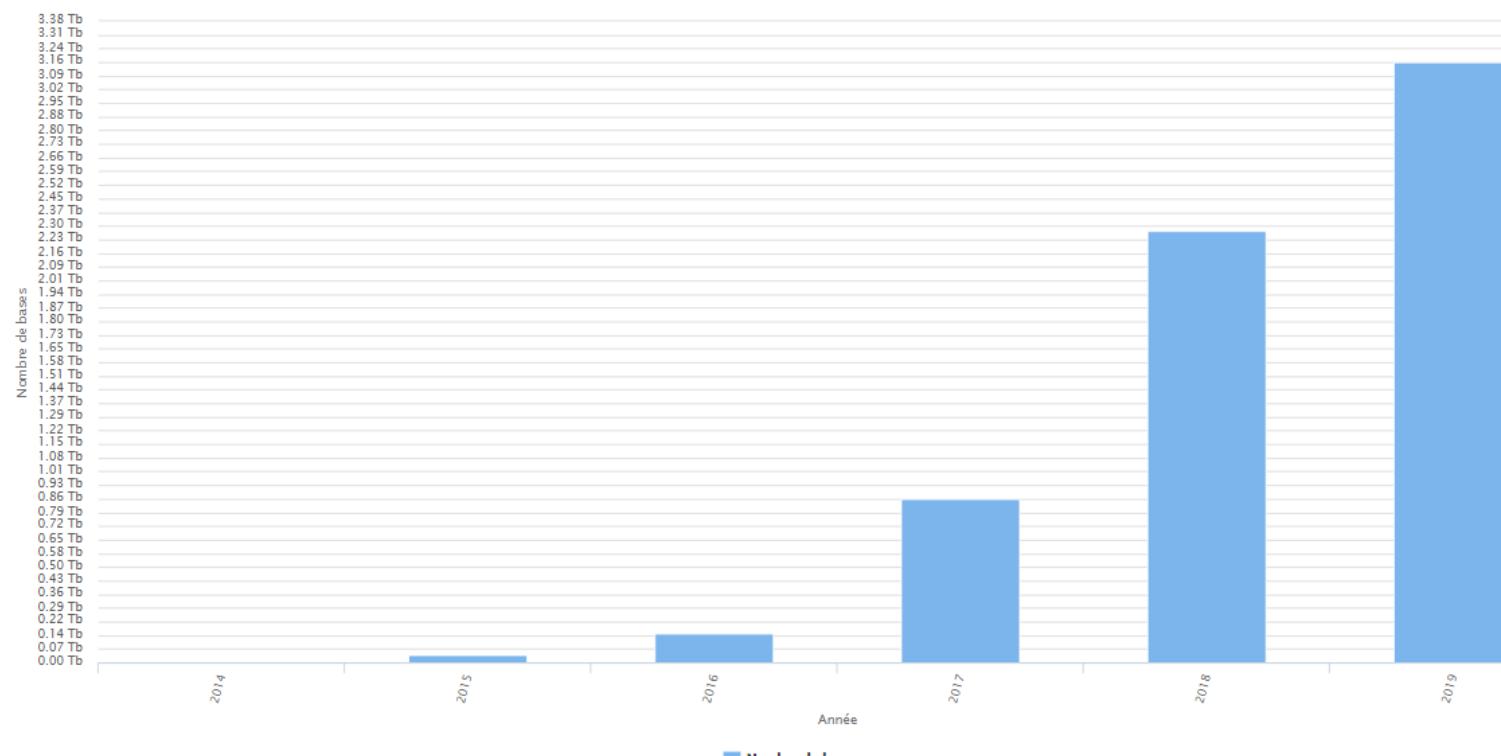
6 Résultat(s)

Bilan général
Année 2019
Année 2018
Année 2017
Année 2016
Année 2015
Année 2014

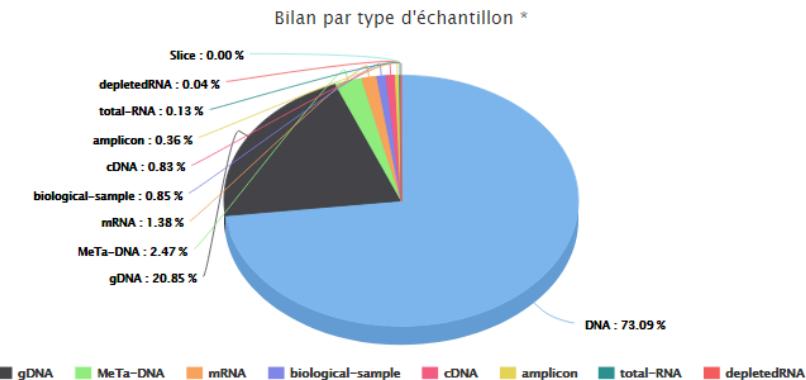
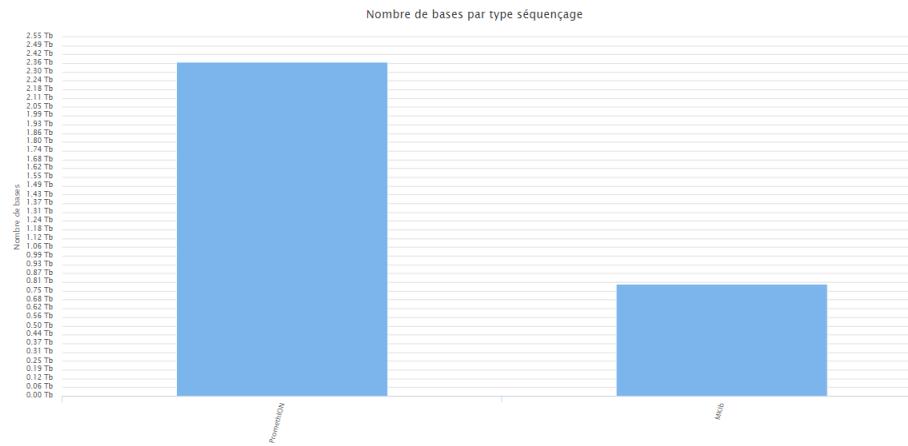
Année run	Nombre de bases
2014	642 624 534
2015	37 894 870 229
2016	153 678 882 935
2017	860 189 753 416
2018	2 274 117 473 741
2019	3 165 122 296 594

Propriété	Valeur
Somme :	6 491 645 901 449

Nombre de bases par année



BILANS PAR ANNÉE (NANOPORE)



Bilan par trimestre	Bilan par type séquençage	Bilan des 10 premiers projets de cette année	Bilan par type d'échantillon *	Bilan mensuel par type séquençage
---------------------	---------------------------	--	--------------------------------	-----------------------------------

Mois run	MKib	PromethION	Nb. en échec	Total (runs internes hors échec)
Janvier	12	14	0	26
Février	10	14 (+6 en échec)	6	24
Mars	13	13 (+1 en échec)	1	26
Avril	11 (+1 en échec)	11 (+2 en échec)	3	22
Mai	18	10	0	28
Juin	9	9	0	18
Juillet	25 (+1 en échec)	7	1	32
4	1	0	5	
Septembre	6	12	0	18
Octobre	14	11 (+2 en échec)	2	25
Novembre	3	5	0	8
Décembre	0	0	0	0
Total (runs internes hors échec)	125	107		

Propriété	Valeur
Somme :	245



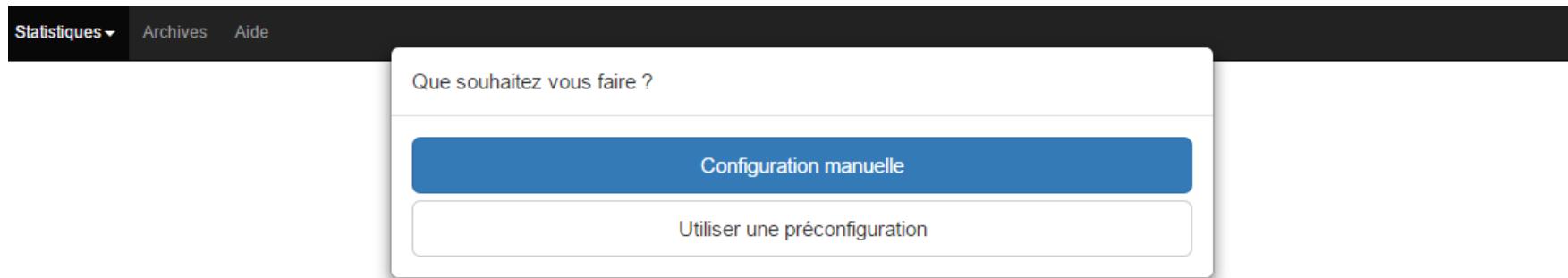
13 Résul

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 REPRÉSENTATIONS 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'. Below them is a blue button labeled '+ Sauvegarder le choix de la représentation graphique et l'ajouter à la liste'. A callout box points to this button. Below these controls is a table titled 'Liste des représentations graphiques enregistrées' (Registered representation graphs list). The table has columns for 'Propriété', 'Type', 'Paramètres', and 'Nombre de Résultats'. Two rows are visible:

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

A blue dashed box highlights the first row of the table. To the right of the table, another table titled 'Sélection readsets - Requête enregistrée' is shown, with a single result row. The bottom right corner of the interface shows 'Taille (10)' and '1 Résultat(s)'.

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

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

Avec x : valeur de la propriété d'un échantillon

m : moyenne de la population

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

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



VISUALISER LES GRAPHIQUES

➤ Visualiser les graphiques

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

Selectionner des Readsets Tableau résultats

Configuration Statistiques

Visualiser les Graphiques

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

1 2 3 Taille (10) ▾ 26 Résultat(s)

Z-score : Nb Séquences utiles

Z-score : % Bacteria

% Duplicates Pairs

Readset	% Duplicates Pairs
1	0.5
2	0.4
3	0.5
4	0.6
5	0.5
6	0.4
7	0.5
8	0.4
9	0.5
10	0.4
11	0.5
12	0.4
13	0.5
14	0.4
15	0.5
16	0.4
17	0.5
18	0.4
19	0.5
20	0.4
21	0.5
22	0.4
23	0.5
24	0.4
25	0.5
26	0.4
27	0.5
28	0.4
29	0.5
30	0.4
31	0.5
32	0.4
33	0.5
34	0.4
35	0.5
36	0.4
37	0.5
38	0.4
39	0.5
40	0.4
41	0.5
42	0.4
43	0.5
44	0.4
45	0.5
46	0.4
47	0.5
48	0.4
49	0.5
50	0.4
51	0.5
52	0.4
53	0.5
54	0.4
55	0.5
56	0.4
57	0.5
58	0.4
59	0.5
60	0.4
61	0.5
62	0.4
63	0.5
64	0.4
65	0.5
66	0.4
67	0.5
68	0.4
69	0.5
70	0.4
71	0.5
72	0.4
73	0.5
74	0.4
75	0.5
76	0.4
77	0.5
78	0.4
79	0.5
80	0.4
81	0.5
82	0.4
83	0.5
84	0.4
85	0.5
86	0.4
87	0.5
88	0.4
89	0.5
90	0.4
91	0.5
92	0.4
93	0.5
94	0.4
95	0.5
96	0.4
97	0.5
98	0.4
99	0.5
100	0.4
101	0.5
102	0.4
103	0.5
104	0.4
105	0.5
106	0.4
107	0.5
108	0.4
109	0.5
110	0.4
111	0.5
112	0.4
113	0.5
114	0.4
115	0.5
116	0.4
117	0.5
118	0.4
119	0.5
120	0.4
121	0.5
122	0.4
123	0.5
124	0.4
125	0.5
126	0.4
127	0.5
128	0.4
129	0.5
130	0.4
131	0.5
132	0.4
133	0.5
134	0.4
135	0.5
136	0.4
137	0.5
138	0.4
139	0.5
140	0.4
141	0.5
142	0.4
143	0.5
144	0.4
145	0.5
146	0.4
147	0.5
148	0.4
149	0.5
150	0.4
151	0.5
152	0.4
153	0.5
154	0.4
155	0.5
156	0.4
157	0.5
158	0.4
159	0.5
160	0.4
161	0.5
162	0.4
163	0.5
164	0.4
165	0.5
166	0.4
167	0.5
168	0.4
169	0.5
170	0.4
171	0.5
172	0.4
173	0.5
174	0.4
175	0.5
176	0.4
177	0.5
178	0.4
179	0.5
180	0.4
181	0.5
182	0.4
183	0.5
184	0.4
185	0.5
186	0.4
187	0.5
188	0.4
189	0.5
190	0.4
191	0.5
192	0.4
193	0.5
194	0.4
195	0.5
196	0.4
197	0.5
198	0.4
199	0.5
200	0.4
201	0.5
202	0.4
203	0.5
204	0.4
205	0.5
206	0.4
207	0.5
208	0.4
209	0.5
210	0.4
211	0.5
212	0.4
213	0.5
214	0.4
215	0.5
216	0.4
217	0.5
218	0.4
219	0.5
220	0.4
221	0.5
222	0.4
223	0.5
224	0.4
225	0.5
226	0.4
227	0.5
228	0.4
229	0.5
230	0.4
231	0.5
232	0.4
233	0.5
234	0.4
235	0.5
236	0.4
237	0.5
238	0.4
239	0.5
240	0.4
241	0.5
242	0.4
243	0.5
244	0.4
245	0.5
246	0.4
247	0.5
248	0.4
249	0.5
250	0.4
251	0.5
252	0.4
253	0.5
254	0.4
255	0.5
256	0.4
257	0.5
258	0.4
259	0.5
260	0.4
261	0.5
262	0.4
263	0.5
264	0.4
265	0.5
266	0.4
267	0.5
268	0.4
269	0.5
270	0.4
271	0.5
272	0.4
273	0.5
274	0.4
275	0.5
276	0.4
277	0.5
278	0.4
279	0.5
280	0.4
281	0.5
282	0.4
283	0.5
284	0.4
285	0.5
286	0.4
287	0.5
288	0.4
289	0.5
290	0.4
291	0.5
292	0.4
293	0.5
294	0.4
295	0.5
296	0.4
297	0.5
298	0.4
299	0.5
300	0.4
301	0.5
302	0.4
303	0.5
304	0.4
305	0.5
306	0.4
307	0.5
308	0.4
309	0.5
310	0.4
311	0.5
312	0.4
313	0.5
314	0.4
315	0.5
316	0.4
317	0.5
318	0.4
319	0.5
320	0.4
321	0.5
322	0.4
323	0.5
324	0.4
325	0.5
326	0.4
327	0.5
328	0.4
329	0.5
330	0.4
331	0.5
332	0.4
333	0.5
334	0.4
335	0.5
336	0.4
337	0.5
338	0.4
339	0.5
340	0.4
341	0.5
342	0.4
343	0.5
344	0.4
345	0.5
346	0.4
347	0.5
348	0.4
349	0.5
350	0.4
351	0.5
352	0.4
353	0.5
354	0.4
355	0.5
356	0.4
357	0.5
358	0.4
359	0.5
360	0.4
361	0.5
362	0.4
363	0.5
364	0.4
365	0.5
366	0.4
367	0.5
368	0.4
369	0.5
370	0.4
371	0.5
372	0.4
373	0.5
374	0.4
375	0.5
376	0.4
377	0.5
378	0.4
379	0.5
380	0.4
381	0.5
382	0.4
383	0.5
384	0.4
385	0.5
386	0.4
387	0.5
388	0.4
389	0.5
390	0.4
391	0.5
392	0.4
393	0.5
394	0.4
395	0.5
396	0.4
397	0.5
398	0.4
399	0.5
400	0.4
401	0.5
402	0.4
403	0.5
404	0.4
405	0.5
406	0.4
407	0.5
408	0.4
409	0.5
410	0.4
411	0.5
412	0.4
413	0.5
414	0.4
415	0.5
416	0.4
417	0.5
418	0.4
419	0.5
420	0.4
421	0.5
422	0.4
423	0.5
424	0.4
425	0.5
426	0.4
427	0.5
428	0.4
429	0.5
430	0.4
431	0.5
432	0.4
433	0.5
434	0.4
435	0.5
436	0.4
437	0.5
438	0.4
439	0.5
440	0.4
441	0.5
442	0.4
443	0.5
444	0.4
445	0.5
446	0.4
447	0.5
448	0.4
449	0.5
450	0.4
451	0.5
452	0.4
453	0.5
454	0.4
455	0.5
456	0.4
457	0.5
458	0.4
459	0.5
460	0.4
461	0.5
462	0.4
463	0.5
464	0.4
465	0.5
466	0.4
467	0.5
468	0.4
469	0.5
470	0.4
471	0.5
472	0.4
473	0.5
474	0.4
475	0.5
476	0.4
477	0.5
478	0.4
479	0.5
480	0.4
481	0.5
482	0.4
483	0.5
484	0.4
485	0.5
486	0.4
487	0.5
488	0.4
489	0.5
490	0.4
491	0.5
492	0.4
493	0.5
494	0.4
495	0.5
496	0.4
497	0.5
498	0.4
499	0.5
500	0.4
501	0.5
502	0.4
503	0.5
504	0.4
505	0.5
506	0.4
507	0.5
508	0.4
509	0.5
510	0.4
511	0.5
512	0.4
513	0.5
514	0.4
515	0.5
516	0.4
517	0.5
518	0.4
519	0.5
520	0.4
521	0.5
522	0.4
523	0.5
524	0.4
525	0.5
526	0.4
527	0.5
528	0.4
529	0.5
530	0.4
531	0.5
532	0.4
533	0.5
534	0.4
535	0.5
536	0.4
537	0.5
538	0.4
539	0.5
540	0.4
541	0.5
542	0.4
543	0.5
544	0.4
545	0.5
546	

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.

Selectionner des Readsets

Tableau résultats

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

1 2 3 Taille (10) ▾ 26 Résultat(s)

Visualiser les Graphiques

Z-score : Nb Séquences utiles

Z-score : % Bacteria

% Duplicates Pairs

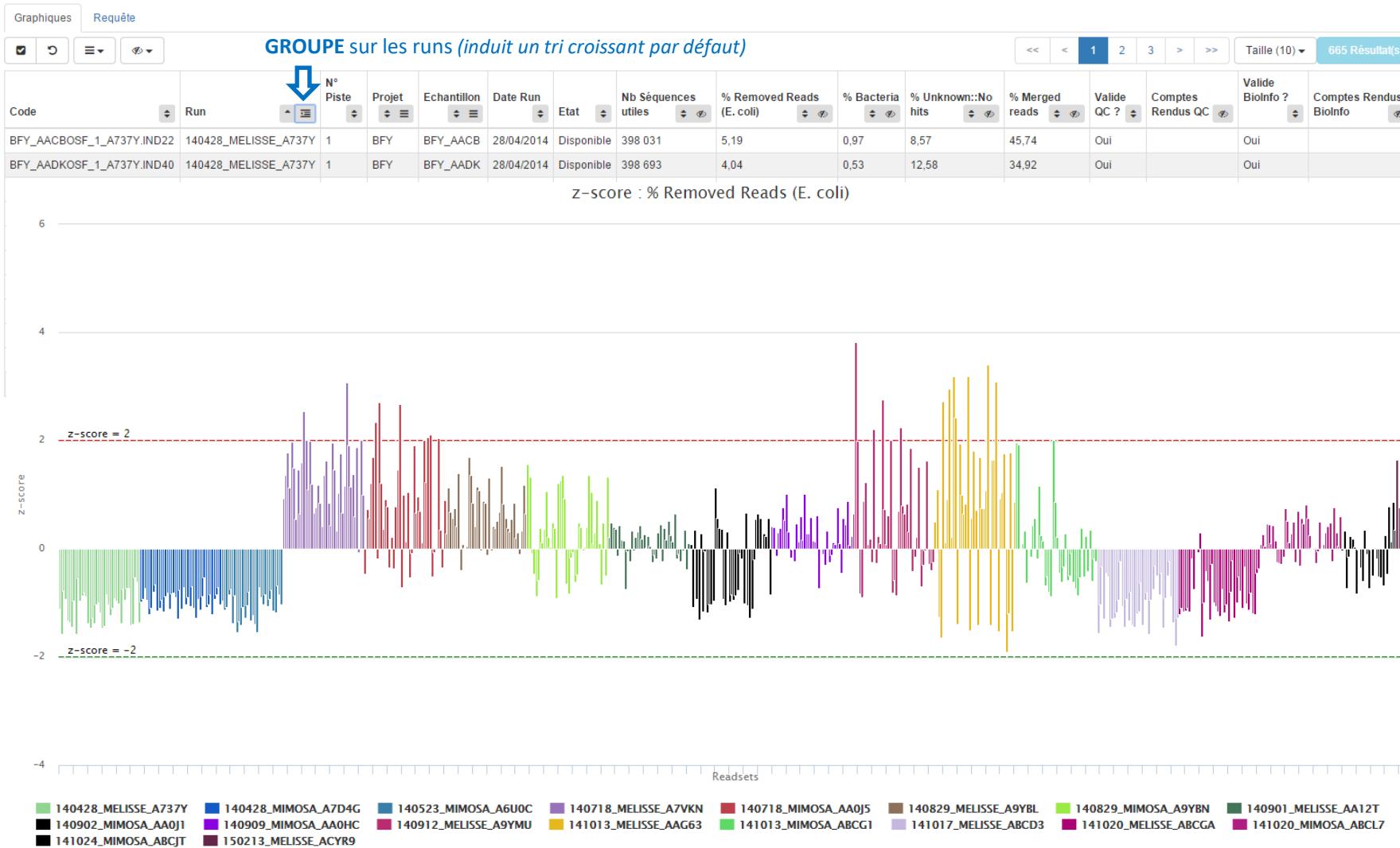
Représentations graphiques choisies dans « configuration des statistiques »

TRI sur % duplicates pairs croissant (exemple)



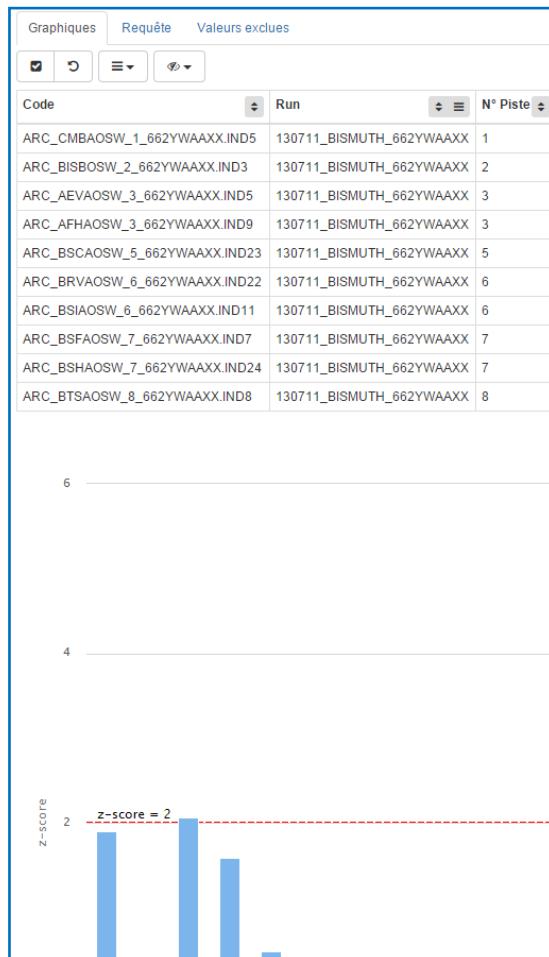
VISUALISER DES SÉRIES EN GROUPANT SUR DES COLONNES DU TABLEAU

- 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_ABAEOSW_2_D0KDVACXX.IND8
• ARC_ABAAEOSW_6_C19BDACXX.IND8
• ARC_ABBAOSW_8_D0C38ACXX.IND1
• ARC_ABBBOSW_8_D0C38ACXX.IND9
• ARC_ABKBOSW_2_C18DKACXX.IND2
• ARC_ABKBOSW_2_D0KDVACXX.IND2
• ARC_ABLAOSW_2_C1J54ACXX.IND11
• ARC_ABLAOSW_2_D0KDVACXX.IND11
• ARC_ABPAOSW_2_D0KDVACXX.IND5
• ARC_ABPAOSW_7_D1J49ACXX.IND5
• ARC_ABQAOSW_3_D0KDVCACXX.IND4
• ARC_ABQAOOSW_5_D1J49ACXX.IND4
• ARC_ABRAOSW_3_D1LP0ACXX.IND1
• ARC_ABRAOSW_4_COBULACXX.IND1
• ARC_ABRAOSW_5_C0C3YACXX.IND1
• ARC_ABSAOSW_1_C36Y1ACXX.IND2
• ARC_ABSAOSW_4_COBULACXX.IND2
• ARC_ABSAOSW_5_C0C3YACXX.IND2



Statistiques > Readsets

PRÉ-CONFIGURATION



SÉLECTIONNER UNE CONFIGURATION ET VISUALISER LES GRAPHIQUES

- Sélectionner une configuration.

Visualiser les Graphiques

Sélect. une configuration.

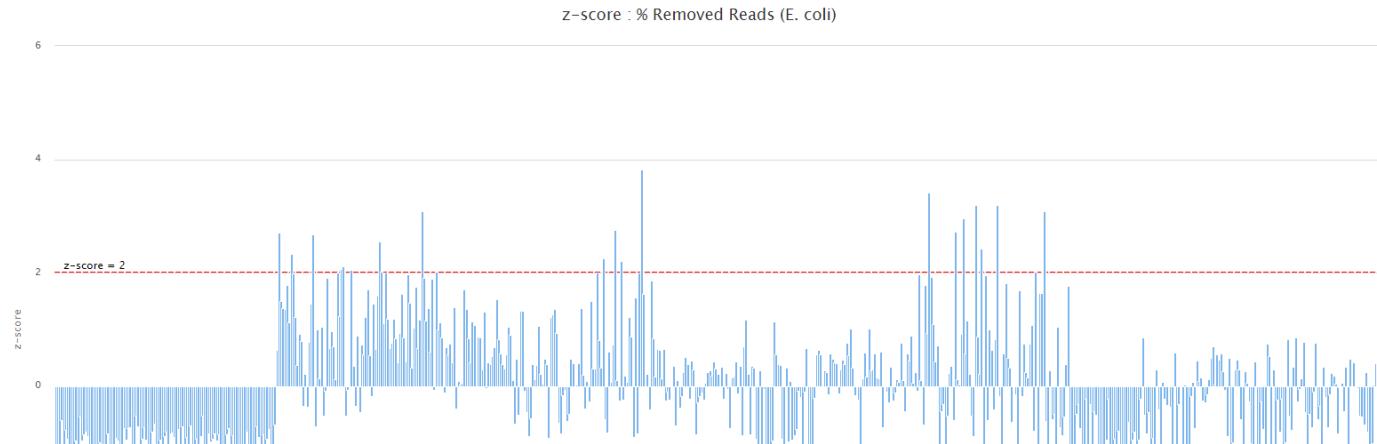
- Configuration BFY Mate-Pair
- Configuration BFY Paired-End
- Configuration BFZ Paired-End
- Configuration BFZ Mate-Pair

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

Graphiques Requête

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

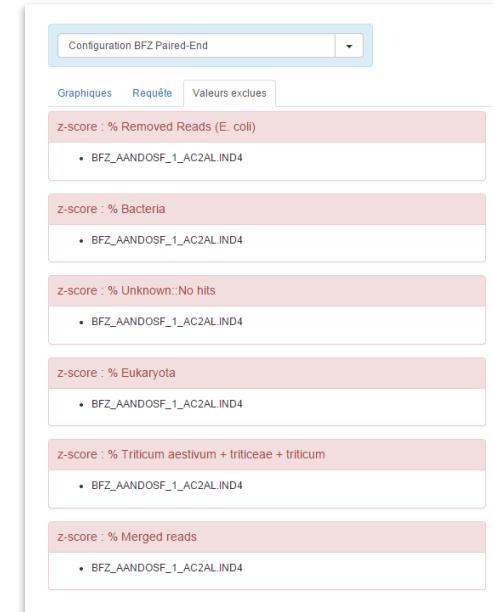
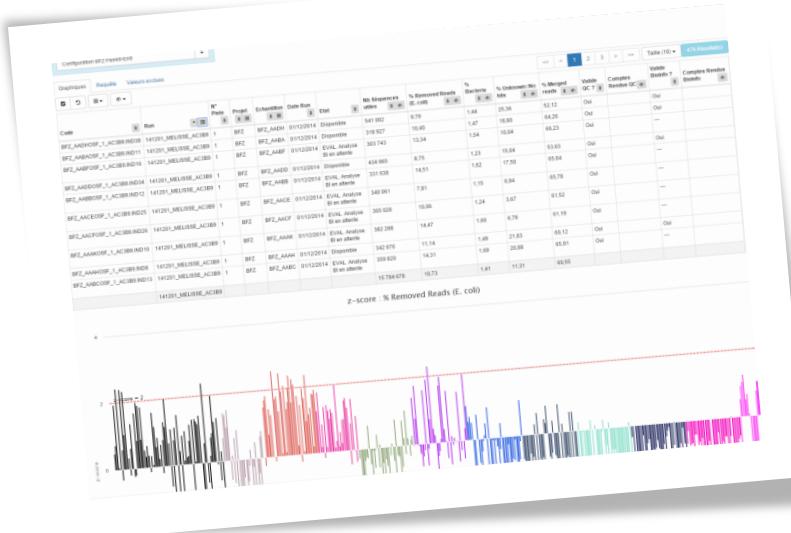
Code	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Date Run	Etat	Nb Séquences utiles	% Removed Reads (E. coli)	% Bacteria	% Unknown::No hits	% Merged reads	Validé QC ?	Comptes Rendus QC	Validé BioInfo ?	Comptes Rendus BioInfo
BFY_AAGHOSF_1_A7D4G.IND28	140428_MIMOSA_A7D4G	1	BFY	BFY_AAGH	28/04/2014	EVAL Analyse Bi en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



*spec. sur Alfresco :
<https://intra.institut-genomique.fr/share/page/site/ng/I/documentlibrary#filter=path%2FSp%C3%A9cification%2FTraitements%2FPr%C3%A9configurations%20statistiques>

TRIS, GROUPES SUR LE TABLEAU ET INTERACTIONS AVEC LES GRAPHIQUES

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



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"> • 180115_MARIECURIX_H5TCYDMXX • 180117_PANORAMIX_HFK5NCCXY • 180117_PANORAMIX_HG7J5CCXY 	

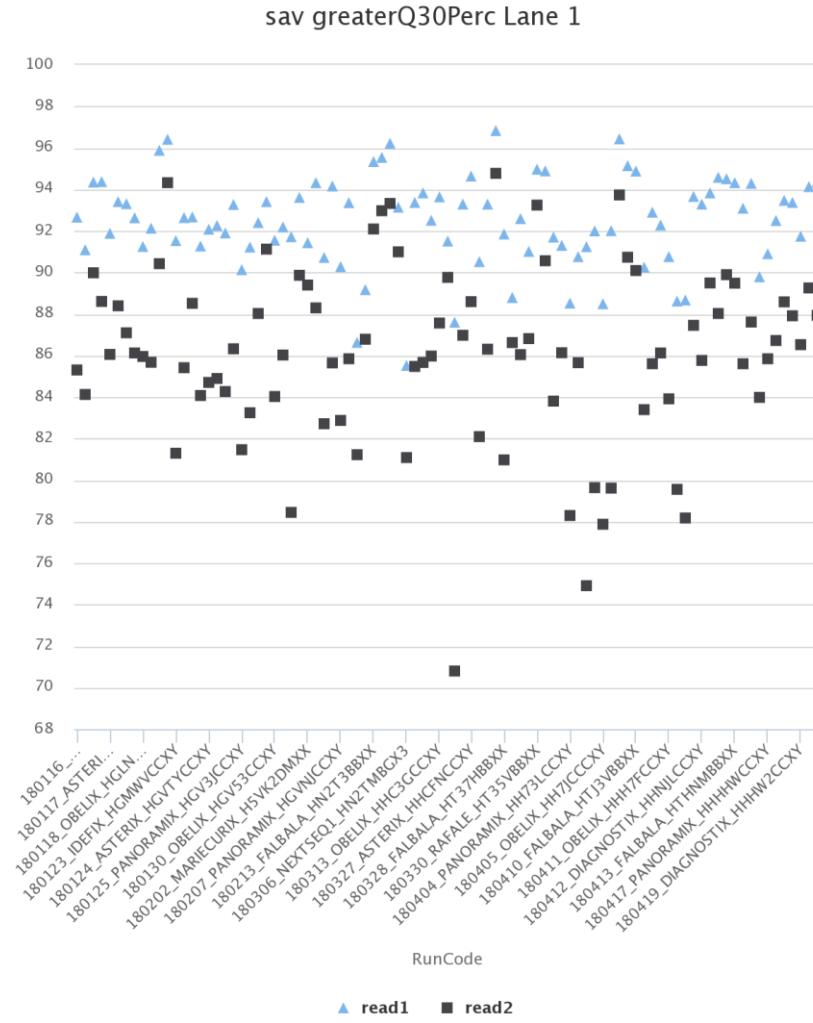
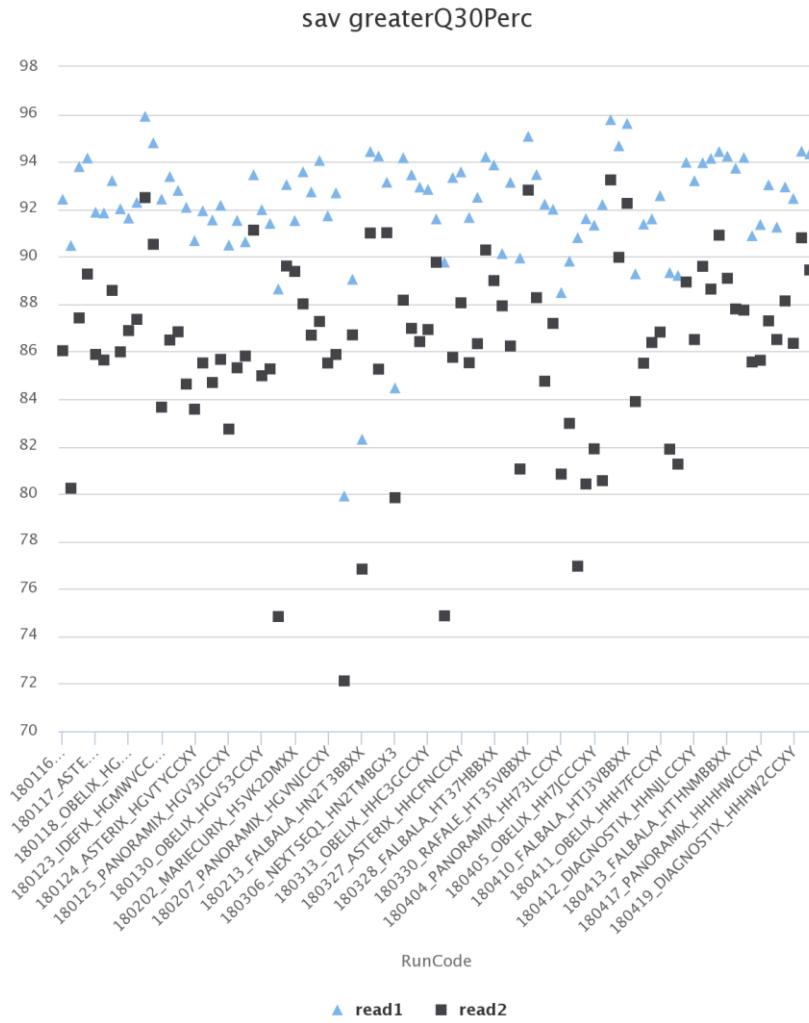
L'onglet « Graphiques » affiche le tableau résultat...

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 application interface. At the top, there is a dark header bar with the text "NGL-BI" on the left and four menu items: "Evaluation", "Runs", "Readsets", and "Archives". Below this, there 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



Données ngsrg [RUN]

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

Partie évaluation RUN

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

Onglets traitements [LANES]

→ SAV NGS-RG

#	Nb Cycles	Nb Clusters	% Clusters filtrés (illumina)	Nb Cluster filtrés (illumina)	% Séquences filtrées (interne)	Nb Séquences (filtre illumina + interne)	Nb Bases (filtre illumina + interne)	% Perte
1	101,101	189,116,299	93.4	176,641,897	99.26	175,327,073	35,416,068,746	1.9
2	101,101	153,970,984	93.99	144,714,120	98.99	143,245,849	28,935,661,498	7
3	101,101	147,022,449	94.36	138,725,497	96.36	133,673,081	27,001,962,362	7.07
4	101,101	143,428,210	94.28	135,228,393	98.63	133,376,759	26,942,105,318	6.94
5	101,101	161,139,741	93.65	150,911,677	98.8	149,102,517	30,118,708,434	6.83
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

Récapitulatif des lots de séquences sur la FC et métriques importantes

ReadSets (10)

Sélectionnez des lanes

Voir ReadSets Évaluer ReadSets

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



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 Position Flowcell: A Type d'Instrument: HISEQ2000
 Critères: Problème machine Nb Clusters filt. (total): 1,627,640,831
 Evalué par: indéterminé 76,933,679
 Détails évaluation: chiller pelletier fluidique laser camera lentille pb de vide PE module cBot
 NGS-RG Résolutions Pistes

Catégorie de résolutions

Résolutions

#	Nb Cycles	Nb Clusters	%
1	101,101	216,662,095	98.9
2	101,101	245,577,871	99.07
3	101,101	263,532,461	99.25
4	101,101	212,944,243	98.95
5	101,101	198,563,806	98.9
6	101,101	197,800,988	98.91
7	101,101	196,424,310	98.81
8	101,101	192,494,459	98.87

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

Readsets (44)



ÉVALUATION LANES : CHOIX DES RÉSOLUTIONS

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

NGL-BI Evaluation ▾ Runs ▾ Readsets ▾ Archives ngsrg

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

Code : 140122_CARBONE_C37T3ACXX Type : RHS2000 Nb Cycles : 209 Version RTA : 1.13.48
 Etat : Evaluation terminée Nb Clusters (total) : 1,724,000,233 Ligne Contrôle : 0 Version Flowcell : HiSeq Flow Cell v3
 Valide ? : Oui % Clusters filt. (moyenne) : 94.41 Code Flowcell : C37T3ACXX Code Instrument : CARBONE
 Comptes Rendus : rehb primer R1,densité 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 : ...

NGS-RG								Pistes		
#	Nb Cycles	Nb Clusters	% Clusters filtrés (illumina)	Nb Cluster filtrés (illumina)	% Séquences filtrées (interne)	Nb Séquences (filtre illumina + interne)	Nb Bases (filtre illumina + interne)	% Perte		
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	188,563,806	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 →

#	Valide ?	Comptes Rendus
1	Non	fluidique
3	Oui	
4	Non	
5	Oui	
6	...	
7	Non	
8	Oui	

Résolutions

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

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



RUN > HIGHLIGHT ET CRITÈRES D'ÉVALUATION

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

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

140523_MIMOSA_A6U0C Evaluation en attente

Sauvegarder Annuler

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

Métriques à tester

NGS-RG

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

Pistes

#	Validé ?	Comptes Rendus
1	-	

Readsets (30)

Sélect. des lanes

Voir Readsets Evaluer Readsets

N° Piste	Code	Etat	% déposé	% Séquences valides / piste	Nb Séquences valides	Nb Bases	% >= Q30	Score Qualité moyen	Valide QC ?	Valide BiolInfo ?
1	BFY_AAHFOSF_1_A6U0C.IND18	EVAL, Analyse BI en attente	3.40	3.32	643,585	387,438,170	82.01	32.76	Oui	---
1	BFY_AAGHOSF_1_A6U0C.IND28	EVAL, Analyse BI en attente	3.30	1.80	348,375	209,721,750	83.76	33.27	Oui	---
1	BFY_AAGEOSF_1_A6U0C.IND25	EVAL, Analyse BI en attente	3.30	3.45	668,756	402,591,112	84.47	33.50	Oui	---
1	BFY_AADBOSF_1_A6U0C.IND32	EVAL, Analyse BI en attente	3.30	5.40	1,047,739	630,738,878	82.87	33.05	Oui	---
1	BFY_AAFAOSF_1_A6U0C.IND11	EVAL, Analyse BI en attente	3.40	2.93	568,223	342,070,246	81.56	32.66	Oui	---
1	BFY_AADAOSF_1_A6U0C.IND31	EVAL, Analyse BI en attente	3.30	5.33	1,033,591	622,221,782	82.81	33.04	Oui	---
1	BFY_AGGOSF_1_A6U0C.IND27	EVAL, Analyse BI en attente	3.30	2.78	539,902	325,021,004	84.95	33.66	Oui	

PAGE 108



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.

140108_CARBONE_C39G9ACXX Evaluation terminée

Code	Type	Nb Cycles	Version RTA
140108_CARBONE_C39G9ACXX	RH02000	209	1.13.40
Etat	Evaluation terminée	Nb Clusters (total)	Ligne Contrôle
Véifié	Oui	1.841.094.019	4
% Clusters BH (moyenne)	92.12	Version Freadwell	Hilite Flow Cell v3
Comptes Rendus		Code Freadwell	C39G9ACXX
Critères		Code Instrument	CARBONE
Évalué par	lma (19/01/2010)	Position Freadwell	A
Détails évaluation		Type d'Instrument	HISEQ2000

NGS-RG

#	Nb Cycles	Nb Clusters	% Clusters BHs (terminé)	Nb Cluster BHs (terminé)	% Séquences BHs (terminé)	Nb Séquences (BHs terminé + interne)	Nb Séquences (BHs terminé + interne)	Nb Bases (BHs terminé + interne)	% Perre	#	Validé ?	Complex Rendus
1	101.101	210.413.200	91.05	211.017.345	99.25	210.391.797	210.391.797	43.698.070.800	3.31	4	Oui	
2	101.101	229.170.340	92.54	212.110.807	99.19			43.499.142.804	3.95	2	Oui	
3	101.101	251.083.175	91.27	209.037.324	99.20	227.335.054	227.335.054	45.801.680.808	2.41	3	Oui	
4	101.101	230.422.505	92.24	217.145.424	99.22	215.450.494	215.450.494	43.520.099.788	2.32	4	Oui	
5	101.101	220.000.071	92.1	203.147.225	99.19	201.502.689	201.502.689	40.763.545.198	1.54	5	Oui	
6	101.101	230.303.340	91.64	216.449.629	99.34	217.002.284	217.002.284	43.834.491.398	1.92	6	Oui	
7	101.101	200.887.164	94.16	189.258.512	99.21	187.754.007	187.754.007	37.826.309.414	1.43	7	Oui	
8	101.101	241.993.005	91.5	221.418.632	99.35	219.973.823	219.973.823	44.474.712.240	1.98	8	Oui	

Readsets (42)

Sélectionnez des bases

N° Prise	Code	Etat	% dépend	% Séquences valides / prise	Nb Séquences valides	Nb Bases	% == Q30	Score Qualité moyen	Validé QC ?	Validé Biobte ?
1	ARD_BB_SAC00K_1_C39G9ACXX.IND1	Contrôle qualité en attente	07.39	206.195.848	41.011.561.208	89.84	34.60	—	—	—

BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible

Code	Type	Nb Séquences valides	Nb Bases valides	Référence
BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2	RH02000	200.311.306	39.920.324.498	Run / Nº Piste 140108_CARBONE_C39G9ACXX / 2
Etat	Disponible	Nb Séquences valides	Nb Bases valides	Type de Run
Véifié	Non	Nb Clusters	Nb Clusters	Nb Cycles
Comptes Rendus QC	Problème qualité Q30 duplicat > 20	Validé Biobte ?	Validé Biobte ?	Validé Biobte ?
Critères QC	Default	Évalué par	Évalué par	Évalué par
Évalué par	ngrg (10/03/2014)	ngrg (10/03/2014)	ngrg (10/03/2014)	ngrg (10/03/2014)
Détails évaluation	commentaires suppl. sur l'évaluation			

NGS-RG

Sample input	Non-chimeric aligned reads	FR (PE) aligned reads	FR (MP) aligned reads	FF aligned reads	RR aligned reads	Trans aligned reads	Single aligned reads
Number	40.000	35.428	30.938	30	32	4.044	1.358
% total reads	100	91.10%	77.30 %	0.10 %	0.10 %	10.10 %	3.40 %

Référence

Données

Graphiques

| PAGE 110

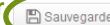
READSET – ÉVALUATION

NOM du lot de séquence →

Code couleur : valide, non valide, « - »

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

Ne pas oublier de sauvegarder



Partie évaluation readset

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

Nb Séquences utiles 200,311,306
 Nb Bases utiles 39,920,324,496
 Se met automatiquement à oui ou non quand la validation QC (oui ou non) est enregistrée. On peut ensuite y revenir pour changer la validation bioinfo uniquement.

Valide Biolinfo ? - **Notion de valide bioinfo**

Comptes Rendus Biolinfo
Non obligatoire

Critères Biolinfo
Non obligatoire

Évalué par lims (28/01/2014)

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

Stat. globales

Raccourci pour aller sur le RUN

Onglets traitements [READSET]

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

Statistiques associées au traitement [READSET]



ÉVALUATION READSET : CHOIX DES RÉSOLUTIONS

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

BAT_AAKOSW_2_C39G9ACXX.IND2 Disponible

Sauvegarder Annuler

Général Avancé

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

← Catégorie de résolutions

Résolutions

Separation distance between MP reads (read length included)

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).

NGL-BI Evaluation ▾ Runs ▾ Readsets ▾ Archives jguy

ReadSets à Évaluer

Sélectionnez des projets Sélectionnez des échantillons Mettez une regex pour le code Date Run depuis le (jj/mm/aaaa) Date Run jusqu'au (jj/mm/aaaa)
Sélectionnez des états Sélectionnez une éval QC Sélectionnez une éval bioinfo Sélectionnez des types de run Sélectionnez des runs

10 Résultat(s) Taille (10) ▾

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

PAGE 114

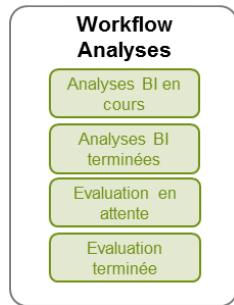
Évaluer des analyses et générer des highlights via des critères d'évaluation



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 eval analyse blé*)



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

Code	Type	Code ReadSets Maître	Projects	Echantillons	Etat	Valid ?	Comptes Rendus
BA_BFY_AAHKOSF_1_A7D4G.IND40	BAC pool assembly	BFY_AAHKOSF_1_A7D4G.IND40	BFY	BFY_AAHK	Evaluation en attente	Oui	
BA_BFY_AAHIOSF_1_A7D4G.IND39	BAC pool assembly	BFY_AAHIOSF_1_A7D4G.IND39	BFY	BFY_AAHI	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	

Pour renseigner individuellement chaque analyse

Workflow Analyses

- Analyses BI en cours
- Analyses BI terminées
- Evaluation en attente
- Evaluation terminée

Merging % merging reads size

Contigage N50 cumul nb contigs max size assembled reads

Size Filter % lost bases

Scaffolding N50 cumul

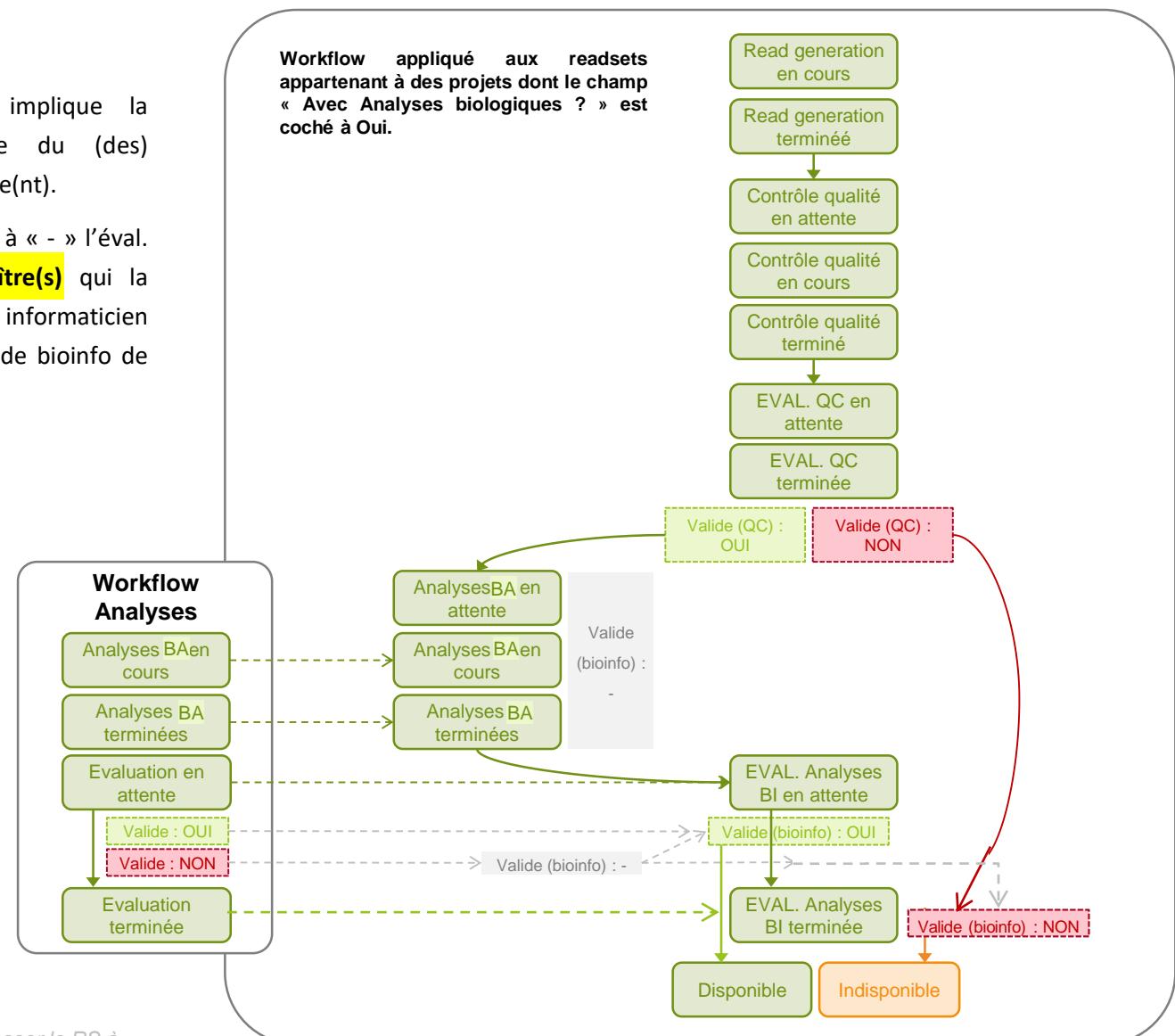


ÉVALUATION ANALYSES

ET INTERACTION AVEC LES READSETS QUI LA CONSTITUENT

- Règles mises en place :

- La validation d'une analyse implique la validation bioinfo automatique du (des) readset(s) 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.



À priori une invalidation d'analyse fait qd même passer le RS à éval analyse BA terminée, mais laisse l'éval bioinfo à « - », ok.



READSET(S) MAÎTRE(S) D'UNE ANALYSE VS READSETS

BA.BFZ_BBFOSF_1_AF5DN.IND11 Evaluation terminée

Général

Avancé

Code	BA.BFZ_BBFOSF_1_AF5DN.IND11	Type	BAC pool assembly
Etat	Evaluation terminée	Code ReadSets Maîtres	BFZ_BBFOSF_1_AF5DN.IND11
Valid ?	Oui	Code ReadSets	BFZ_BBFOSF_1_AF5DN.IND11 BFZ_ABVOSN_1_HB8H5ADXX.IND38

Comptes Rendus

BA.CIN_FPOSTA_2_HV2Y7BCX2.12BA379 Evaluation terminée

Général

Avancé

Code	BA.CIN_FPOSTA_2_HV2Y7BCX2.12BA379	Type	Amplicons Contamination Control
Etat	Evaluation terminée	Code ReadSets Maîtres	CIN_FPOSTA_2_HV2Y7BCX2.12BA379
Valid ?	Oui	Code ReadSets	CIN_FPOSTA_2_HV2Y7BCX2.12BA379 CEB_ZZOSTA_2_HV2Y7BCX2.12BA320 CEB_ZYOSTA_2_HV2Y7BCX2.12BA308

Comptes Rendus

- Le **readset maître** est le point d'entrée pour BA, **c'est lui qui suit le WF RS avec BA dans NGL-BI** et c'est lui (**son eval bioinfo**) qui est impacté par l'évaluation des analyses.
- Les **readsets (tous)** listés dans une analyse sont le(s) RS maître(s) + les **autres RS***.
- ***Autres RS** : constituent l'analyse donc impliqués également dans BA (pour les joe), mais au regard d'NGL-BI, ne suivent pas le WF RS BA (suivent le WF RS classique) et ne sont pas impactés (leur éval bioinfo) par l'éval analyse.



CAS SPÉCIFIQUE ANALYSES

(TYPE AMPLICON CONTAMINATION CONTROL) & EVAL READSETS

Fiche technique



- VALIDATION AUTOMATIQUE** pour les analyses de type « amplicon contamination control »

- ainsi l'éval bioinfo des readsets passera à Oui automatiquement

- Existence d'un filtre de recherche sur ANALYSES sur SOMME % Abundance (extraction ou pcr1 ou pcr2) > ... % (saisie manuelle)

A FAIRE AVANT DEPOT NDA par CHEF de PROJET

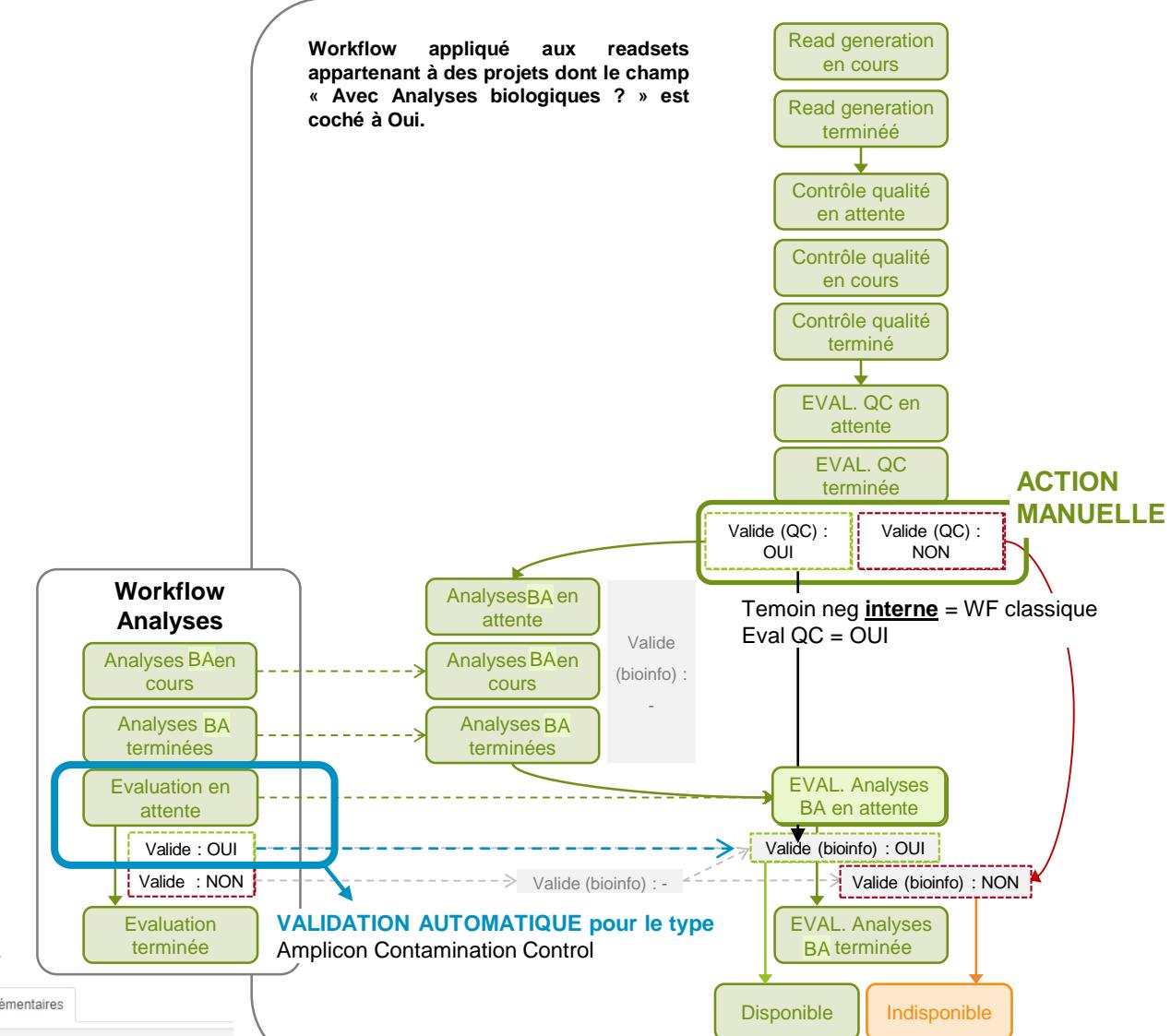
Recherche d'Analyses

Filtres

Filtres supplémentaires

Somme % abundance (extraction ou pcr)

Workflow appliqué aux readsets appartenant à des projets dont le champ « Avec Analyses biologiques ? » est coché à Oui.



Retour au Workflow Readsets avec Analyses Biologiques





- Avec l'arrivée d'un nouveau type d'analyse BA « amplicons-analysis » :
- Un même readset amplicon peut suivre 2 voies BA en parallèle (être soumis à 2 types d'analyses BA)
 - **Le RS sera mis à IP-BA quand la 1^{ère} des 2 analyses démarre**
 - **Le RS sera mis à F-BA quand la 2^{ème} des 2 analyses est terminée**
- La documentation animée est à consulter ICI :
 - [Schéma Workflow Readsets avec mutli-analyse BA :](#)
http://ngl-projects.genoscope.cns.fr/assets/ngl-projects/documentation/cns/Workflow_suivi_dans_NGL-BI_pour_le_readset_avec_multi-analyses_BA.pdf
 - [Tableau de décision pour cocher BA et quel\(s\) type\(s\) d'analyse\(s\):](#)
http://ngl-projects.genoscope.cns.fr/assets/ngl-projects/documentation/cns/Tab_decisions_pour_cocher_BA_simple_ou_multi-analyse.pdf

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.

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	% bases perdues après Contig Filter	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) (readset maître)	% Duplicates (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	cr	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	cr	cr	
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	cr	cr	
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	cr	cr	
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	cr	cr	
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	cr	cr	
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	cr	cr	
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	cr	cr	
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	cr	cr	
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	cr	cr	

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



Fonctionnalités du tableau de résultats



FONCTIONNALITÉS DU TABLEAU RÉSULTATS

Tableau général :

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

Colonnes :

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

Tout Sélectionner

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

Editer

Editer											Editer			
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
Code	Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Date Run	Etat	Valide 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^{ère} ligne qui s'affiche sert à renseigner une valeur 1 seule fois et de la propager à toutes les cellules en mode édition
- Exemple :

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

1ère ligne utilisée pour propager une valeur à toutes les lignes sélectionnées pour l'édition.

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.

Readssets ▾ Analyses ▾ Statistiques ▾ Archives

Filtres
Filtres supplémentaires
Colonnes supplémentaires

<input checked="" type="checkbox"/> Type Run	<input checked="" type="checkbox"/> Couverture (Nb Bases/Taille échantillon)	<input type="checkbox"/> % Duplicates R1	<input type="checkbox"/> Remaining Reads ap. decontamPhiX	<input type="checkbox"/> Useful Sequences ap. sortingRibo
<input checked="" type="checkbox"/> Type d'échantillon	<input checked="" type="checkbox"/> Nb Séquences utiles	<input type="checkbox"/> % Duplicates R2	<input type="checkbox"/> % Bacteria	<input type="checkbox"/> % Merged reads
<input checked="" type="checkbox"/> Taille échantillon (bases)	<input type="checkbox"/> Nb Bases utiles	<input type="checkbox"/> % Duplicates Pairs	<input type="checkbox"/> % Eukaryota	<input type="checkbox"/> Mediane size of merged reads (bases)
<input checked="" type="checkbox"/> % >= Q30	<input checked="" type="checkbox"/> Couverture utile (Nb Bases utiles/Taille échantillon)	<input type="checkbox"/> % Reads trim. R1	<input type="checkbox"/> % Unknown::No hits	<input type="checkbox"/> % FR (PE) aligned reads
<input checked="" type="checkbox"/> Score Qualité moyen	<input type="checkbox"/> % Déposé	<input type="checkbox"/> % Reads trim. R2	<input type="checkbox"/> % rRNA R1	<input type="checkbox"/> Estimated PE insert size
<input checked="" type="checkbox"/> Nb Séquences valides	<input type="checkbox"/> Fraction de run	<input type="checkbox"/> Stored Pairs ap. trimming	<input type="checkbox"/> % rRNA R2	<input type="checkbox"/> % RF (MP) aligned reads
<input type="checkbox"/> Nb Bases	<input type="checkbox"/> % Séquences valides / piste	<input type="checkbox"/> % Removed Reads (E. coli)	<input type="checkbox"/> % rRNA single	<input type="checkbox"/> Estimated MP insert size

Code	Run	Type Run	N° Piste	Projet	Echantillon	Type d'échantillon	Taille échantillon (bases)	Date Run	Etat	% >= Q30	Score Qualité moyen	Nb Séquences valides	Couverture (Nb Bases/Taille échantillon)	Nb Séquences utiles	% Déposé	Fraction de run	% Séquences valides / piste	
AMZ_AOSF_1_A9Y40.IND16	141006_MELISSE_A9Y40	RMISEQ	1	AMZ	AMZ_A	ADN Génomique	800 000 000	06/10/2014	Disponible	72,35	29,86	30 901 122	23,25	30 587 278	19,54	100,00	1	97,24
BHD_APOSW_5_C4ACVACXX.IND4	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	5	BHD	BHD_AP	ARN total	1 000	01/10/2014	Disponible	95,71	37,03	25 025 283	5 055 107,17	24 530 217	4 901 393,34	16,67	0,021	14,32
BHD_AQOSW_5_C4ACVACXX.IND5	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	5	BHD	BHD_AQ	ARN total	1 000	01/10/2014	Disponible	95,71	37,02	27 293 430	5 513 272,86	26 863 274	5 374 444,80	16,67	0,021	15,62
BHD_ATOSW_5_C4ACVACXX.IND12	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	5	BHD	BHD_AT	ARN total	1 000	01/10/2014	Disponible	95,28	36,86	30 250 029	6 110 505,86	29 560 783	5 925 684,99	16,67	0,021	17,31
BGN_ABLOSW_3_C4ACVACXX.IND14	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	3	BGN	BGN_ABL	ADN Génomique	1 242 060 000	01/10/2014	Disponible	90,38	35,48	2 480 506	0,40	2 426 818	0,39	2,08	0,003	1,19
BGN_SDOSW_3_C4ACVACXX.IND43	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	3	BGN	BGN_SD	ADN Génomique	2 000 000 000	01/10/2014	Disponible	92,12	36,00	4 136 673	0,42	4 066 089	0,41	2,08	0,003	1,98
BGN_MROSW_1_C4ACVACXX.IND20	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	1	BGN	BGN_MR	ADN Génomique	2 000 000 000	01/10/2014	Disponible	87,67	34,74	2 651 895	0,27	2 574 550	0,26	2,08	0,003	1,12
BGN_NEOSW_1_C4ACVACXX.IND28	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	1	BGN	BGN_NE	ADN Génomique	2 000 000 000	01/10/2014	Disponible	87,83	34,64	4 764 418	0,48	4 630 037	0,46	2,08	0,003	2,01
BGN_NSOSW_1_C4ACVACXX.IND40	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	1	BGN	BGN_NS	ADN Génomique	1 711 500 000	01/10/2014	Disponible	89,45	35,22	4 709 354	0,56	4 605 320	0,53	2,08	0,003	1,99
BGN_MSOSW_1_C4ACVACXX.IND21	141001_CARBONE_C4ACVACXX	RHS2000	1	BGN	BGN_MS	ADN Génomique	2 000 000 000	01/10/2014	Disponible	90,87	35,62	6 707 806	0,68	6 614 693	0,66	2,08	0,003	2,84

Export des 360 résultats
.....

Readsets_20141020_1....csv
| PAGE 128

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_HA	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_GV	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_MI	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_MK	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_HF	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_GT	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_BOAIOSF_1_HA4CYADXX.IND8	140922_FLUOR_HA4CYADXX	1	AHX_BOAI	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_BPTI	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_BPSI	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	Oui			
			BDY		#MULTI		79,57	7 987 098	12 129 813,13	69,28	0,47	96,06	400,75						

Moyenne Somme Somme Moy. Moy. Moy. Moy.

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 130



GROUPER SUR TOUTE LA SÉLECTION

- La fonction **Grouper** peut être utilisée sur une colonne du tableau OU 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.

| PAGE 131



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



Le run peut être coché comme « à conserver »

140521_PHOSPHORE_C3G4EACXX Evaluation terminée

Code 140521_PHOSPHORE_C3G4EACXX Type RHS2000

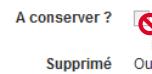
Etat Evaluation terminée Nb Clusters (total) 1 753 940 162

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)



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'état 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_D1DAGACXXIND5	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"/>

5548 Résultats(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	RGAlIx	01/02/2008	Terminé	Oui
080205_HELIUM_2062WAAAX2	RGAlIx	05/02/2008	Terminé	Oui
080208_HELIUM_201WNAAXX	RGAlIx	08/02/2008	Terminé	Oui
080228_HELIUM_201WGAAXX	RGAlIx	28/02/2008	Terminé	Oui
080403_HELIUM_201WPAAAXX	RGAlIx	03/04/2008	Terminé	Oui
080528_HELIUM_20379AAXX	RGAlIx	28/05/2008	Terminé	Oui
080620_HELIUM_200NYAAXX	RGAlIx	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	RGAlIx	01/02/2008	Séquençage terminé	Oui
080205_HELIUM_2062WAAAX2	RGAlIx	05/02/2008	Read generation en attente	Oui
080208_HELIUM_201WNAAXX	RGAlIx	08/02/2008	Read generation en cours	Oui
080228_HELIUM_201WGAAXX	RGAlIx	28/02/2008	Read generation terminée	Oui
080403_HELIUM_201WPAAAXX	RGAlIx	03/04/2008	Evaluation en attente	Oui
080528_HELIUM_20379AAXX	RGAlIx	28/05/2008	Evaluation en cours	Oui
080620_HELIUM_200NYAAXX	RGAlIx	20/06/2008	Evaluation terminée	Oui
			Terminé	Oui
			Terminé	Oui

- Enregistrer.



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

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

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

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

- Choisir le nouvel état.

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

- Enregistrer.



Attention certains changements d'états ne sont pas autorisés, bien se référer aux workflows



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	Nouveau	---	
BA.BFY_AADIOSF_1_A737Y.IND39	BAC pool assembly	BFY_AADIOSF_1_A737Y.IND39	BFY	BFY_AADI	Analyse BI en cours	---	
BA.BFY_AADHOSF_1_A737Y.IND38	BAC pool assembly	BFY_AADHOSF_1_A737Y.IND38	BFY	BFY_AADH	Analyse BI terminée	---	
BA.BFY_AADGOSF_1_A737Y.IND37	BAC pool assembly	BFY_AADGOSF_1_A737Y.IND37	BFY	BFY_AADG	Evaluation en attente	---	
BA.BFY_AADFOSF_1_A737Y.IND36	BAC pool assembly	BFY_AADFOSF_1_A737Y.IND36	BFY	BFY_AADF	Evaluation terminée	---	
BA.BFY_AADEOSF_1_A737Y.IND35	BAC pool assembly	BFY_AADEOSF_1_A737Y.IND35	BFY	BFY_AADE	Evaluation en attente	---	
BA.BFY_AADDOSF_1_A737Y.IND34	BAC pool assembly	BFY_AADDOSF_1_A737Y.IND34	BFY	BFY_AADD	Evaluation terminée	---	

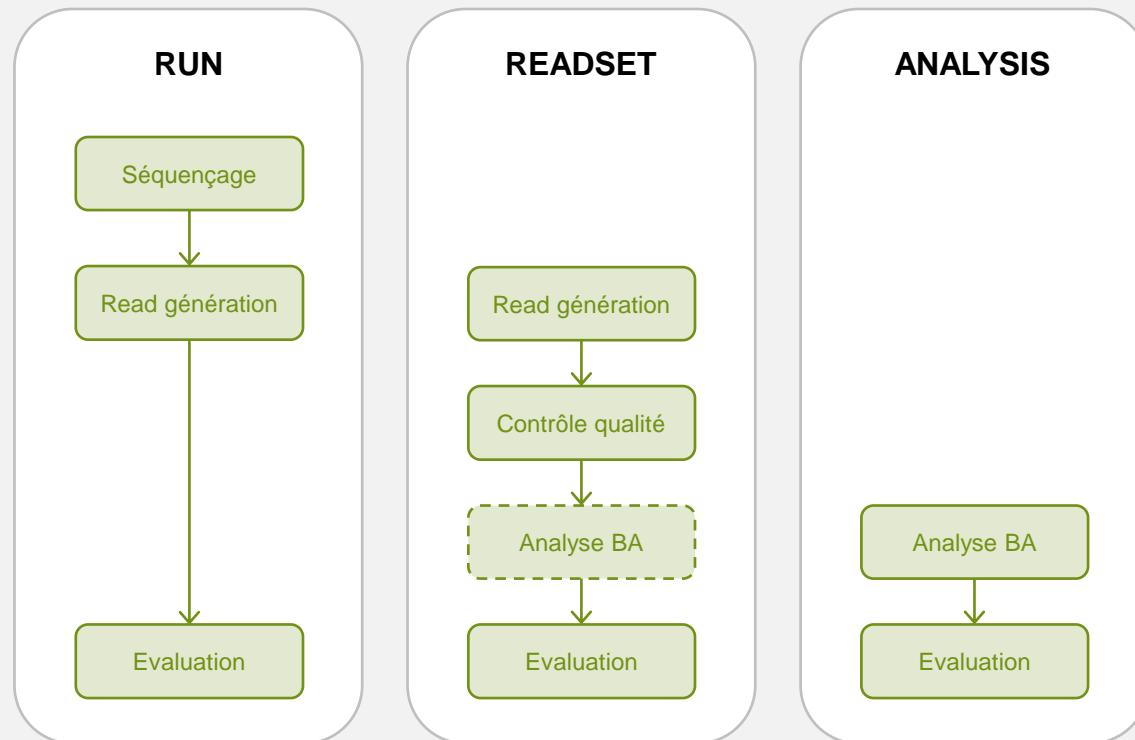
- Enregistrer.



Workflows RUN, READSET et ANALYSE



NGL-BI WORKFLOWS SIMPLIFIÉS



WORKFLOW RUN

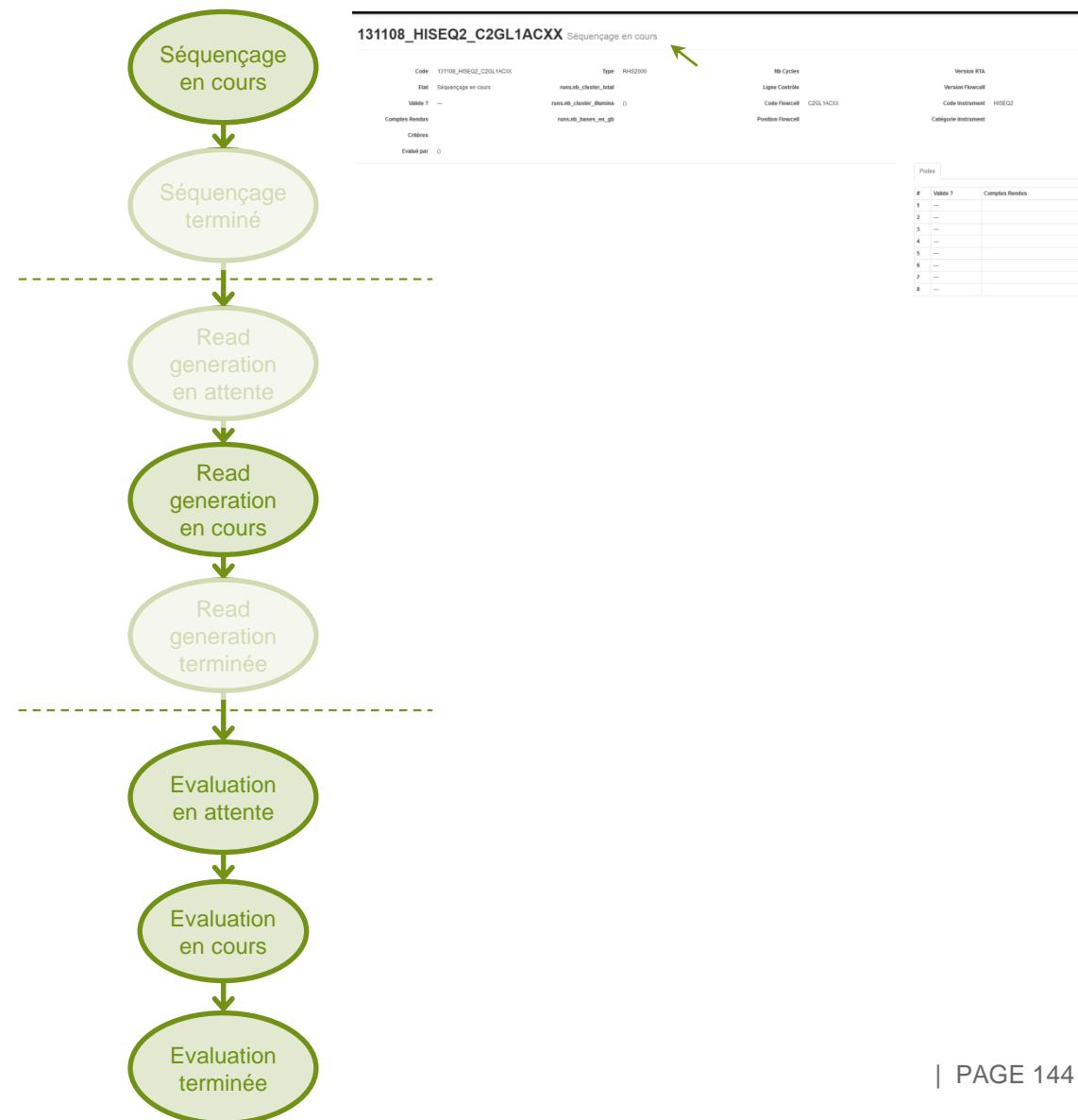
- **Workflow** : enchaînement des états pris par un run, readset ou analyse (*workflows différents qui peuvent interagir entre eux*) ; les états s'enchaînent automatiquement selon des règles métier définies ; certains changements manuels sont toutefois possibles.

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							
Évalué par	(0)						

Pistes

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

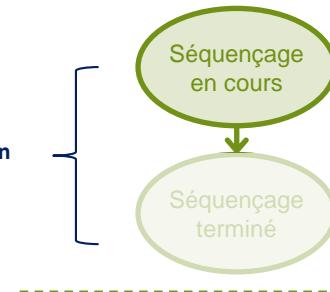
ReadSets (0)

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



WORKFLOW RUN

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



131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

Code : 131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Type : RH42000

Etat : Séquençage en cours runs_nb_cluster_total : 0

Validé ? : — runs_nb_cluster_terminée : 0

Compte Rendus : runs_nb_bases_mc_gb : 0

Critères : Evalué par : 0

Run 1

Index	Identifiant	% Cluster	% Phasing	Reads (M)	Reads (B)	% QC	Cycles Est	% Alignement	% Error	% Error Rate	% Error Rate Cycle 20	% Error Rate Cycle 100	Intensity Cycle 1	% Intensity Cycle 20
1	1.033.00 +/- 0.00	88.80 +/- 0.00	0.102/0.171	285.600	229.590	95.900	100	5.40 +/- 0.19	0.43 +/- 0.02	0.38 +/- 0.21	0.38 +/- 0.26	0.43 +/- 0.22	5.19 +/- 0.11	78.50 +/- 1.60
2	75.00 +/- 1.00	84.20 +/- 0.00	0.140/0.181	209.100	193.590	93.400	100	5.70 +/- 0.00	0.47 +/- 0.00	0.29 +/- 0.07	0.27 +/- 0.10	0.32 +/- 0.08	5.19 +/- 0.00	81.00 +/- 1.10
3	88.00 +/- 0.00	84.20 +/- 0.00	0.150/0.172	273.040	228.290	88.600	100	1.30 +/- 0.20	0.34 +/- 0.00	0.22 +/- 0.19	0.27 +/- 0.12	0.35 +/- 0.11	5.19 +/- 0.00	78.50 +/- 1.20
4	704.00 +/- 0.00	93.00 +/- 1.00	0.154/0.182	184.720	180.850	94.300	100	5.80 +/- 0.00	0.37 +/- 0.00	0.18 +/- 0.08	0.28 +/- 0.08	0.27 +/- 0.08	5.40 +/- 0.00	83.80 +/- 1.10
5	599.00 +/- 0.00	84.70 +/- 1.00	0.134/0.185	180.480	175.700	95.700	100	5.80 +/- 0.00	0.34 +/- 0.00	0.18 +/- 0.08	0.28 +/- 0.08	0.35 +/- 0.08	5.60 +/- 0.00	83.80 +/- 1.10
6	889.00 +/- 0.00	92.80 +/- 0.00	0.170/0.179	180.480	175.050	93.900	100	5.80 +/- 0.00	0.34 +/- 0.00	0.15 +/- 0.11	0.18 +/- 0.07	0.25 +/- 0.07	4.41 +/- 0.00	82.50 +/- 1.20
7	87.00 +/- 0.00	92.80 +/- 0.00	0.125/0.181	155.440	146.740	95.400	100	1.30 +/- 0.00	0.25 +/- 0.00	0.14 +/- 0.08	0.19 +/- 0.12	0.25 +/- 0.13	5.19 +/- 0.00	83.80 +/- 1.20
8	59.00 +/- 0.00	92.80 +/- 0.00	0.153/0.182	175.850	164.590	94.800	100	1.00 +/- 0.10	0.24 +/- 0.00	0.18 +/- 0.07	0.19 +/- 0.05	0.20 +/- 0.05	5.40 +/- 0.00	84.00 +/- 1.30
9	63.00 +/- 0.00	93.80 +/- 1.00	0.153/0.181	155.440	146.740	91.400	100	1.30 +/- 0.00	0.25 +/- 0.00	0.11 +/- 0.03	0.24 +/- 0.05	0.31 +/- 0.05	4.14 +/- 0.00	83.80 +/- 1.20
10	59.00 +/- 0.00	93.80 +/- 1.00	0.153/0.181	175.850	164.590	92.100	100	1.00 +/- 0.10	0.24 +/- 0.00	0.11 +/- 0.03	0.22 +/- 0.02	0.28 +/- 0.03	4.14 +/- 0.00	83.80 +/- 1.20
11	62.00 +/- 0.00	93.80 +/- 1.00	0.155/0.193	175.850	164.590	92.100	100	1.00 +/- 0.10	0.24 +/- 0.00	0.11 +/- 0.03	0.32 +/- 0.05	0.43 +/- 0.08	4.37 +/- 0.00	85.30 +/- 1.10

Run 2

Index	Identifiant	% Cluster	% Phasing	Reads (M)	Reads (B)	% QC	Cycles Est	% Alignement	% Error	% Error Rate	% Error Rate Cycle 20	% Error Rate Cycle 100	Intensity Cycle 1	% Intensity Cycle 20
1	1.033.00 +/- 0.00	88.80 +/- 0.00	0.119/0.180	285.600	229.590	73.100	100	5.40 +/- 0.19	0.39 +/- 0.00	0.54 +/- 0.55	0.77 +/- 0.65	0.90 +/- 0.68	4.50 +/- 0.00	85.50 +/- 1.30
2	75.00 +/- 1.00	84.20 +/- 0.00	0.161/0.195	209.100	193.590	93.700	100	5.70 +/- 0.00	0.47 +/- 0.00	0.17 +/- 0.03	0.23 +/- 0.05	0.31 +/- 0.08	5.19 +/- 0.00	81.00 +/- 1.00
3	88.00 +/- 0.00	84.20 +/- 0.00	0.180/0.187	273.040	228.290	83.400	100	1.20 +/- 0.20	0.37 +/- 0.00	0.54 +/- 0.28	0.67 +/- 0.28	0.84 +/- 0.30	4.88 +/- 0.00	83.70 +/- 1.00
4	704.00 +/- 0.00	93.00 +/- 1.00	0.155/0.184	184.720	180.850	91.100	100	5.80 +/- 0.00	0.37 +/- 0.00	0.20 +/- 0.16	0.37 +/- 0.14	0.47 +/- 0.19	5.19 +/- 0.00	84.80 +/- 0.00
5	599.00 +/- 0.00	84.70 +/- 1.00	0.150/0.197	155.440	146.290	93.300	100	5.80 +/- 0.00	0.37 +/- 0.00	0.20 +/- 0.02	0.28 +/- 0.03	0.37 +/- 0.03	5.19 +/- 0.00	84.20 +/- 0.00
6	889.00 +/- 0.00	92.80 +/- 0.00	0.160/0.187	180.480	175.050	89.200	100	5.80 +/- 0.00	0.37 +/- 0.00	0.11 +/- 0.03	0.24 +/- 0.05	0.31 +/- 0.05	4.14 +/- 0.00	83.80 +/- 1.20
7	87.00 +/- 0.00	92.80 +/- 0.00	0.153/0.182	155.440	146.740	91.400	100	1.30 +/- 0.00	0.25 +/- 0.00	0.11 +/- 0.03	0.22 +/- 0.02	0.28 +/- 0.03	4.14 +/- 0.00	83.80 +/- 1.20
8	59.00 +/- 0.00	92.80 +/- 0.00	0.153/0.181	175.850	164.590	92.100	100	1.00 +/- 0.10	0.24 +/- 0.00	0.11 +/- 0.03	0.22 +/- 0.02	0.28 +/- 0.03	4.14 +/- 0.00	83.80 +/- 1.20
9	62.00 +/- 0.00	93.80 +/- 1.00	0.155/0.193	175.850	164.590	92.100	100	1.00 +/- 0.10	0.24 +/- 0.00	0.11 +/- 0.03	0.32 +/- 0.05	0.43 +/- 0.08	4.37 +/- 0.00	85.30 +/- 1.10



2. DONNÉES SAV ET ALERTING

121203_HISEQ7_D1DAGACXX Séquençage en cours

Code	121203_HISEQ7_D1DAGACXX	Type	RHS2000	Nb Cycles	101	Version RTA	1.13.48																																																																																																																																																																
Etat	Séquençage en cours	Nb Clusters (total)	1,217,697,789	Ligne Contrôle	1	Version Flowcell	HiSeq Flow Cell v3																																																																																																																																																																
Valide ?	--	% Clusters filt. (moyenne)	93.93	Code Flowcell	D1DAGACXX	Code Instrument	HISEQ7																																																																																																																																																																
Comptes Rendus		Nb Bases (total)	1,143,757,649	Position Flowcell	A	Catégorie Instrument																																																																																																																																																																	
Critères		runs.nbBase	239,045,348,641																																																																																																																																																																				
Evalué par	0																																																																																																																																																																						
<div style="display: flex; align-items: center;"> Sav Pistes </div>																																																																																																																																																																							
<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th colspan="12">Read 1</th> </tr> <tr> <th>#</th> <th>Density (K/mm²)</th> <th>% Cluster PF</th> <th>% Phas/Prephas</th> <th>Reads (M)</th> <th>Reads PF (M)</th> <th>% >= Q30</th> <th>Cycles Err Rated</th> <th>% Alignement</th> <th>% Error Rate</th> <th>% Error Rate Cycle 35</th> <th>% Error Rate Cycle 75</th> <th>% Error Rate Cycle 100</th> <th>Intensity Cycle 1</th> <th>% Intensity Cycle 20</th> <th>Alertes</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1</td><td>1,033.00 +/- 56.00</td><td>80.60 +/- 8.60</td><td>0.152 / 0.171</td><td>285.600</td><td>229.590</td><td>86.900</td><td>100</td><td>0.40 +/- 0.10</td><td>0.43 +/- 0.22</td><td>0.25 +/- 0.21</td><td>0.34 +/- 0.26</td><td>0.43 +/- 0.22</td><td>5,154.00 +/- 247.00</td><td>79.90 +/- 1.40</td><td>⚠️</td> </tr> <tr> <td>2</td><td>756.00 +/- 75.00</td><td>92.70 +/- 1.60</td><td>0.149 / 0.181</td><td>209.100</td><td>193.560</td><td>93.400</td><td>100</td><td>0.70 +/- 0.00</td><td>0.27 +/- 0.06</td><td>0.14 +/- 0.07</td><td>0.20 +/- 0.06</td><td>0.27 +/- 0.06</td><td>5,594.00 +/- 234.00</td><td>81.00 +/- 1.10</td><td></td> </tr> <tr> <td>3</td><td>988.00 +/- 63.00</td><td>84.20 +/- 6.60</td><td>0.150 / 0.172</td><td>273.040</td><td>229.290</td><td>88.600</td><td>100</td><td>1.30 +/- 0.20</td><td>0.35 +/- 0.11</td><td>0.23 +/- 0.19</td><td>0.27 +/- 0.12</td><td>0.35 +/- 0.11</td><td>5,135.00 +/- 259.00</td><td>79.80 +/- 1.20</td><td></td> </tr> <tr> <td>4</td><td>704.00 +/- 84.00</td><td>93.00 +/- 1.60</td><td>0.134 / 0.182</td><td>194.720</td><td>180.850</td><td>94.300</td><td>100</td><td>0.80 +/- 0.10</td><td>0.27 +/- 0.06</td><td>0.14 +/- 0.08</td><td>0.20 +/- 0.06</td><td>0.27 +/- 0.06</td><td>5,450.00 +/- 272.00</td><td>83.50 +/- 1.10</td><td></td> </tr> <tr> <td>5</td><td>566.00 +/- 63.00</td><td>94.70 +/- 0.80</td><td>0.134 / 0.185</td><td>156.590</td><td>148.25</td><td>95.700</td><td>100</td><td>0.80 +/- 0.00</td><td>0.25 +/- 0.06</td><td>0.14 +/- 0.08</td><td>0.18 +/- 0.06</td><td>0.25 +/- 0.06</td><td>5,585.00 +/- 229.00</td><td>83.90 +/- 1.10</td><td></td> </tr> <tr> <td>6</td><td>689.00 +/- 67.00</td><td>92.60 +/- 1.60</td><td>0.121 / 0.179</td><td>190.460</td><td>176.050</td><td>93.900</td><td>100</td><td>0.80 +/- 0.00</td><td>0.25 +/- 0.07</td><td>0.15 +/- 0.11</td><td>0.19 +/- 0.07</td><td>0.25 +/- 0.07</td><td>4,410.00 +/- 195.00</td><td>82.60 +/- 1.20</td><td></td> </tr> <tr> <td>7</td><td>562.00 +/- 58.00</td><td>94.50 +/- 1.10</td><td>0.125 / 0.181</td><td>155.440</td><td>146.740</td><td>95.400</td><td>100</td><td>1.30 +/- 0.00</td><td>0.26 +/- 0.13</td><td>0.14 +/- 0.08</td><td>0.19 +/- 0.12</td><td>0.26 +/- 0.13</td><td>4,523.00 +/- 189.00</td><td>83.00 +/- 1.30</td><td></td> </tr> <tr> <td>8</td><td>636.00 +/- 82.00</td><td>93.80 +/- 1.50</td><td>0.133 / 0.182</td><td>175.850</td><td>164.590</td><td>94.800</td><td>100</td><td>1.00 +/- 0.10</td><td>0.26 +/- 0.05</td><td>0.14 +/- 0.07</td><td>0.19 +/- 0.05</td><td>0.26 +/- 0.05</td><td>5,400.00 +/- 186.00</td><td>84.00 +/- 1.30</td><td></td> </tr> </tbody> </table>												Read 1												#	Density (K/mm²)	% Cluster PF	% Phas/Prephas	Reads (M)	Reads PF (M)	% >= Q30	Cycles Err Rated	% Alignement	% Error Rate	% Error Rate Cycle 35	% Error Rate Cycle 75	% Error Rate Cycle 100	Intensity Cycle 1	% Intensity Cycle 20	Alertes	1	1,033.00 +/- 56.00	80.60 +/- 8.60	0.152 / 0.171	285.600	229.590	86.900	100	0.40 +/- 0.10	0.43 +/- 0.22	0.25 +/- 0.21	0.34 +/- 0.26	0.43 +/- 0.22	5,154.00 +/- 247.00	79.90 +/- 1.40	⚠️	2	756.00 +/- 75.00	92.70 +/- 1.60	0.149 / 0.181	209.100	193.560	93.400	100	0.70 +/- 0.00	0.27 +/- 0.06	0.14 +/- 0.07	0.20 +/- 0.06	0.27 +/- 0.06	5,594.00 +/- 234.00	81.00 +/- 1.10		3	988.00 +/- 63.00	84.20 +/- 6.60	0.150 / 0.172	273.040	229.290	88.600	100	1.30 +/- 0.20	0.35 +/- 0.11	0.23 +/- 0.19	0.27 +/- 0.12	0.35 +/- 0.11	5,135.00 +/- 259.00	79.80 +/- 1.20		4	704.00 +/- 84.00	93.00 +/- 1.60	0.134 / 0.182	194.720	180.850	94.300	100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.06	0.14 +/- 0.08	0.20 +/- 0.06	0.27 +/- 0.06	5,450.00 +/- 272.00	83.50 +/- 1.10		5	566.00 +/- 63.00	94.70 +/- 0.80	0.134 / 0.185	156.590	148.25	95.700	100	0.80 +/- 0.00	0.25 +/- 0.06	0.14 +/- 0.08	0.18 +/- 0.06	0.25 +/- 0.06	5,585.00 +/- 229.00	83.90 +/- 1.10		6	689.00 +/- 67.00	92.60 +/- 1.60	0.121 / 0.179	190.460	176.050	93.900	100	0.80 +/- 0.00	0.25 +/- 0.07	0.15 +/- 0.11	0.19 +/- 0.07	0.25 +/- 0.07	4,410.00 +/- 195.00	82.60 +/- 1.20		7	562.00 +/- 58.00	94.50 +/- 1.10	0.125 / 0.181	155.440	146.740	95.400	100	1.30 +/- 0.00	0.26 +/- 0.13	0.14 +/- 0.08	0.19 +/- 0.12	0.26 +/- 0.13	4,523.00 +/- 189.00	83.00 +/- 1.30		8	636.00 +/- 82.00	93.80 +/- 1.50	0.133 / 0.182	175.850	164.590	94.800	100	1.00 +/- 0.10	0.26 +/- 0.05	0.14 +/- 0.07	0.19 +/- 0.05	0.26 +/- 0.05	5,400.00 +/- 186.00	84.00 +/- 1.30	
Read 1																																																																																																																																																																							
#	Density (K/mm²)	% Cluster PF	% Phas/Prephas	Reads (M)	Reads PF (M)	% >= Q30	Cycles Err Rated	% Alignement	% Error Rate	% Error Rate Cycle 35	% Error Rate Cycle 75	% Error Rate Cycle 100	Intensity Cycle 1	% Intensity Cycle 20	Alertes																																																																																																																																																								
1	1,033.00 +/- 56.00	80.60 +/- 8.60	0.152 / 0.171	285.600	229.590	86.900	100	0.40 +/- 0.10	0.43 +/- 0.22	0.25 +/- 0.21	0.34 +/- 0.26	0.43 +/- 0.22	5,154.00 +/- 247.00	79.90 +/- 1.40	⚠️																																																																																																																																																								
2	756.00 +/- 75.00	92.70 +/- 1.60	0.149 / 0.181	209.100	193.560	93.400	100	0.70 +/- 0.00	0.27 +/- 0.06	0.14 +/- 0.07	0.20 +/- 0.06	0.27 +/- 0.06	5,594.00 +/- 234.00	81.00 +/- 1.10																																																																																																																																																									
3	988.00 +/- 63.00	84.20 +/- 6.60	0.150 / 0.172	273.040	229.290	88.600	100	1.30 +/- 0.20	0.35 +/- 0.11	0.23 +/- 0.19	0.27 +/- 0.12	0.35 +/- 0.11	5,135.00 +/- 259.00	79.80 +/- 1.20																																																																																																																																																									
4	704.00 +/- 84.00	93.00 +/- 1.60	0.134 / 0.182	194.720	180.850	94.300	100	0.80 +/- 0.10	0.27 +/- 0.06	0.14 +/- 0.08	0.20 +/- 0.06	0.27 +/- 0.06	5,450.00 +/- 272.00	83.50 +/- 1.10																																																																																																																																																									
5	566.00 +/- 63.00	94.70 +/- 0.80	0.134 / 0.185	156.590	148.25	95.700	100	0.80 +/- 0.00	0.25 +/- 0.06	0.14 +/- 0.08	0.18 +/- 0.06	0.25 +/- 0.06	5,585.00 +/- 229.00	83.90 +/- 1.10																																																																																																																																																									
6	689.00 +/- 67.00	92.60 +/- 1.60	0.121 / 0.179	190.460	176.050	93.900	100	0.80 +/- 0.00	0.25 +/- 0.07	0.15 +/- 0.11	0.19 +/- 0.07	0.25 +/- 0.07	4,410.00 +/- 195.00	82.60 +/- 1.20																																																																																																																																																									
7	562.00 +/- 58.00	94.50 +/- 1.10	0.125 / 0.181	155.440	146.740	95.400	100	1.30 +/- 0.00	0.26 +/- 0.13	0.14 +/- 0.08	0.19 +/- 0.12	0.26 +/- 0.13	4,523.00 +/- 189.00	83.00 +/- 1.30																																																																																																																																																									
8	636.00 +/- 82.00	93.80 +/- 1.50	0.133 / 0.182	175.850	164.590	94.800	100	1.00 +/- 0.10	0.26 +/- 0.05	0.14 +/- 0.07	0.19 +/- 0.05	0.26 +/- 0.05	5,400.00 +/- 186.00	84.00 +/- 1.30																																																																																																																																																									

Read 2
Alertes


PROCÉDURE D'IMPORT DES DONNÉES SAV

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

Benchmarking Analysis Viewer															
Run Folder		U_MERCURE/131205_MERCURE_C3958ACXX													
Analysis		Imaging		Summary		The Status		TrueSeq		Indexing		Yield		Cycles	
Index	Sample	Time	Wavelength	Wavelength	Wavelength	Wavelength	Wavelength	Wavelength	Wavelength	Wavelength	Wavelength	Yield (M)	Yield (G)	Cycles	Aligned (%)
Read 2 (I)															
1	95	732 ± 64	91.97 ± 1.36	0.248 ± 0.182	202.31	185.78	30.1	16.8	100	0.4 ± 0.0	0.4 ± 0.0				
2	95	744 ± 60	91.99 ± 1.36	0.188 ± 0.182	200.57	190.49	29.9	16.9	100	0.4 ± 0.0	0.4 ± 0.0				
3	95	817 ± 61	90.22 ± 2.07	0.188 ± 0.182	200.21	191.23	29.6	16.9	100	0.4 ± 0.0	0.4 ± 0.0				
4 (IC)	95	855 ± 60	89.06 ± 2.07	0.177 ± 0.177	206.41	210.91	91.1	21.0	100	0.5 ± 0.1	0.5 ± 0.1				
5	95	723 ± 64	93.66 ± 1.77	0.179 ± 0.172	199.99	195.31	93.4	18.5	100	0.7 ± 0.1	0.7 ± 0.1				
6	95	887 ± 67	93.74 ± 1.94	0.177 ± 0.172	195.04	177.77	93.8	17.8	100	0.8 ± 0.1	0.8 ± 0.1				
7	95	849 ± 96	84.86 ± 1.88	0.195 ± 0.172	234.88	199.41	88.5	18.8	100	0.5 ± 0.1	0.5 ± 0.1				
8	95	824 ± 96	88.26 ± 2.24	0.241 ± 0.172	227.93	200.70	88.9	20.1	100	0.5 ± 0.1	0.5 ± 0.1				
Read 2 (II)															
1	95	732 ± 64	91.97 ± 1.36	0.000 ± 0.000	202.31	185.78	52.7	1.1	0	0.4 ± 0.0	0.4 ± 0.0				
2	95	744 ± 60	91.99 ± 1.36	0.000 ± 0.000	205.57	190.49	52.7	1.1	0	0.4 ± 0.0	0.4 ± 0.0				
3	95	817 ± 61	91.97 ± 2.07	0.000 ± 0.000	200.21	200.21	52.7	1.2	0	0.4 ± 0.0	0.4 ± 0.0				
4 (IC)	95	855 ± 60	91.97 ± 2.07	0.000 ± 0.000	204.53	204.53	45.3	1.3	0	0.4 ± 0.0	0.4 ± 0.0				
5	95	723 ± 64	93.36 ± 1.77	0.000 ± 0.000	199.99	195.31	42.7	1.1	0	0.5 ± 0.0	0.5 ± 0.0				
6	95	887 ± 67	93.74 ± 1.94	0.000 ± 0.000	195.04	177.77	48.5	1.1	0	0.8 ± 0.0	0.8 ± 0.0				
7	95	849 ± 96	84.86 ± 1.88	0.000 ± 0.000	234.88	199.41	43.0	1.2	0	0.8 ± 0.0	0.8 ± 0.0				
8	95	824 ± 96	88.26 ± 2.24	0.000 ± 0.000	227.93	200.70	48.9	1.2	0	0.8 ± 0.0	0.8 ± 0.0				
Read 3															
1	95	732 ± 64	91.97 ± 1.38	0.187 ± 0.182	202.31	185.79	19.5	10.0	100	0.4 ± 0.0	0.4 ± 0.0				
2	95	744 ± 60	91.99 ± 1.38	0.148 ± 0.182	205.57	190.49	85.5	18.0	100	0.4 ± 0.0	0.4 ± 0.0				
3	95	817 ± 61	91.97 ± 2.22	0.148 ± 0.182	205.25	205.21	54.1	20.5	100	0.4 ± 0.0	0.4 ± 0.0				
4 (IC)	95	855 ± 60	88.67 ± 2.22	0.187 ± 0.182	204.53	210.41	27.0	10.0	100	0.4 ± 0.0	0.4 ± 0.0				
5	95	723 ± 64	93.36 ± 1.77	0.188 ± 0.182	199.99	195.31	86.21	8.0	100	0.7 ± 0.1	0.7 ± 0.1				
6	95	887 ± 67	93.74 ± 1.94	0.129 ± 0.182	190.04	197.95	91.5	17.8	100	0.8 ± 0.1	0.8 ± 0.1				
7	95	849 ± 96	84.86 ± 1.88	0.148 ± 0.182	234.88	199.41	80.4	18.8	100	0.5 ± 0.1	0.5 ± 0.1				
8	95	824 ± 96	88.26 ± 2.24	0.182 ± 0.182	227.93	200.70	80.8	20.1	100	0.5 ± 0.1	0.5 ± 0.1				

- 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).

* 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.

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																																																																																																																																																																																										
<table border="1"> <thead> <tr> <th>Code</th><th>141029_HISEQ5_C4VN4ACXX</th><th>Type</th><th>RHT2000</th></tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Etat</td><td>Séquençage en cours</td><td>Mise à jour</td><td></td></tr> <tr> <td>Validé ?</td><td>—</td><td>% Clusters (totaux)</td><td></td></tr> <tr> <td>Captures Résultat</td><td>—</td><td>% Clusters (totaux)</td><td></td></tr> <tr> <td>Critères</td><td>—</td><td>% Bases (totaux)</td><td></td></tr> <tr> <td>Evalué par</td><td>replic (06/11/2014)</td><td>A convenance □</td><td></td></tr> <tr> <td></td><td></td><td>Supprimé Non</td><td></td></tr> <tr> <td colspan="3">Détails évaluation</td></tr> <tr> <td colspan="3"> <table border="1"> <thead> <tr> <th>Run</th><th>1</th></tr> </thead> <tbody> <tr> <td>#</td><td>Density (Km²)</td><td>Cluster PF</td><td>Phasing</td><td>% Preprocessing</td><td>Reads (M)</td><td>Reads (M)</td><td>% Q30</td><td>Cycles Retard</td><td>% Alignment</td><td>% Error Rate</td><td>% Error Rate</td><td>% Error Rate</td><td>Intensity Cycle 10</td><td>Intensity Cycle 20</td></tr> <tr> <td>1</td><td>700.00 ± 0.00</td><td>98.4 ± 1.97</td><td>0.232</td><td>100.00</td><td>195,670</td><td>173,480</td><td>91,400</td><td>100</td><td>0.10 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.13 ± 0.03</td><td>0.22 ± 0.08</td><td>0.20 ± 0.10</td><td>5,181.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>2</td><td>693.00 ± 0.00</td><td>98.6 ± 0.94</td><td>0.237</td><td>100.00</td><td>188,790</td><td>169,940</td><td>91,300</td><td>100</td><td>0.10 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.13 ± 0.04</td><td>0.22 ± 0.10</td><td>0.20 ± 0.10</td><td>5,151.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>3</td><td>676.00 ± 0.00</td><td>98.9 ± 0.21</td><td>0.237</td><td>100.00</td><td>186,820</td><td>168,910</td><td>92,100</td><td>100</td><td>1.30 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.16 ± 0.10</td><td>0.25 ± 0.12</td><td>0.20 ± 0.10</td><td>5,160.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>4</td><td>613.00 ± 0.00</td><td>94.8 ± 0.20</td><td>0.200</td><td>0.184</td><td>165,510</td><td>150,970</td><td>94,200</td><td>100</td><td>1.00 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.14</td><td>0.27 ± 0.13</td><td>0.20 ± 0.15</td><td>4,904.00 ± 1.70</td></tr> <tr> <td>5</td><td>601.00 ± 0.00</td><td>94.0 ± 0.19</td><td>0.195</td><td>0.185</td><td>182,840</td><td>165,740</td><td>93,700</td><td>100</td><td>0.90 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.14</td><td>0.27 ± 0.14</td><td>0.20 ± 0.15</td><td>5,010.00 ± 1.40</td></tr> <tr> <td>6</td><td>595.00 ± 0.00</td><td>94.2 ± 0.18</td><td>0.183</td><td>0.185</td><td>194,560</td><td>154,510</td><td>94,400</td><td>100</td><td>1.00 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.14</td><td>0.27 ± 0.15</td><td>0.20 ± 0.17</td><td>4,955.00 ± 1.60</td></tr> <tr> <td>7</td><td>132.00 ± 0.00</td><td>91.8 ± 0.18</td><td>0.182</td><td>0.181</td><td>199,240</td><td>181,940</td><td>92,800</td><td>100</td><td>0.90 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.21 ± 0.17</td><td>0.32 ± 0.18</td><td>0.40 ± 0.20</td><td>57,100.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>8</td><td>105.00 ± 0.00</td><td>91.2 ± 0.18</td><td>0.182</td><td>0.181</td><td>199,240</td><td>181,940</td><td>92,800</td><td>100</td><td>0.90 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.21 ± 0.17</td><td>0.32 ± 0.18</td><td>0.40 ± 0.20</td><td>54,000.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>9</td><td>92.00 ± 0.00</td><td>91.8 ± 0.18</td><td>0.187</td><td>0.178</td><td>221,895</td><td>196,700</td><td>90,900</td><td>100</td><td>0.50 ± 0.00</td><td>0.24 ± 0.01</td><td>0.21 ± 0.21</td><td>0.37 ± 0.20</td><td>0.46 ± 0.22</td><td>4,691.00 ± 0.20</td></tr> </tbody> </table> </td></tr> </tbody> </table>	Code	141029_HISEQ5_C4VN4ACXX	Type	RHT2000	Etat	Séquençage en cours	Mise à jour		Validé ?	—	% Clusters (totaux)		Captures Résultat	—	% Clusters (totaux)		Critères	—	% Bases (totaux)		Evalué par	replic (06/11/2014)	A convenance □				Supprimé Non		Détails évaluation			<table border="1"> <thead> <tr> <th>Run</th><th>1</th></tr> </thead> <tbody> <tr> <td>#</td><td>Density (Km²)</td><td>Cluster PF</td><td>Phasing</td><td>% Preprocessing</td><td>Reads (M)</td><td>Reads (M)</td><td>% Q30</td><td>Cycles Retard</td><td>% Alignment</td><td>% Error Rate</td><td>% Error Rate</td><td>% Error Rate</td><td>Intensity Cycle 10</td><td>Intensity Cycle 20</td></tr> <tr> <td>1</td><td>700.00 ± 0.00</td><td>98.4 ± 1.97</td><td>0.232</td><td>100.00</td><td>195,670</td><td>173,480</td><td>91,400</td><td>100</td><td>0.10 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.13 ± 0.03</td><td>0.22 ± 0.08</td><td>0.20 ± 0.10</td><td>5,181.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>2</td><td>693.00 ± 0.00</td><td>98.6 ± 0.94</td><td>0.237</td><td>100.00</td><td>188,790</td><td>169,940</td><td>91,300</td><td>100</td><td>0.10 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.13 ± 0.04</td><td>0.22 ± 0.10</td><td>0.20 ± 0.10</td><td>5,151.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>3</td><td>676.00 ± 0.00</td><td>98.9 ± 0.21</td><td>0.237</td><td>100.00</td><td>186,820</td><td>168,910</td><td>92,100</td><td>100</td><td>1.30 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.16 ± 0.10</td><td>0.25 ± 0.12</td><td>0.20 ± 0.10</td><td>5,160.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>4</td><td>613.00 ± 0.00</td><td>94.8 ± 0.20</td><td>0.200</td><td>0.184</td><td>165,510</td><td>150,970</td><td>94,200</td><td>100</td><td>1.00 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.14</td><td>0.27 ± 0.13</td><td>0.20 ± 0.15</td><td>4,904.00 ± 1.70</td></tr> <tr> <td>5</td><td>601.00 ± 0.00</td><td>94.0 ± 0.19</td><td>0.195</td><td>0.185</td><td>182,840</td><td>165,740</td><td>93,700</td><td>100</td><td>0.90 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.14</td><td>0.27 ± 0.14</td><td>0.20 ± 0.15</td><td>5,010.00 ± 1.40</td></tr> <tr> <td>6</td><td>595.00 ± 0.00</td><td>94.2 ± 0.18</td><td>0.183</td><td>0.185</td><td>194,560</td><td>154,510</td><td>94,400</td><td>100</td><td>1.00 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.14</td><td>0.27 ± 0.15</td><td>0.20 ± 0.17</td><td>4,955.00 ± 1.60</td></tr> <tr> <td>7</td><td>132.00 ± 0.00</td><td>91.8 ± 0.18</td><td>0.182</td><td>0.181</td><td>199,240</td><td>181,940</td><td>92,800</td><td>100</td><td>0.90 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.21 ± 0.17</td><td>0.32 ± 0.18</td><td>0.40 ± 0.20</td><td>57,100.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>8</td><td>105.00 ± 0.00</td><td>91.2 ± 0.18</td><td>0.182</td><td>0.181</td><td>199,240</td><td>181,940</td><td>92,800</td><td>100</td><td>0.90 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.21 ± 0.17</td><td>0.32 ± 0.18</td><td>0.40 ± 0.20</td><td>54,000.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>9</td><td>92.00 ± 0.00</td><td>91.8 ± 0.18</td><td>0.187</td><td>0.178</td><td>221,895</td><td>196,700</td><td>90,900</td><td>100</td><td>0.50 ± 0.00</td><td>0.24 ± 0.01</td><td>0.21 ± 0.21</td><td>0.37 ± 0.20</td><td>0.46 ± 0.22</td><td>4,691.00 ± 0.20</td></tr> </tbody> </table>			Run	1	#	Density (Km²)	Cluster PF	Phasing	% Preprocessing	Reads (M)	Reads (M)	% Q30	Cycles Retard	% Alignment	% Error Rate	% Error Rate	% Error Rate	Intensity Cycle 10	Intensity Cycle 20	1	700.00 ± 0.00	98.4 ± 1.97	0.232	100.00	195,670	173,480	91,400	100	0.10 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.13 ± 0.03	0.22 ± 0.08	0.20 ± 0.10	5,181.00 ± 1.50	2	693.00 ± 0.00	98.6 ± 0.94	0.237	100.00	188,790	169,940	91,300	100	0.10 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.13 ± 0.04	0.22 ± 0.10	0.20 ± 0.10	5,151.00 ± 1.50	3	676.00 ± 0.00	98.9 ± 0.21	0.237	100.00	186,820	168,910	92,100	100	1.30 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.16 ± 0.10	0.25 ± 0.12	0.20 ± 0.10	5,160.00 ± 1.50	4	613.00 ± 0.00	94.8 ± 0.20	0.200	0.184	165,510	150,970	94,200	100	1.00 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.18 ± 0.14	0.27 ± 0.13	0.20 ± 0.15	4,904.00 ± 1.70	5	601.00 ± 0.00	94.0 ± 0.19	0.195	0.185	182,840	165,740	93,700	100	0.90 ± 0.00	0.18 ± 0.00	0.18 ± 0.14	0.27 ± 0.14	0.20 ± 0.15	5,010.00 ± 1.40	6	595.00 ± 0.00	94.2 ± 0.18	0.183	0.185	194,560	154,510	94,400	100	1.00 ± 0.00	0.18 ± 0.00	0.18 ± 0.14	0.27 ± 0.15	0.20 ± 0.17	4,955.00 ± 1.60	7	132.00 ± 0.00	91.8 ± 0.18	0.182	0.181	199,240	181,940	92,800	100	0.90 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.21 ± 0.17	0.32 ± 0.18	0.40 ± 0.20	57,100.00 ± 1.50	8	105.00 ± 0.00	91.2 ± 0.18	0.182	0.181	199,240	181,940	92,800	100	0.90 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.21 ± 0.17	0.32 ± 0.18	0.40 ± 0.20	54,000.00 ± 1.50	9	92.00 ± 0.00	91.8 ± 0.18	0.187	0.178	221,895	196,700	90,900	100	0.50 ± 0.00	0.24 ± 0.01	0.21 ± 0.21	0.37 ± 0.20	0.46 ± 0.22	4,691.00 ± 0.20
Code	141029_HISEQ5_C4VN4ACXX	Type	RHT2000																																																																																																																																																																																							
Etat	Séquençage en cours	Mise à jour																																																																																																																																																																																								
Validé ?	—	% Clusters (totaux)																																																																																																																																																																																								
Captures Résultat	—	% Clusters (totaux)																																																																																																																																																																																								
Critères	—	% Bases (totaux)																																																																																																																																																																																								
Evalué par	replic (06/11/2014)	A convenance □																																																																																																																																																																																								
		Supprimé Non																																																																																																																																																																																								
Détails évaluation																																																																																																																																																																																										
<table border="1"> <thead> <tr> <th>Run</th><th>1</th></tr> </thead> <tbody> <tr> <td>#</td><td>Density (Km²)</td><td>Cluster PF</td><td>Phasing</td><td>% Preprocessing</td><td>Reads (M)</td><td>Reads (M)</td><td>% Q30</td><td>Cycles Retard</td><td>% Alignment</td><td>% Error Rate</td><td>% Error Rate</td><td>% Error Rate</td><td>Intensity Cycle 10</td><td>Intensity Cycle 20</td></tr> <tr> <td>1</td><td>700.00 ± 0.00</td><td>98.4 ± 1.97</td><td>0.232</td><td>100.00</td><td>195,670</td><td>173,480</td><td>91,400</td><td>100</td><td>0.10 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.13 ± 0.03</td><td>0.22 ± 0.08</td><td>0.20 ± 0.10</td><td>5,181.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>2</td><td>693.00 ± 0.00</td><td>98.6 ± 0.94</td><td>0.237</td><td>100.00</td><td>188,790</td><td>169,940</td><td>91,300</td><td>100</td><td>0.10 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.13 ± 0.04</td><td>0.22 ± 0.10</td><td>0.20 ± 0.10</td><td>5,151.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>3</td><td>676.00 ± 0.00</td><td>98.9 ± 0.21</td><td>0.237</td><td>100.00</td><td>186,820</td><td>168,910</td><td>92,100</td><td>100</td><td>1.30 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.16 ± 0.10</td><td>0.25 ± 0.12</td><td>0.20 ± 0.10</td><td>5,160.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>4</td><td>613.00 ± 0.00</td><td>94.8 ± 0.20</td><td>0.200</td><td>0.184</td><td>165,510</td><td>150,970</td><td>94,200</td><td>100</td><td>1.00 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.14</td><td>0.27 ± 0.13</td><td>0.20 ± 0.15</td><td>4,904.00 ± 1.70</td></tr> <tr> <td>5</td><td>601.00 ± 0.00</td><td>94.0 ± 0.19</td><td>0.195</td><td>0.185</td><td>182,840</td><td>165,740</td><td>93,700</td><td>100</td><td>0.90 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.14</td><td>0.27 ± 0.14</td><td>0.20 ± 0.15</td><td>5,010.00 ± 1.40</td></tr> <tr> <td>6</td><td>595.00 ± 0.00</td><td>94.2 ± 0.18</td><td>0.183</td><td>0.185</td><td>194,560</td><td>154,510</td><td>94,400</td><td>100</td><td>1.00 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.00</td><td>0.18 ± 0.14</td><td>0.27 ± 0.15</td><td>0.20 ± 0.17</td><td>4,955.00 ± 1.60</td></tr> <tr> <td>7</td><td>132.00 ± 0.00</td><td>91.8 ± 0.18</td><td>0.182</td><td>0.181</td><td>199,240</td><td>181,940</td><td>92,800</td><td>100</td><td>0.90 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.21 ± 0.17</td><td>0.32 ± 0.18</td><td>0.40 ± 0.20</td><td>57,100.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>8</td><td>105.00 ± 0.00</td><td>91.2 ± 0.18</td><td>0.182</td><td>0.181</td><td>199,240</td><td>181,940</td><td>92,800</td><td>100</td><td>0.90 ± 0.00</td><td>0.20 ± 0.00</td><td>0.21 ± 0.17</td><td>0.32 ± 0.18</td><td>0.40 ± 0.20</td><td>54,000.00 ± 1.50</td></tr> <tr> <td>9</td><td>92.00 ± 0.00</td><td>91.8 ± 0.18</td><td>0.187</td><td>0.178</td><td>221,895</td><td>196,700</td><td>90,900</td><td>100</td><td>0.50 ± 0.00</td><td>0.24 ± 0.01</td><td>0.21 ± 0.21</td><td>0.37 ± 0.20</td><td>0.46 ± 0.22</td><td>4,691.00 ± 0.20</td></tr> </tbody> </table>			Run	1	#	Density (Km²)	Cluster PF	Phasing	% Preprocessing	Reads (M)	Reads (M)	% Q30	Cycles Retard	% Alignment	% Error Rate	% Error Rate	% Error Rate	Intensity Cycle 10	Intensity Cycle 20	1	700.00 ± 0.00	98.4 ± 1.97	0.232	100.00	195,670	173,480	91,400	100	0.10 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.13 ± 0.03	0.22 ± 0.08	0.20 ± 0.10	5,181.00 ± 1.50	2	693.00 ± 0.00	98.6 ± 0.94	0.237	100.00	188,790	169,940	91,300	100	0.10 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.13 ± 0.04	0.22 ± 0.10	0.20 ± 0.10	5,151.00 ± 1.50	3	676.00 ± 0.00	98.9 ± 0.21	0.237	100.00	186,820	168,910	92,100	100	1.30 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.16 ± 0.10	0.25 ± 0.12	0.20 ± 0.10	5,160.00 ± 1.50	4	613.00 ± 0.00	94.8 ± 0.20	0.200	0.184	165,510	150,970	94,200	100	1.00 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.18 ± 0.14	0.27 ± 0.13	0.20 ± 0.15	4,904.00 ± 1.70	5	601.00 ± 0.00	94.0 ± 0.19	0.195	0.185	182,840	165,740	93,700	100	0.90 ± 0.00	0.18 ± 0.00	0.18 ± 0.14	0.27 ± 0.14	0.20 ± 0.15	5,010.00 ± 1.40	6	595.00 ± 0.00	94.2 ± 0.18	0.183	0.185	194,560	154,510	94,400	100	1.00 ± 0.00	0.18 ± 0.00	0.18 ± 0.14	0.27 ± 0.15	0.20 ± 0.17	4,955.00 ± 1.60	7	132.00 ± 0.00	91.8 ± 0.18	0.182	0.181	199,240	181,940	92,800	100	0.90 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.21 ± 0.17	0.32 ± 0.18	0.40 ± 0.20	57,100.00 ± 1.50	8	105.00 ± 0.00	91.2 ± 0.18	0.182	0.181	199,240	181,940	92,800	100	0.90 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.21 ± 0.17	0.32 ± 0.18	0.40 ± 0.20	54,000.00 ± 1.50	9	92.00 ± 0.00	91.8 ± 0.18	0.187	0.178	221,895	196,700	90,900	100	0.50 ± 0.00	0.24 ± 0.01	0.21 ± 0.21	0.37 ± 0.20	0.46 ± 0.22	4,691.00 ± 0.20																																
Run	1																																																																																																																																																																																									
#	Density (Km²)	Cluster PF	Phasing	% Preprocessing	Reads (M)	Reads (M)	% Q30	Cycles Retard	% Alignment	% Error Rate	% Error Rate	% Error Rate	Intensity Cycle 10	Intensity Cycle 20																																																																																																																																																																												
1	700.00 ± 0.00	98.4 ± 1.97	0.232	100.00	195,670	173,480	91,400	100	0.10 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.13 ± 0.03	0.22 ± 0.08	0.20 ± 0.10	5,181.00 ± 1.50																																																																																																																																																																												
2	693.00 ± 0.00	98.6 ± 0.94	0.237	100.00	188,790	169,940	91,300	100	0.10 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.13 ± 0.04	0.22 ± 0.10	0.20 ± 0.10	5,151.00 ± 1.50																																																																																																																																																																												
3	676.00 ± 0.00	98.9 ± 0.21	0.237	100.00	186,820	168,910	92,100	100	1.30 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.16 ± 0.10	0.25 ± 0.12	0.20 ± 0.10	5,160.00 ± 1.50																																																																																																																																																																												
4	613.00 ± 0.00	94.8 ± 0.20	0.200	0.184	165,510	150,970	94,200	100	1.00 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.18 ± 0.14	0.27 ± 0.13	0.20 ± 0.15	4,904.00 ± 1.70																																																																																																																																																																												
5	601.00 ± 0.00	94.0 ± 0.19	0.195	0.185	182,840	165,740	93,700	100	0.90 ± 0.00	0.18 ± 0.00	0.18 ± 0.14	0.27 ± 0.14	0.20 ± 0.15	5,010.00 ± 1.40																																																																																																																																																																												
6	595.00 ± 0.00	94.2 ± 0.18	0.183	0.185	194,560	154,510	94,400	100	1.00 ± 0.00	0.18 ± 0.00	0.18 ± 0.14	0.27 ± 0.15	0.20 ± 0.17	4,955.00 ± 1.60																																																																																																																																																																												
7	132.00 ± 0.00	91.8 ± 0.18	0.182	0.181	199,240	181,940	92,800	100	0.90 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.21 ± 0.17	0.32 ± 0.18	0.40 ± 0.20	57,100.00 ± 1.50																																																																																																																																																																												
8	105.00 ± 0.00	91.2 ± 0.18	0.182	0.181	199,240	181,940	92,800	100	0.90 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.21 ± 0.17	0.32 ± 0.18	0.40 ± 0.20	54,000.00 ± 1.50																																																																																																																																																																												
9	92.00 ± 0.00	91.8 ± 0.18	0.187	0.178	221,895	196,700	90,900	100	0.50 ± 0.00	0.24 ± 0.01	0.21 ± 0.21	0.37 ± 0.20	0.46 ± 0.22	4,691.00 ± 0.20																																																																																																																																																																												

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 Indicateurs Traduire Rechercher Associer Sélectionner Modification Zoom

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

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

Tri par RUN → Run 121023_HISEQ10_C177JACXX

Tri par READ → • read1

N° des lanes et cyclesErrRated →

Visualisation des données SAV [BAD] et [FLAG]

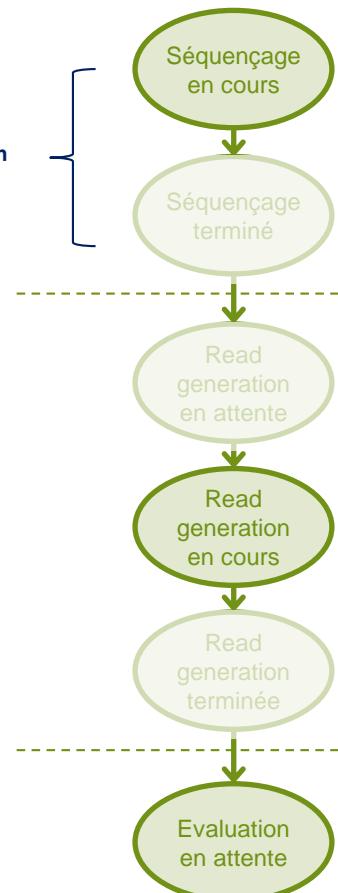
Lane	BAD	FLAG
Number=2 cyclesErrRated=99	<ul style="list-style-type: none"> ◦ clusterDensity=1100 ◦ clusterPFPerc=61.0 	<ul style="list-style-type: none"> ◦ phasing=0.55 ◦ prephasing=0.57 ◦ errorRatePerc=0.73
Number=7 cyclesErrRated=99	<ul style="list-style-type: none"> ◦ greaterQ30Perc=70.0 	
Number=8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

• read2

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



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.



131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

Code	131016_HB0622_C02L1AC0X	Type	RH2000	Alt Cycles												
Etat	Séquençage en cours			Ligne Contrôle												
Validé ?	—	rama_nb_cluster_llama	0	Code Foncail												
Comptes Rendus		rama_nb_beauc_en_gb		Postion Flanciel												
Critères																
Evalué par	0															
RAM																
Density	% Cluster	% Cluster	Reads (MB)	Reads (MB)	% I/O = Q30	Cycles Est	% Alignment	% Error	% Error Rate	% Error Rate	Intensity	% Intensity	Cycle 20	Alerter		
# (KHz/sec)	PF	Phy/Probes	(MB)	(MB)	Q30	Cycle	Rate	Rate	Rate	Rate	Cycle	Cycle	Cycle			
1	1.533.00	—	0.15/0.171	285.600	229.580	81.900	100	0.40 ± 0.10	0.02 ± 0.01	0.01 ± 0.21	0.38 ± 0.26	0.03 ± 0.22	0.01 ± 0.10	5.70 ± 1.50	79.00 ± 14.00	247.00
2	50.00	6.00														
3	79.00	—	0.14/0.161	100.150	193.560	91.400	100	0.77 ± 0.05	0.07 ± 0.01	0.14 ± 0.07	0.29 ± 0.06	0.06 ± 0.06	0.01 ± 0.01	2.17 ± 0.88	81.00 ± 1.00	234.00
4	98.00	—	0.15/0.172	273.040	229.290	88.600	100	1.30 ± 0.20	0.35 ± 0.05	0.23 ± 0.19	0.27 ± 0.12	0.12 ± 0.11	0.03 ± 0.11	5.15/0.55	79.00 ± 12.00	230.00
5	100.00	—	0.15/0.172	273.040	229.290	88.600	100	1.30 ± 0.20	0.35 ± 0.05	0.23 ± 0.19	0.27 ± 0.12	0.12 ± 0.11	0.03 ± 0.11	5.15/0.55	79.00 ± 12.00	230.00
6	704.00	—	0.13/0.162	194.720	193.850	94.300	100	0.90 ± 0.00	0.20 ± 0.01	0.14 ± 0.08	0.20 ± 0.06	0.07 ± 0.06	0.03 ± 0.03	4.50 ± 0.00	83.50 ± 10.00	272.00
7	84.00	1.60														
8	569.00	—	0.15/0.165	156.580	148.25	95.700	100	0.89 ± 0.00	0.09 ± 0.01	0.14 ± 0.08	0.19 ± 0.06	0.02 ± 0.06	0.03 ± 0.03	5.98 ± 0.00	83.00 ± 11.00	230.00
9	600.00	—	0.15/0.165	156.580	148.25	95.700	100	0.89 ± 0.00	0.09 ± 0.01	0.14 ± 0.08	0.19 ± 0.06	0.02 ± 0.06	0.03 ± 0.03	5.98 ± 0.00	83.00 ± 11.00	230.00
10	69.00	—	0.12/0.178	180.450	170.050	91.000	100	0.89 ± 0.00	0.20 ± 0.01	0.15 ± 0.01	0.19 ± 0.07	0.02 ± 0.07	0.03 ± 0.03	4.00 ± 0.00	82.00 ± 12.00	220.00
11	76.00	—	0.12/0.178	180.450	170.050	91.000	100	0.89 ± 0.00	0.20 ± 0.01	0.15 ± 0.01	0.19 ± 0.07	0.02 ± 0.07	0.03 ± 0.03	4.00 ± 0.00	82.00 ± 12.00	220.00
12	830.00	—	0.13/0.162	175.850	164.590	94.000	100	1.00 ± 0.10	0.30 ± 0.05	0.14 ± 0.07	0.19 ± 0.05	0.02 ± 0.05	0.03 ± 0.03	5.40 ± 0.00	84.00 ± 13.00	188.00
13	93.00	1.50														
Read 2																
Density	% Cluster	% Cluster	Reads (MB)	Reads (MB)	% I/O = Q30	Cycles Est	% Alignment	% Error	% Error Rate	Intensity	Cycle 20	Alerter				
# (KHz/sec)	PF	Phy/Probes	(MB)	(MB)	Q30	Cycle	Rate	Rate	Rate	Rate	Cycle	Cycle	Cycle	Cycle		
1	1.533.00	—	0.15/0.171	285.600	229.580	75.100	100	0.40 ± 0.10	0.02 ± 0.01	0.04 ± 0.05	0.38 ± 0.26	0.03 ± 0.22	0.01 ± 0.08	5.70 ± 1.50	80.00 ± 14.00	247.00
2	750.00	—	0.15/0.169	205.100	193.560	90.700	100	0.77 ± 0.05	0.07 ± 0.01	0.17 ± 0.03	0.33 ± 0.05	0.04 ± 0.05	0.01 ± 0.05	5.15/0.55	80.00 ± 14.00	247.00
3	100.00	—	0.15/0.169	205.100	193.560	90.700	100	0.77 ± 0.05	0.07 ± 0.01	0.17 ± 0.03	0.33 ± 0.05	0.04 ± 0.05	0.01 ± 0.05	5.15/0.55	80.00 ± 14.00	247.00
4	704.00	—	0.15/0.174	194.720	180.150	91.000	100	1.20 ± 0.20	0.30 ± 0.05	0.26 ± 0.18	0.34 ± 0.19	0.07 ± 0.28	0.03 ± 0.13	6.00 ± 0.00	82.00 ± 12.00	220.00
5	90.00	—	0.15/0.174	194.720	180.150	91.000	100	1.20 ± 0.20	0.30 ± 0.05	0.26 ± 0.18	0.34 ± 0.19	0.07 ± 0.28	0.03 ± 0.13	6.00 ± 0.00	82.00 ± 12.00	220.00
6	590.00	—	0.15/0.177	156.580	148.25	95.700	100	0.89 ± 0.00	0.20 ± 0.01	0.14 ± 0.02	0.23 ± 0.03	0.02 ± 0.02	0.03 ± 0.03	4.50 ± 0.00	84.00 ± 14.00	247.00
7	600.00	—	0.15/0.177	156.580	148.25	95.700	100	0.89 ± 0.00	0.20 ± 0.01	0.14 ± 0.02	0.23 ± 0.03	0.02 ± 0.02	0.03 ± 0.03	4.50 ± 0.00	84.00 ± 14.00	247.00
8	69.00	—	0.15/0.193	175.850	164.590	92.100	100	1.00 ± 0.10	0.30 ± 0.05	0.17 ± 0.03	0.22 ± 0.05	0.03 ± 0.05	0.04 ± 0.04	4.90 ± 0.00	85.00 ± 11.00	203.00
9	84.00	—	0.15/0.193	175.850	164.590	92.100	100	1.00 ± 0.10	0.30 ± 0.05	0.17 ± 0.03	0.22 ± 0.05	0.03 ± 0.05	0.04 ± 0.04	4.90 ± 0.00	85.00 ± 11.00	203.00

121107 HISSEQ1 D094VACXX Evaluation

Code	121107_1H8EQ1_D094ACDX	Type	RH0200	Nb-Cycles	51		
Etat	Evaluation en absence			Ligne Contrôle	B		
Valeur	?	runs_nb_cluster_initial	1,230,047,824	Code Fovwell	D094ACDX		
		runs_nb_clusters_percent	1,174,402,754 (91.7%)				
Comptes Rendus		runs_nb_bases_ng_gb	68,116,828,712	Position Fovwell	B		
Critères							
Évalué par	gabriel (21110213)						
rapport	kmz						
#	M-B-Cycles	Clustering	% Clusters Filtrés (Bulles)	M-B-Cycles Filtrés (Bulles)	% Séquences Filtrées (Intégral)	M-B Séquences Filtrées (Intégral + intérêts)	% Séquences Filtrées (Intégral + intérêts)
1	510	134,565,000	98.00	127,000,395	98.00	120,000,000	98.00
2	1510	101,100,000	91.67	94,000,000	91.67	91,127,101	91.67
3	510	151,101,407	93.38	151,367,923	97.08	151,714,386	97.08
4	510	147,511,352	88.31	146,297,593	99.02	129,100,550	97.93
5	510	150,354,050	92.61	150,542,724	99.32	155,484,514	97.29
6	510	150,389,268	90.34	141,501,489	99.25	140,430,544	97.12
7	510	150,389,178	90.32	162,550,744	99.33	161,161,351	92.34

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							

Evalué par galbini (21/11/2013)

ngsrg sav

#	Nb Cycles	Nb Clusters	% Clusters Filtrés (illumina)	Nb Cluster Filtrés (illumina)	% Séquences Filtrées (interne)	Nb Séquences (filtre illumina + interne)	Nb Bases (filtre illumina + interne)	% Perte
1	51,0	134,586,023	94.96	127,800,396	98.65	126,080,079	6,430,084,029	
2	51,0	163,569,830	93.47	152,891,412	99.24	151,727,191	7,738,086,741	
3	51,0	178,101,407	92.28	164,357,623	97.58	160,374,386	8,179,093,686	
4	51,0	147,531,752	88.31	130,287,593	99.02	129,010,590	6,579,540,090	
5	51,0	170,135,954	92.01	156,542,724	99.32	155,484,614	7,929,715,314	
6	51,0	158,386,268	89.34	141,501,489	99.25	140,436,044	7,162,238,244	
7	51,0	180,379,018	90.12	162,556,744	99.33	161,461,951	8,234,559,501	
8	51,0	147,357,572	94.01	138,524,583	1.52	2,100,387	107,119,737	

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_B00EPPIR_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_B00EUJ1_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	---	---



WORKFLOW RUN

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

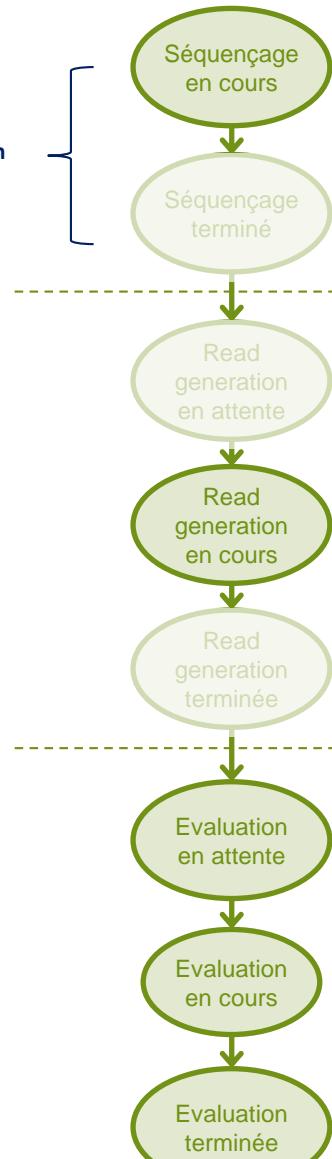
- Import(s) SAV Summary Report en cours ou à la fin du run**
→ données visualisables dans l'interface du run.

- 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	C2GL1ACXX	Version RTA	Versus Flowcell	Code Instrument	HISEQ2
Etat	Séquençage en cours	rms_nb_cluster_total		Position Flowcell		Créées		Code Floucell		Position Instrument	
Validé ?	—	rms_nb_cluster_Blanche	0	Piles							
		rms_nb_bases_en_gb		#		Validé ?	Comptes Rendus				
Comptes Rendus											
Évalué par	0										
Résumé											
Identité	PF	% Cluster	% Phas/Préphas	Résumé (M)	Résumé (G)	% Interv.	Capteur Err.	% Alignement	% Error Rate	% Error Rate	% Interv. Cycle
750.00 +/-	0.134 / 0.162	194.720	180.850	94.300	100	0.80 +/- 0.15	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.05	0.450 +/- 0.00
75.00	0.148 / 0.181	210.120	193.350	93.400	100	0.75 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.07	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.05	0.540 +/- 0.00
75.00	0.150 / 0.172	273.940	239.200	88.800	100	1.30 +/- 0.20	0.22 +/- 0.01	0.21 +/- 0.10	0.27 +/- 0.12	0.35 +/- 0.11	7.930 +/- 1.20
3. 86.00 +/-	0.42-0.45	180.850	176.050	94.300	100	0.80 +/- 0.15	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.05	0.450 +/- 0.00
64.00	0.134 / 0.162	194.720	180.850	94.300	100	0.80 +/- 0.15	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.05	0.272 +/- 0.00
64.00	0.134 / 0.162	194.720	180.850	94.300	100	0.80 +/- 0.15	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.05	0.272 +/- 0.00
65.00 +/-	0.134 / 0.162	194.720	180.850	94.300	100	0.80 +/- 0.15	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.05	0.272 +/- 0.00
68.00 +/-	0.121 / 0.159	180.400	176.050	93.800	100	0.80 +/- 0.05	0.28 +/- 0.01	0.14 +/- 0.11	0.19 +/- 0.07	0.25 +/- 0.07	4.410 +/- 0.00
68.00 +/-	0.125 / 0.161	155.400	146.740	95.400	100	1.30 +/- 0.00	0.28 +/- 0.01	0.14 +/- 0.06	0.19 +/- 0.12	0.26 +/- 0.13	0.452 +/- 0.00
58.00	0.133 / 0.162	171.850	164.500	94.800	100	1.00 +/- 0.10	0.28 +/- 0.05	0.14 +/- 0.07	0.19 +/- 0.05	0.26 +/- 0.05	0.450 +/- 0.00
62.00 +/-	0.133 / 0.162	171.850	164.500	94.800	100	1.00 +/- 0.10	0.28 +/- 0.05	0.14 +/- 0.07	0.19 +/- 0.05	0.26 +/- 0.05	0.450 +/- 0.00
Résumé											
Identité	PF	% Cluster	% Phas/Préphas	Résumé (M)	Résumé (G)	% Interv.	Capteur Err.	% Alignement	% Error Rate	% Error Rate	% Interv. Cycle
750.00 +/-	0.134 / 0.162	194.720	180.850	94.300	100	0.80 +/- 0.15	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.05	0.450 +/- 0.00
75.00	0.148 / 0.181	210.120	193.350	93.400	100	0.75 +/- 0.10	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.07	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.05	0.540 +/- 0.00
75.00	0.150 / 0.172	273.940	239.200	88.800	100	1.30 +/- 0.20	0.22 +/- 0.01	0.21 +/- 0.10	0.27 +/- 0.12	0.35 +/- 0.11	7.930 +/- 1.20
3. 86.00 +/-	0.42-0.45	180.850	176.050	94.300	100	0.80 +/- 0.15	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.05	0.450 +/- 0.00
64.00	0.134 / 0.162	194.720	180.850	94.300	100	0.80 +/- 0.15	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.05	0.272 +/- 0.00
64.00	0.134 / 0.162	194.720	180.850	94.300	100	0.80 +/- 0.15	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.05	0.272 +/- 0.00
65.00 +/-	0.134 / 0.162	194.720	180.850	94.300	100	0.80 +/- 0.15	0.27 +/- 0.01	0.14 +/- 0.08	0.29 +/- 0.05	0.27 +/- 0.05	0.272 +/- 0.00
68.00 +/-	0.121 / 0.159	180.400	176.050	93.800	100	0.80 +/- 0.05	0.28 +/- 0.01	0.14 +/- 0.11	0.19 +/- 0.07	0.25 +/- 0.07	4.410 +/- 0.00
68.00 +/-	0.125 / 0.161	155.400	146.740	95.400	100	1.30 +/- 0.00	0.28 +/- 0.01	0.14 +/- 0.06	0.19 +/- 0.12	0.26 +/- 0.13	0.452 +/- 0.00
58.00	0.133 / 0.162	171.850	164.500	94.800	100	1.00 +/- 0.10	0.28 +/- 0.05	0.14 +/- 0.07	0.19 +/- 0.05	0.26 +/- 0.05	0.450 +/- 0.00
62.00 +/-	0.133 / 0.162	171.850	164.500	94.800	100	1.00 +/- 0.10	0.28 +/- 0.05	0.14 +/- 0.07	0.19 +/- 0.05	0.26 +/- 0.05	0.450 +/- 0.00
Evaluation en attente											
Code	121107_HISEQ1_D094VACXX	Type	RH52000	Nb Cycles	1	Ligne Contrôle	D094VACXX	Version RTA	Versus Flowcell	Code Instrument	HISEQ1
Etat	Evaluation en attente	rms_nb_cluster_total	1,230,047,624	Position Flowcell	B	Créées		Code Floucell		Position Instrument	
Validé ?	—	rms_nb_cluster_Blanche	1,174,025,764 (91.7%)	Piles							
		rms_nb_bases_en_gb	68,110,828,712	#		Validé ?	Comptes Rendus				
Comptes Rendus											
Évalué par	patom (2/11/2013)										
Résumé											
#	Nb Clusters	% Clusters Filtrés (Blanche)	% Clusters Filtrés (Blanc)	Nb Séquences Filtrées (Intégral)	Nb Séquences Filtrées (Blanche)	% Perte					
1	124,595,023	94.50	94.50	127,895,398	127,895,398	0.00					
2	153,569,830	98.21	98.21	152,891,412	99.24	0.75					
3	153,161,407	92.28	92.28	164,357,623	97.58	5.62					
4	147,531,752	88.21	88.21	130,287,593	99.02	0.98					
5	173,125,854	92.21	92.21	155,542,724	99.32	0.58					
Evaluation terminée											
Code	121203_HISEQ7_D1DAGACXX	Type	RH52000	Nb Cycles	101	Ligne Contrôle	D1DAGACXX	Version RTA	Versus Flowcell	Code Instrument	HISEQ7
Etat	Evaluation terminée	rms_nb_cluster_total	1,217,897,788	Position Flowcell	A	Créées		Code Floucell		Position Instrument	
Validé ?	Oui	rms_nb_cluster_Blanche	1,143,757,640 (93.8%)	Piles							
		rms_nb_bases_en_gb	238,045,348,641	#		Validé ?	Comptes Rendus				
Comptes Rendus											
Évalué par	patom (2/11/2013)										
Résumé											
#	Nb Clusters	% Clusters Filtrés (Blanche)	% Clusters Filtrés (Blanc)	Nb Séquences Filtrées (Intégral)	Nb Séquences Filtrées (Blanche)	% Perte					
1	101,101	100,129,289	93.4	117,641,897	99.26	0.74					
2	101,101	153,733,784	93.99	144,714,120	98.99	1.01					
3	101,101	147,624,446	94.36	135,725,407	96.36	3.64					
4	101,101	161,129,161	93.68	160,911,077	98.84	1.16					
5	101,101	172,322,083	93.12	160,495,218	98.95	0.59					
7	101,101	148,747,426	94.05	138,496,162	99.79	0.21					
8	101,101	102,422,676	95.3	97,511,185	97.81	5.47					

PAGE 152

6. EVALUATION TERMINÉE

NGL-BI Evaluation▼ Runs▼ Readsets▼ Archives

Runs à Evaluer 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	

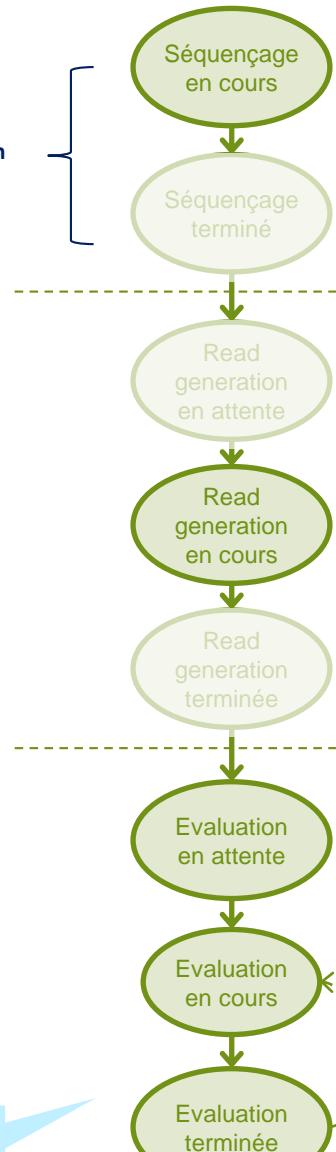
N° Piste	Code	% Séquences valides / piste	Nb Séquences Valides	Nb Bases	Q30	Score Qualité Moyen	Validé Prod ?	Validé BioInfo ?
1	E421_CB_B00EPPR_1_D1DAGACXX.IND2	37	66,141,643	13,360,611,886	92.7	36.15	---	---
1	E421_CB_B00EUIT_1_D1DAGACXX.IND4	38	66,712,820	13,475,989,640	92.81	36.2	---	---
1	E421_CB_B00EUJ_1_D1DAGACXX.IND5	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 153

WORKFLOW RUN

1. Séquençage en cours : création automatique du → 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).

(écrans pris sur différents runs)

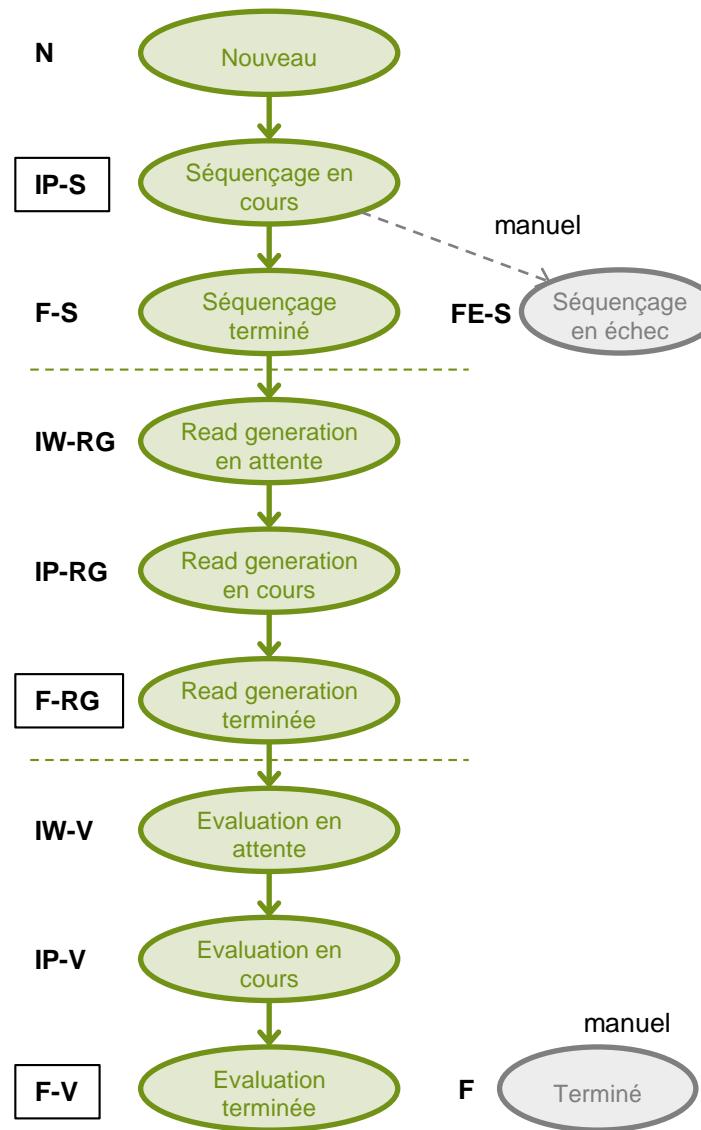
131108_HISEQ2_C2GL1ACXX Séquençage en cours

121107_HISEQ1_D094VACXX Evaluation

Code	12197_#B002_D0H4VACX	Type	RHD0000	Nb Cycles	11	Version RTA	1.12.48
Etat	Evaluation en cours			Ligne Cassette	6	Versus Headset	Hitting Row Cell v3
Valide ?	<input checked="" type="checkbox"/>	new_nb_nb_cluster_label	1,280,347,824 <th>Code Fichier</th> <td>D0H4VACX</td> <th>Code Instrument</th> <td>HREQ1</td>	Code Fichier	D0H4VACX	Code Instrument	HREQ1
Comptes Rendus	<input type="button" value="..."/>	new_nb_nb_error_lines	1,174,426,911 (91.75)	Position Fichier	B	Categorie Instrument	
Critères	<input type="button" value="..."/>	new_nb_nb_error_gb	68,118,823,712				
Evaluer par	<input type="button" value="param (25/11/2013)"/>						
<hr/>		new_nb_nb_error_gb	new_nb_nb_error_lines	new_nb_nb_cluster_label	new_nb_nb_error_gb	new_nb_nb_error_lines	new_nb_nb_cluster_label
1	510	124,580,023	94,49	127,000,399	89,05	120,300,079	6,430,004,929
2	163	182,559,630	93,47	181,991,412	89,24	151,127,181	7,738,005,741
3	173	182,559,630	93,47	181,991,412	89,24	151,127,181	7,738,005,741
4	143	311,752	80,21	164,397,559	87,98	129,144,660	6,479,040,986
5	110	170,135,954	92,21	150,542,724	92,32	105,484,514	7,323,710,314
6	112	108,386,488	92,21	143,584,689	89,75	148,548,508	2,091,238,548

121203_HISEQ7_D1DAGACXX Evaluation terminal

WORKFLOW RUN ET RÈGLES (NON EXHAUSTIF)



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 :

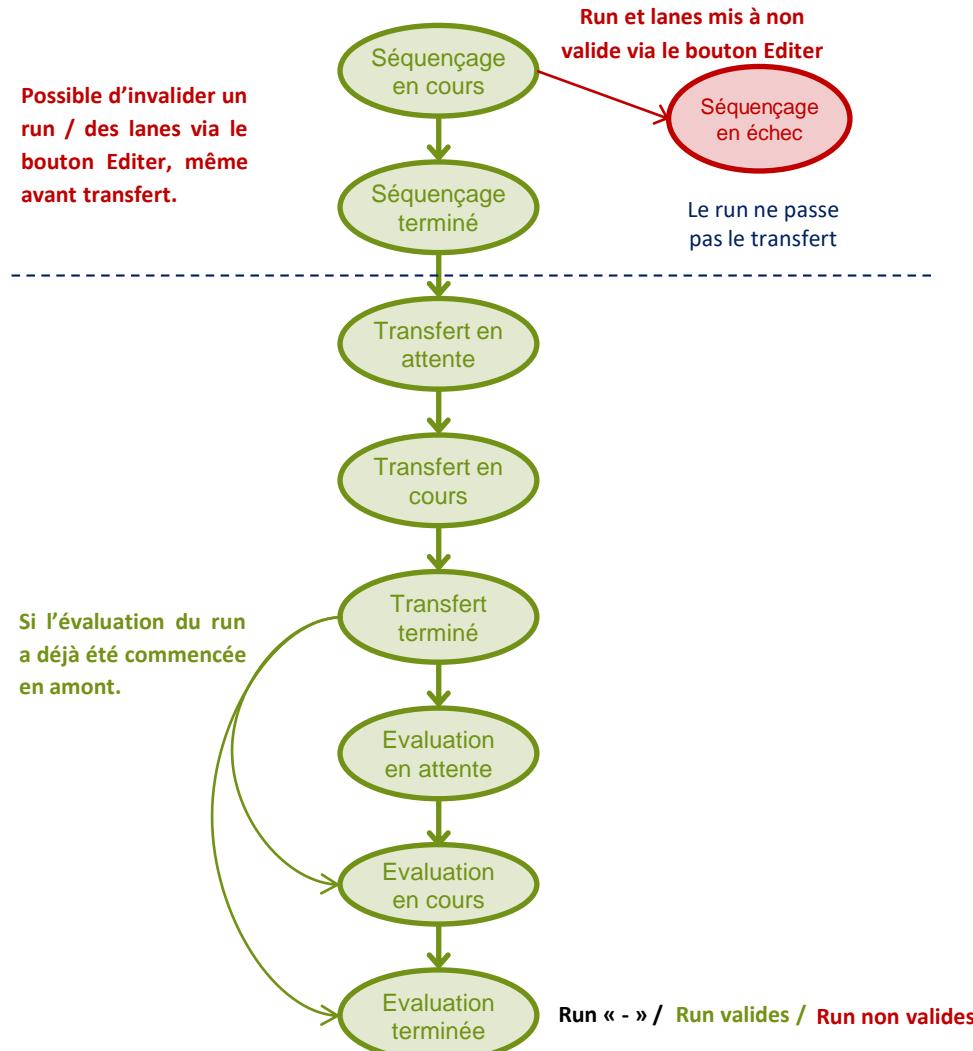
valid QC readset = false + état readset mis à F-VQC

CNS : mise à jour état run dans lims



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

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



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

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

Recherche

140225_HISEQ3_C3FFJACXX Séquençage en échec

Editer

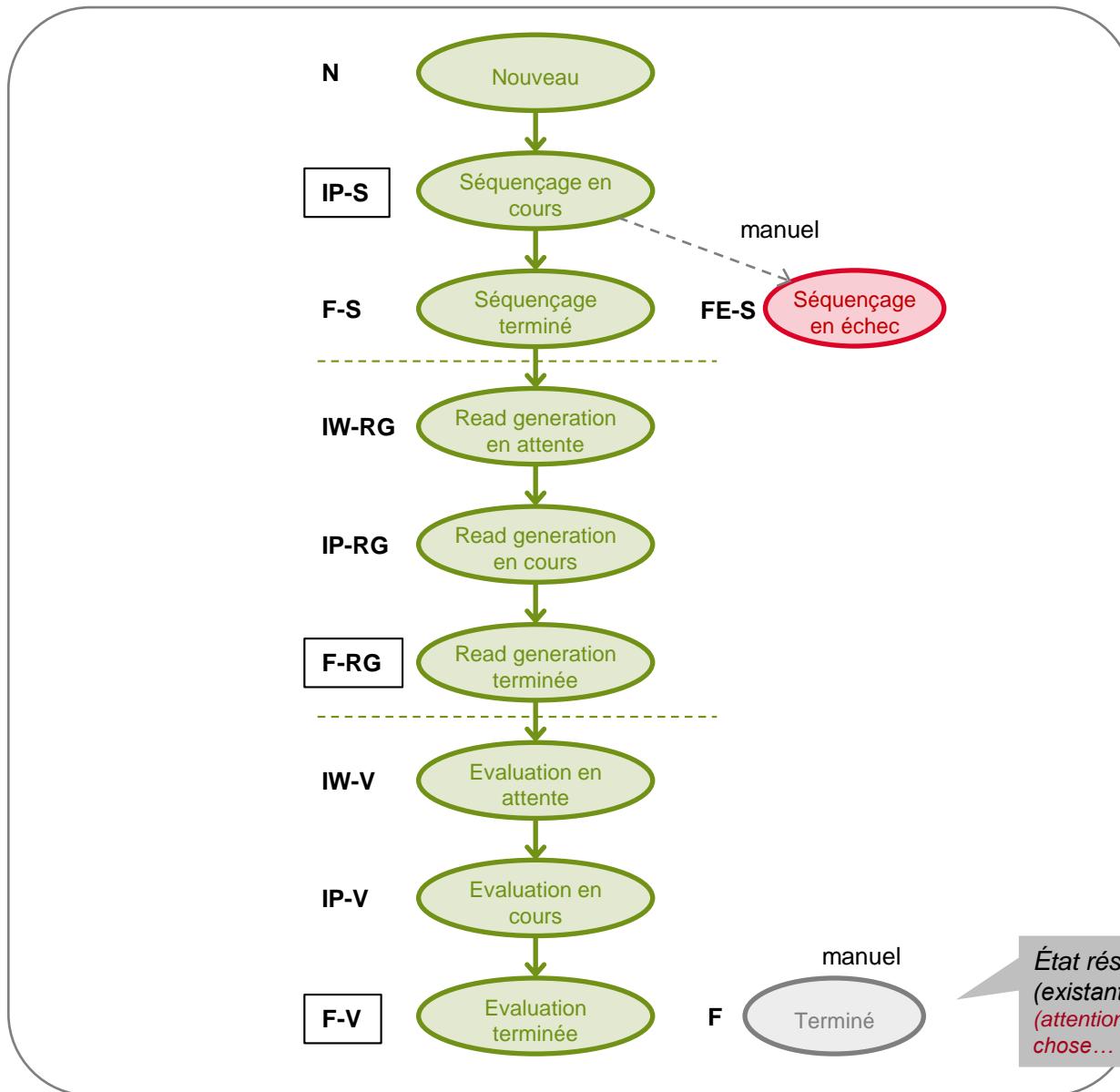
Code	140225_HISEQ3_C3FFJACXX	Type	RHS2000	Nb Cycles	Version RTA
Etat	Séquençage en échec	Nb Clusters (total)		Ligne Contrôle	Version Flowcell
Validé ?	Non	% Clusters filt. (moyenne)		Code Flowcell	C3FFJACXX
Comptes Rendus	Problème machine laser camera	Nb Clusters filt. (total)		Position Flowcell	Code Instrument HISEQ3
		Nb Bases (total)			Type d'Instrument HISEQ2000
Critères	Default	A conserver ? <input type="checkbox"/>			
Evalué par	jguy (05/03/2014)				
Détails évaluation	Idéal : importer SAV au moment où on arrête le run				

Pistes

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



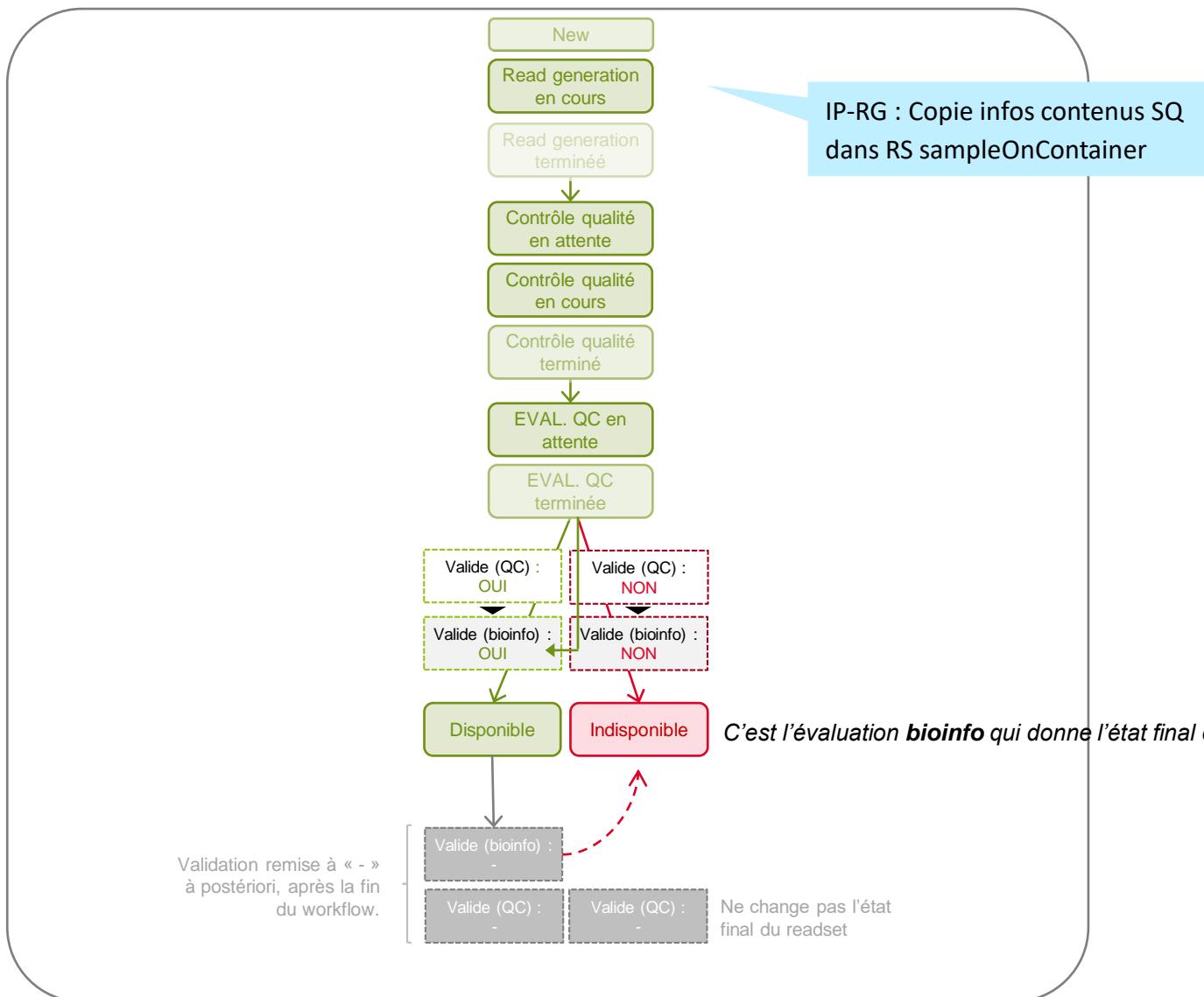
CAS PARTICULIER DE L'ÉTAT TERMINÉ



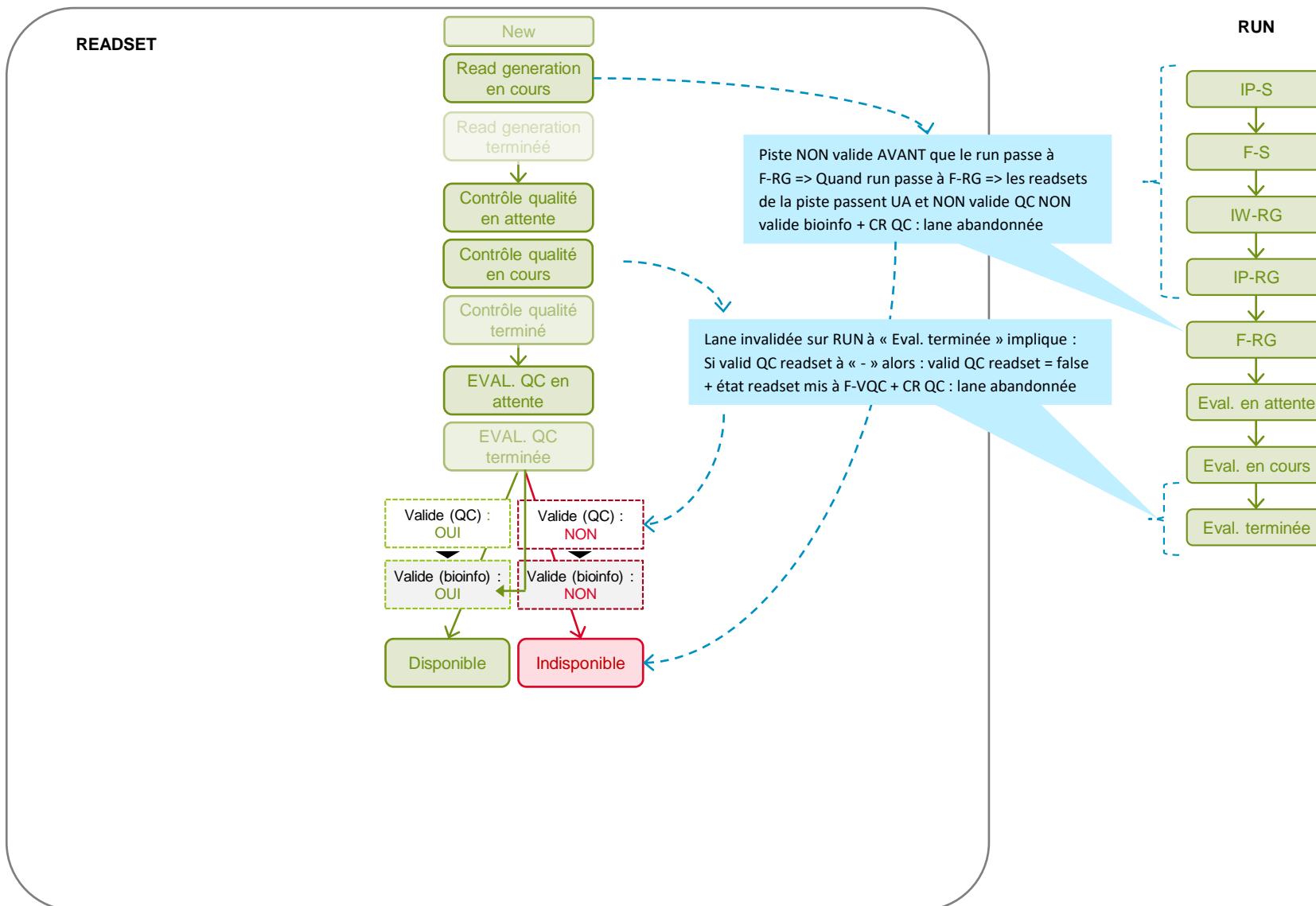
Workflow READSET



WORKFLOW READSET « CLASSIQUE »



AUTRES EXEMPLES DE RÈGLES



WORKFLOW READSET « CLASSIQUE »

/ RETOUR EN ARRIÈRE

Si besoin de remonter à « EVAL QC en attente » à postérieur : BONNE PROCEDURE =
 - remettre val.QC à « - » et val.Bioinfo à « - »
 - puis changer état à EVAL QC en attente.

Si l'utilisateur se trompe et ne remet QUE val.QC à « - » en laissant val.Bioinfo avec une valeur, et qu'il remonte à EVAL QC en attente, puis qu'il évalue val QC, ça ne copie PAS la val.QC dans val.Bioinfo, ça laisse la val.Bioinfo préexistante.

Validation remise à « - » à postérieur, après la fin du workflow.

New

Read generation
en coursRead generation
terminéeContrôle qualité
en attenteContrôle qualité
en coursContrôle qualité
terminéEVAL. QC en
attenteEVAL. QC
terminéeValide (QC) :
OUIValide (QC) :
NONValide (bioinfo) :
OUIValide (bioinfo) :
NON

Disponible

Indisponible

C'est l'évaluation **bioinfo** qui donne l'état final du lot de séquence.



Ne change pas l'état
final du readset



WORKFLOW READSET AVEC ANALYSES BIOLOGIQUES

Workflow appliqué aux readsets appartenant à des projets dont le champ « Avec Analyses biologiques ? » est coché à Oui.

[Cf. Définition Analyse BA](#)

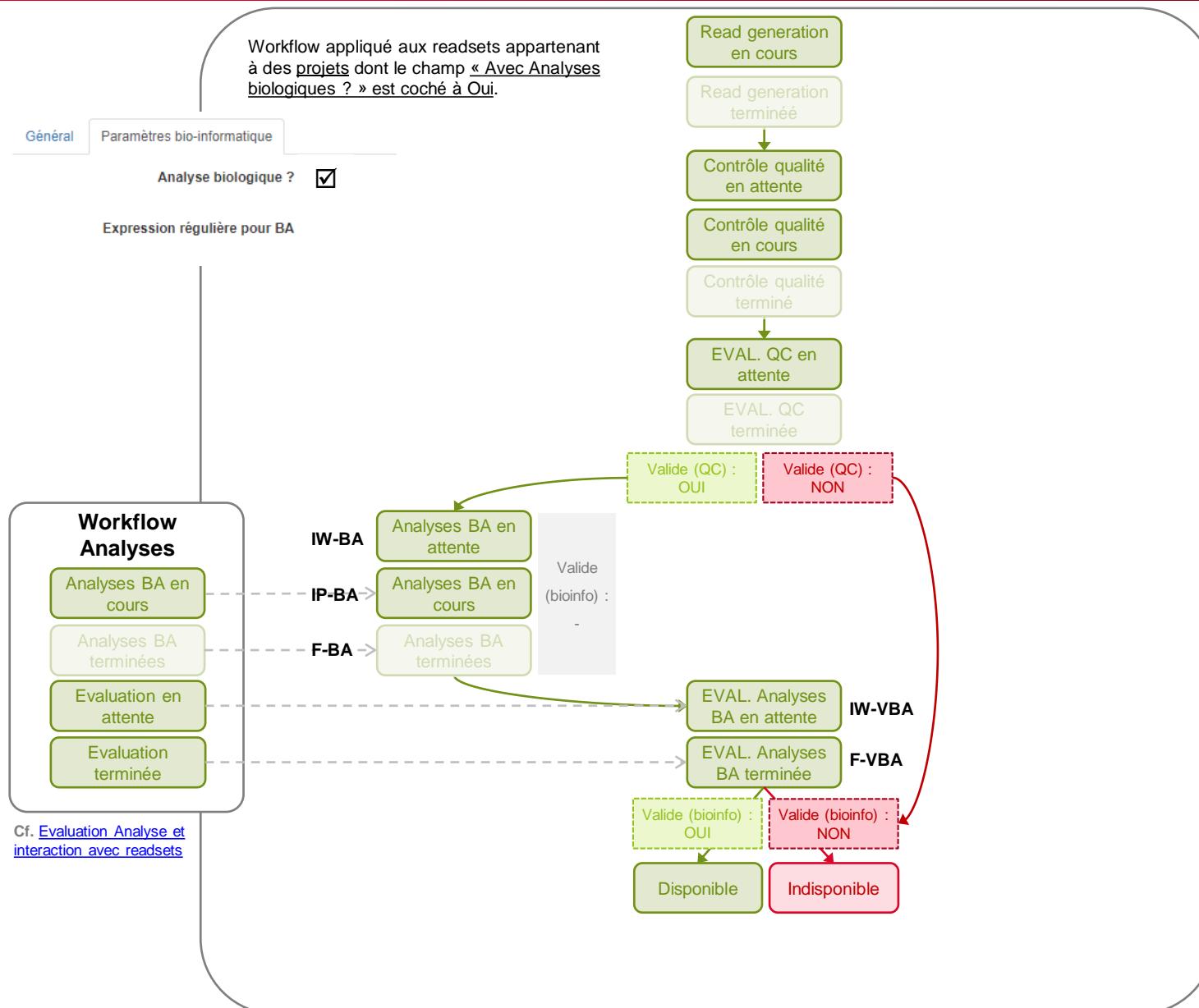
Général

Paramètres bio-informatique

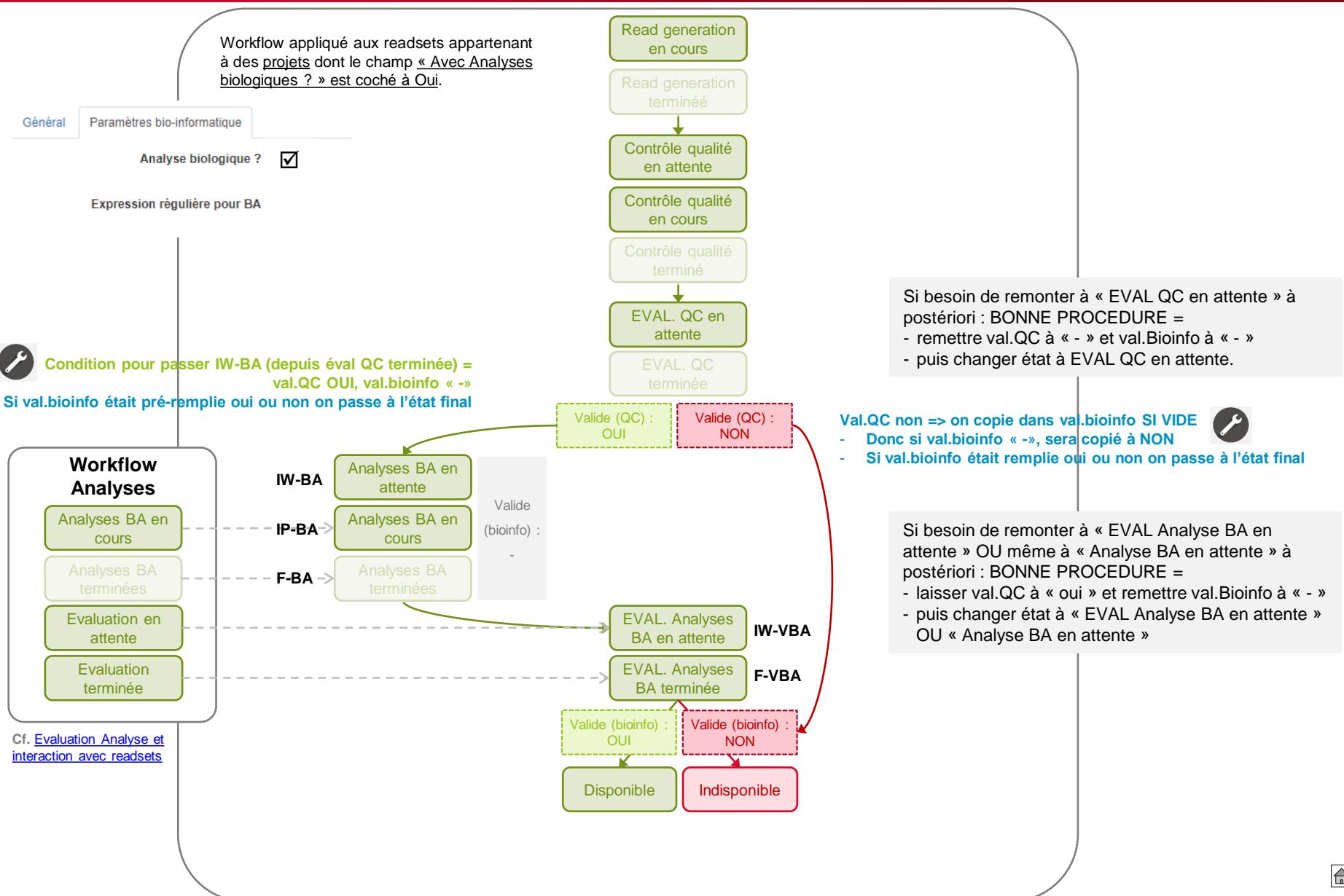
Analyse biologique ?

Expression régulière pour BA

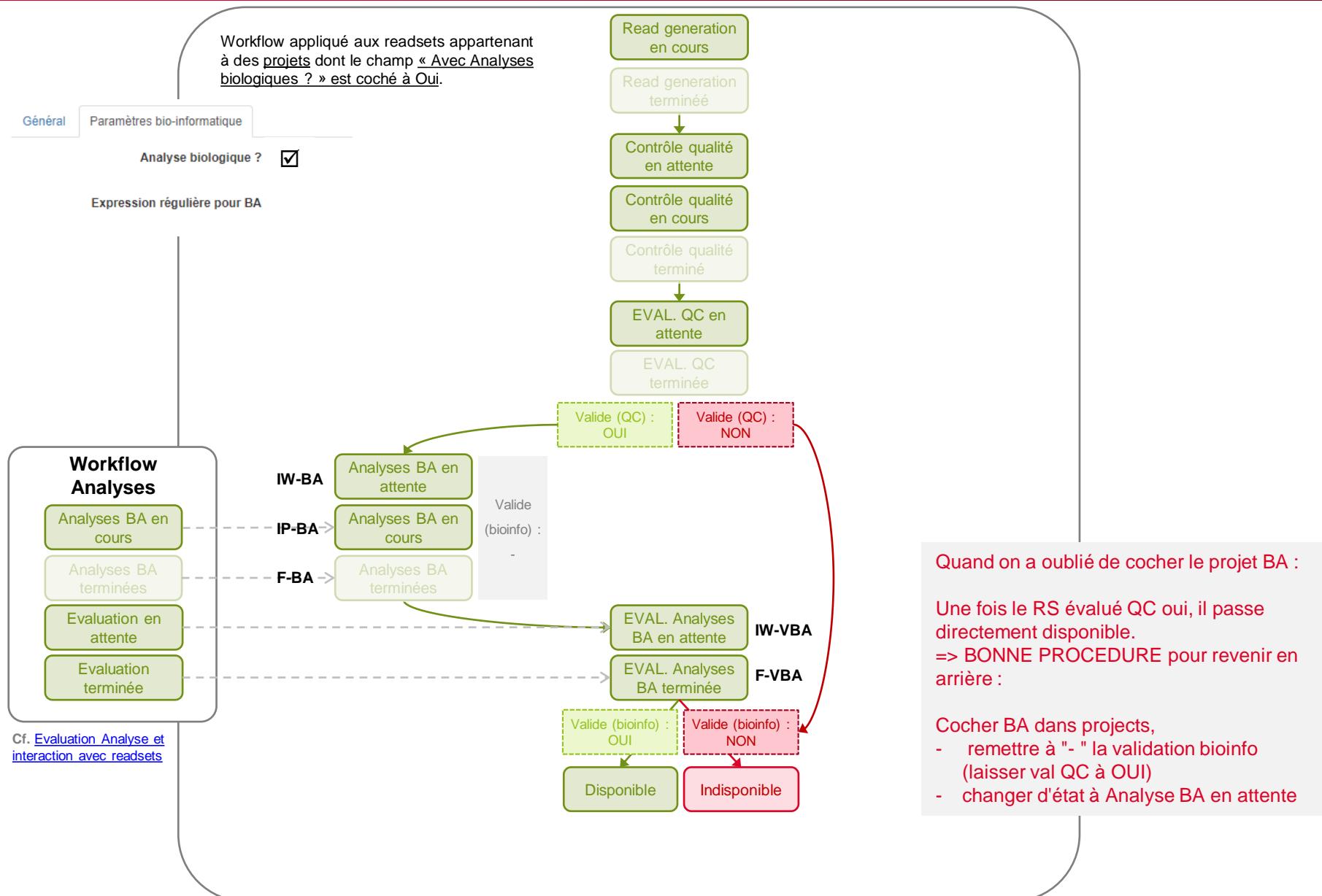
WORKFLOW READSET AVEC ANALYSES BIOLOGIQUES



WORKFLOW READSET AVEC ANALYSES BIOLOGIQUES / RETOUR EN ARRIÈRE (1/2)

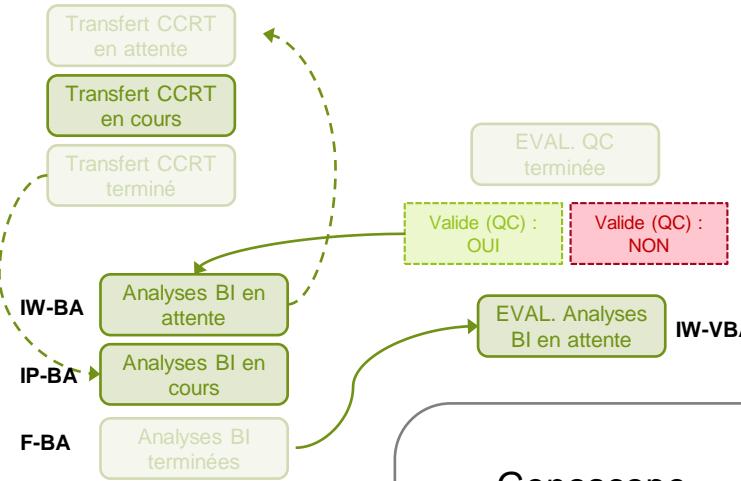


WORKFLOW READSET AVEC ANALYSES BIOLOGIQUES / RETOUR EN ARRIÈRE (2/2)



« SUR-WORKFLOW » READSET > BOUCLE TRANSFERT CCRT

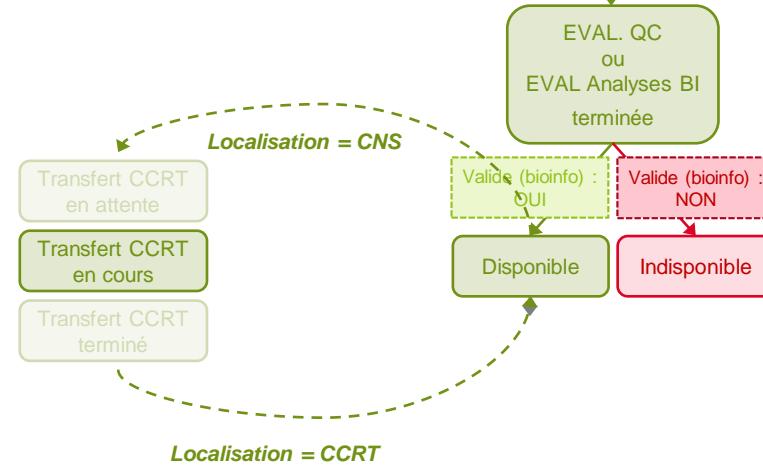
CNRGH



Genoscope

CONDITIONS pour envoi automatique du RS au CCRT après validation = projet FG (valeur) + TF CCRT auto OUI + tag PROD + localisation différente de CCRT (des colonnes additionnelles dans BI vous permettent d'afficher ces informations sur readset)

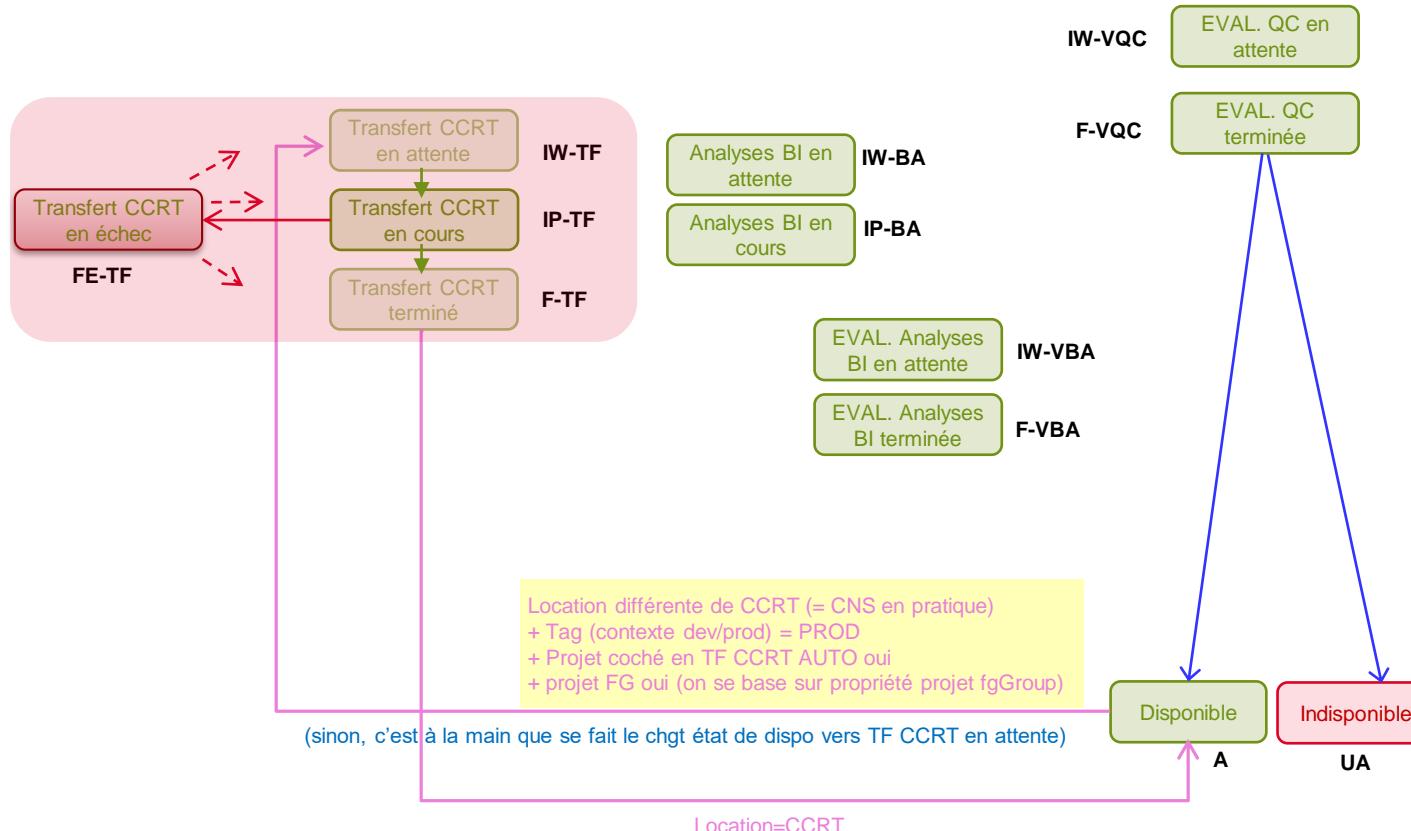
Possibilité de **forcer** l'envoi au CCRT via un changement manuel d'état du readset (de « Disponible » vers « Transfert CCRT en attente »)

*Localisation = CCRT*

WORKFLOW READSET AVEC ENVOI CCRT

(= projet FG, c'est-à-dire avec une valeur de fg group)

CNS



WORKFLOW READSET AVEC ENVOI CCRT / RETOURS EN ARRIERE (1/4)

CNS

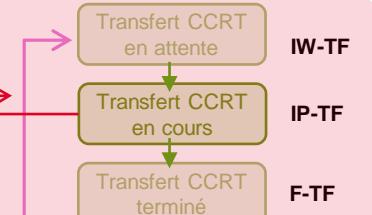


Transfert CCRT en attente ne peut passer qu'à TF CCRT en cours ou Disponible ou Indisponible, reste : bloqué.
 TF CCRT en cours ne peut passer qu'à TF CCRT terminé ou en échec, reste : bloqué.
 TF CCRT en échec ne peut passer qu'à TF CCRT en attente ou en cours ou terminé, reste : bloqué.
 TF CCRT terminé ne peut passer qu'à Disponible (contexte CNS)

Le changement des validations qc et bioinfo est interdit pour les états TF CCRT, SAUF : TF CCRT en attente dont on peut réinitialiser les val. QC et/ou bioinfo à « - »

FE-TF

Transfert CCRT en échec



IW-TF

IP-TF

F-TF

IW-BA

IP-BA

IW-VQC

F-VQC

IW-VBA

F-VBA

EVAL. QC en attente

EVAL. QC terminée

EVAL. Analyses BI en attente

EVAL. Analyses BI terminée

Disponible

Indisponible

A

UA

Location=CCRT

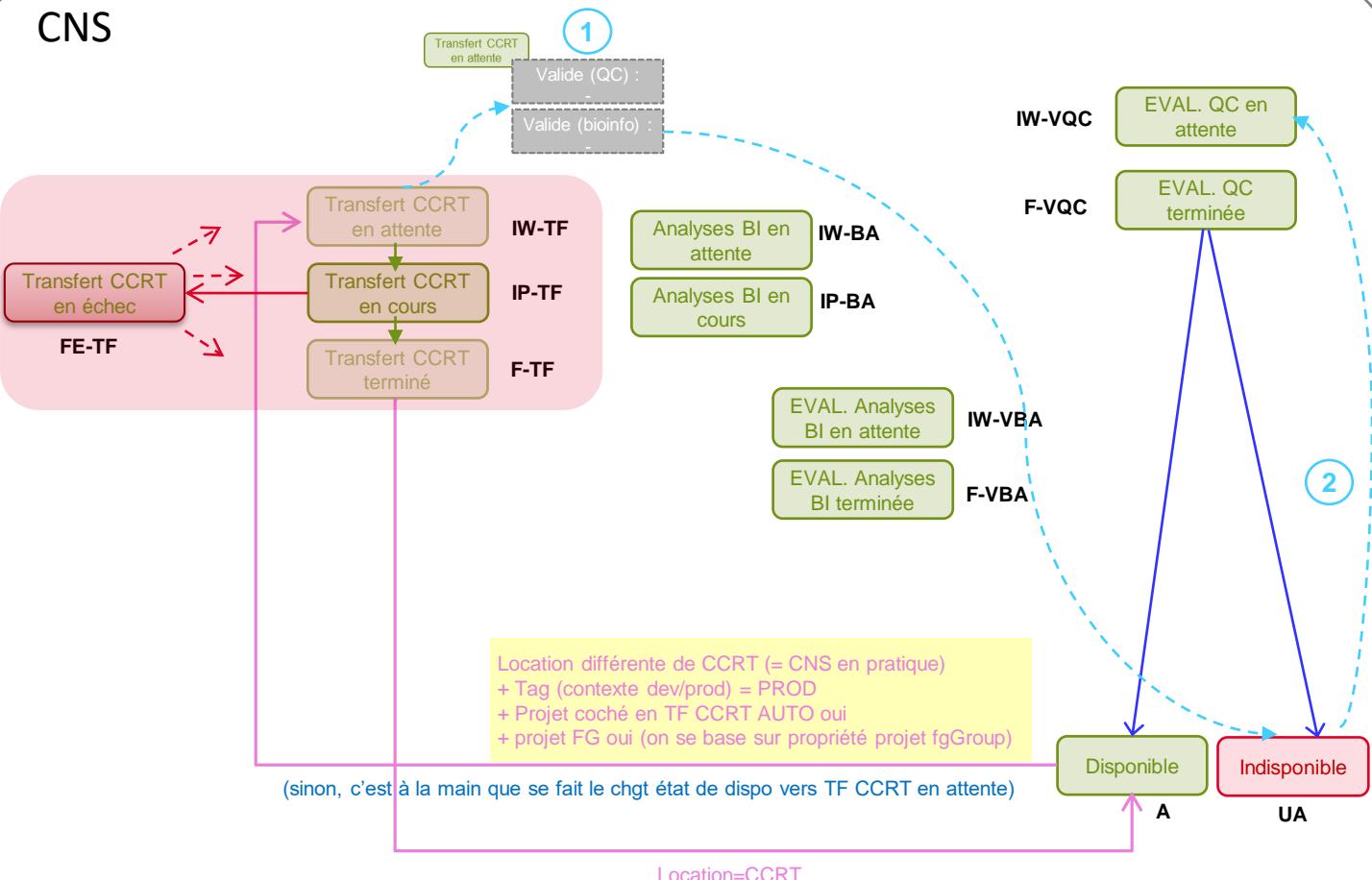
Location différente de CCRT (= CNS en pratique)
 + Tag (contexte dev/prod) = PROD
 + Projet coché en TF CCRT AUTO oui
 + projet FG oui (on se base sur propriété projet fgGroup)

(sinon, c'est à la main que se fait le chgt état de dispo vers TF CCRT en attente)



WORKFLOW READSET AVEC ENVOI CCRT / RETOURS EN ARRIERE (2/4)

CNS



Si besoin de remonter à EVAL QC en attente depuis Transfert CCRT en attente :

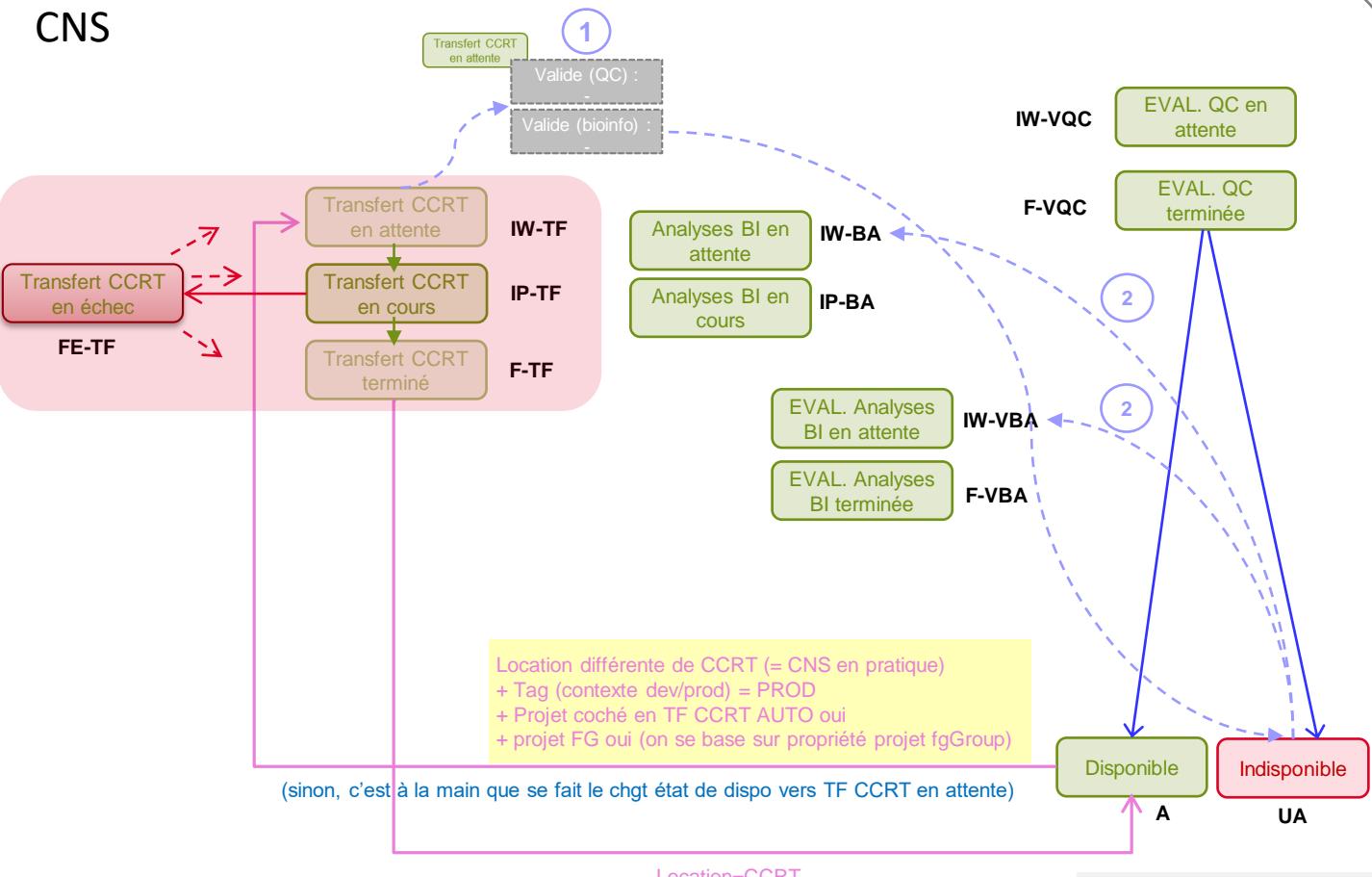
BONNE PRATIQUE :

- 1 - Réinitialiser les val QC à « - » et val bioinfo à « - » (*le RS passe alors Indisponible*)
- 2 - Changer l'état à EVAL QC en attente



WORKFLOW READSET AVEC ENVOI CCRT / RETOURS EN ARRIERE (3/4)

CNS



1

2

Si besoin de remonter à Analyse BA en attente OU EVAL analyse BA en attente depuis TRANSFERT CCRT en attente (cas d'un RS avec WF BA)

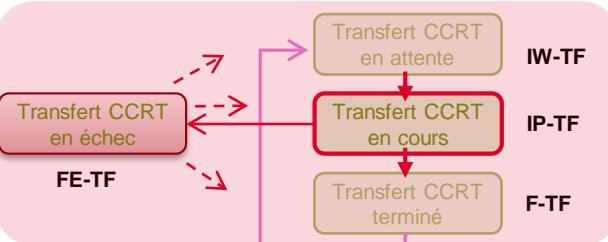
BONNE PRATIQUE :

- LAISSER val QC à « oui » et réinitialiser val bioinfo à « - » (*le RS passe alors Indisponible*)
- Changer l'état à Analyse BA en attente OU EVAL analyse BA en attente



WORKFLOW READSET AVEC ENVOI CCRT / RETOURS EN ARRIERE (4/4)

CNS



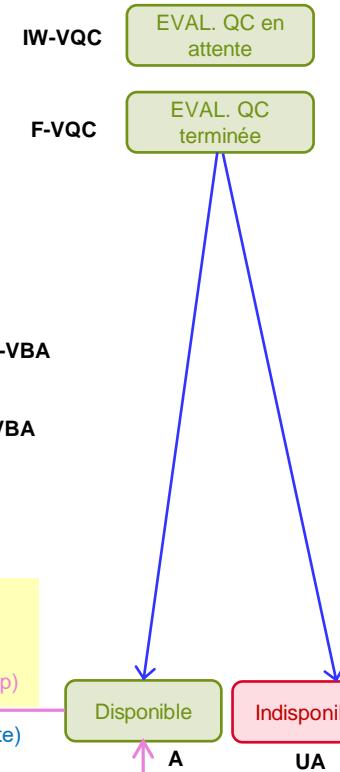
Procédure si des RS sont au CCRT mais qu'il faut quand même les retirer ?

- 1) JIRA
- 2) Les faire passer A, reboucle à IW-TF, réinitialiser les validations comme mentionné dans les 2 diapos précédentes, puis remonter à l'état souhaité (IW-VQC ou VBA ou BA).

Location différente de CCRT (= CNS en pratique)
+ Tag (contexte dev/prod) = PROD
+ Projet coché en TF CCRT AUTO oui
+ projet FG oui (on se base sur propriété projet fgGroup)

(sinon, c'est à la main que se fait le chgt état de dispo vers TF CCRT en attente)

Location=CCRT

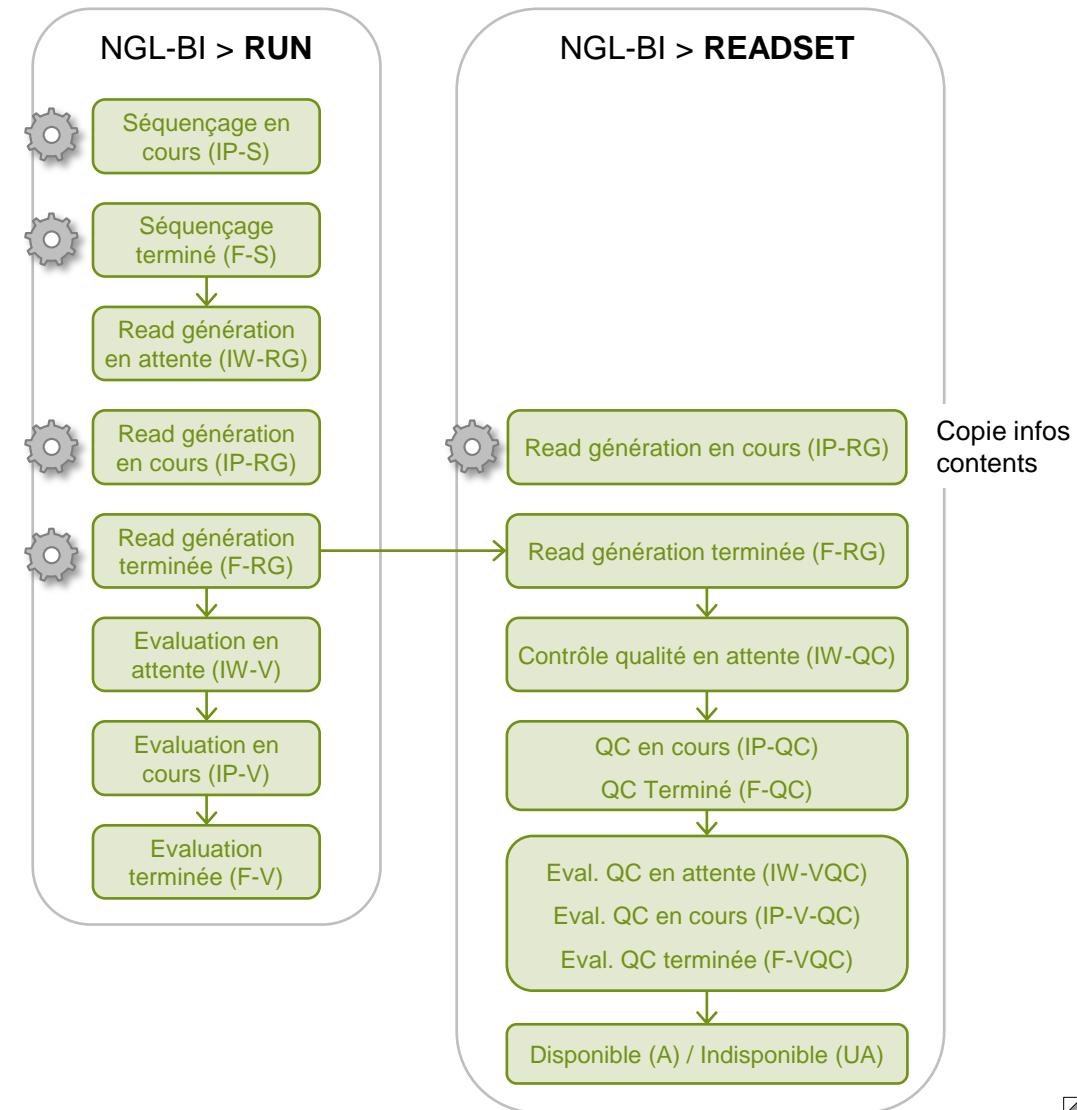


SYNTHÈSE WORKFLOWS RUNS

- ILLUMINA**
- NANOPORE**
- BIONANO**

WORKFLOW ILLUMINA

Les joe créent le run et les readsets



→ Workflow NGL, changement d'état automatique



Fait par transfert Illumina (à priori)





WORKFLOW ILLUMINA

Les joe créent le run et les readsets

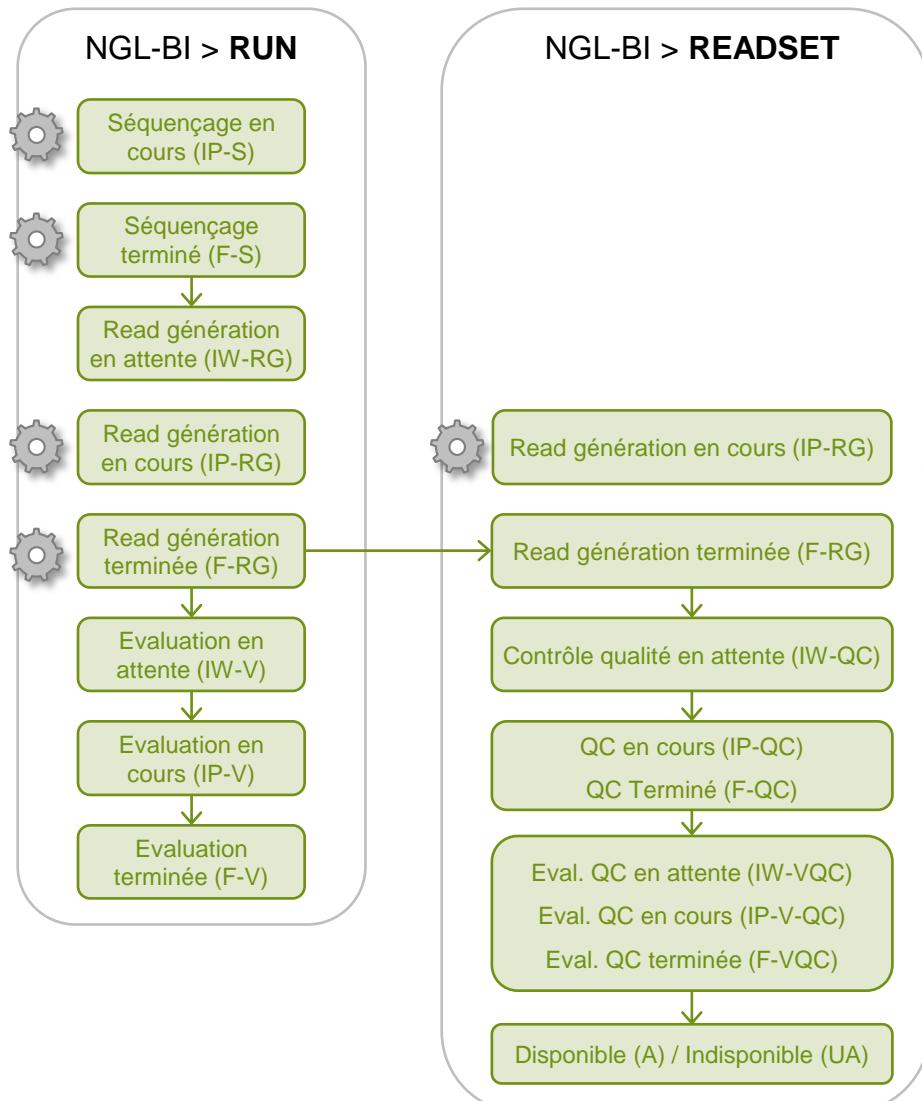


NGL alimente sampleCodes et projectCodes du run, à son passage de N à IP-S

NGL alimente run.lane.readsetCodes des lanes (à la création des ReadSets)

Ce champ est mis à jour à la création, mise à jour et suppression du ReadtSet.

Documentation sur les règles dans BI :
<http://wiki.cnrgf.fr/wiki/ngldocumentation/vie/NGL-BI/R%C3%A8gles/>



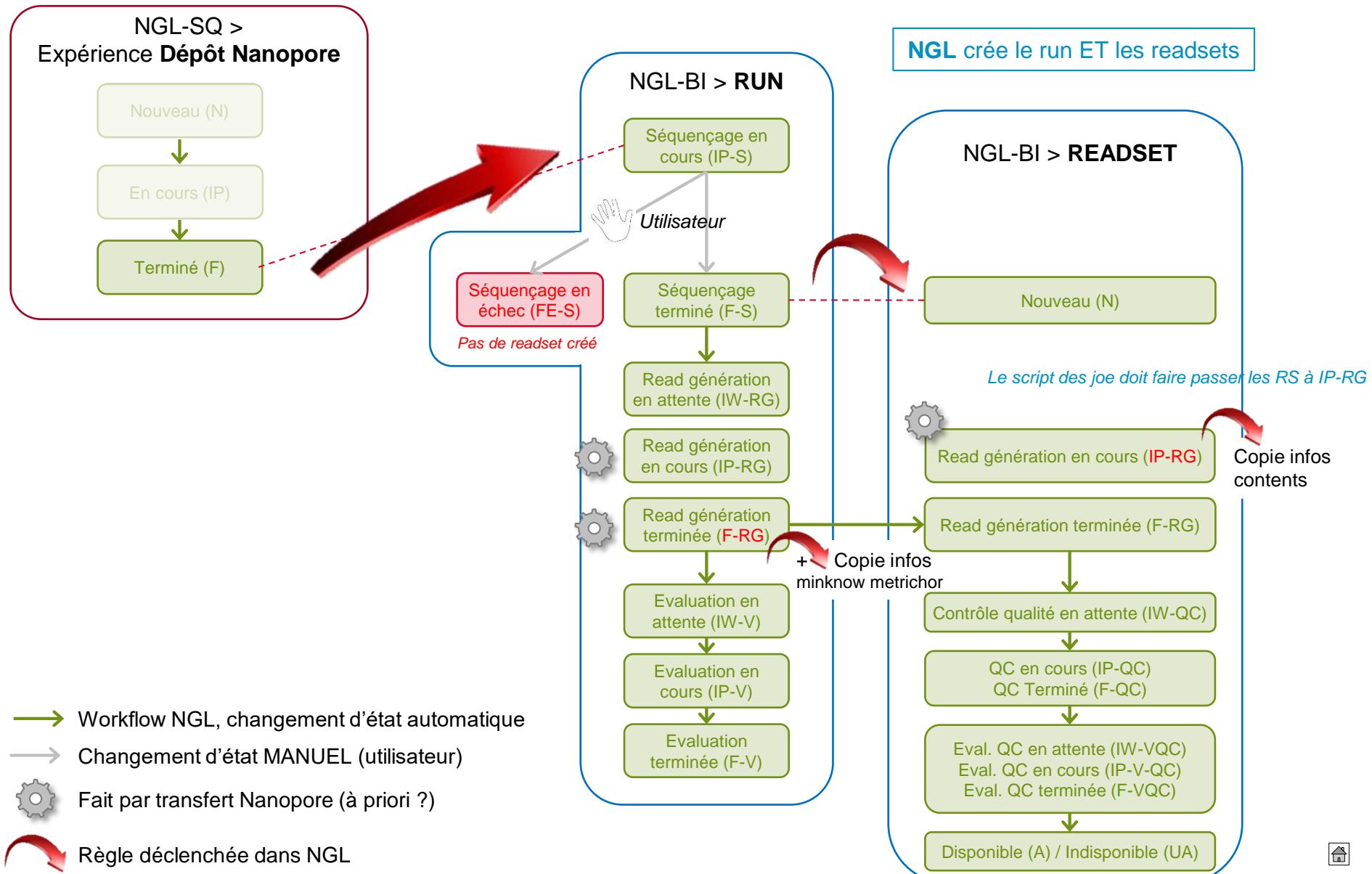
→ Workflow NGL, changement d'état automatique



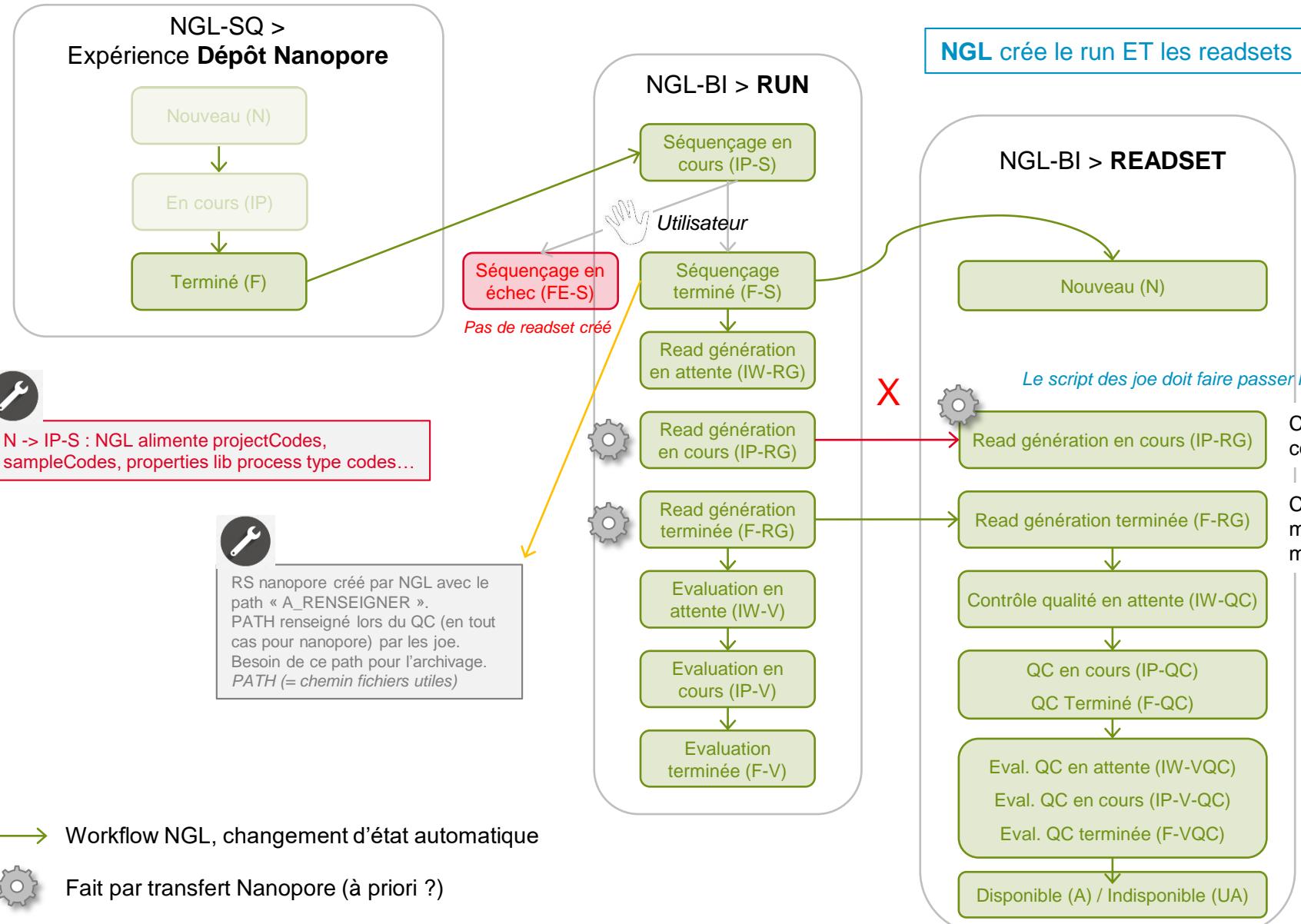
Fait par transfert Illumina (à priori)



WORKFLOW NANOPORE



WORKFLOW NANOPORE



WORKFLOW BIONANO

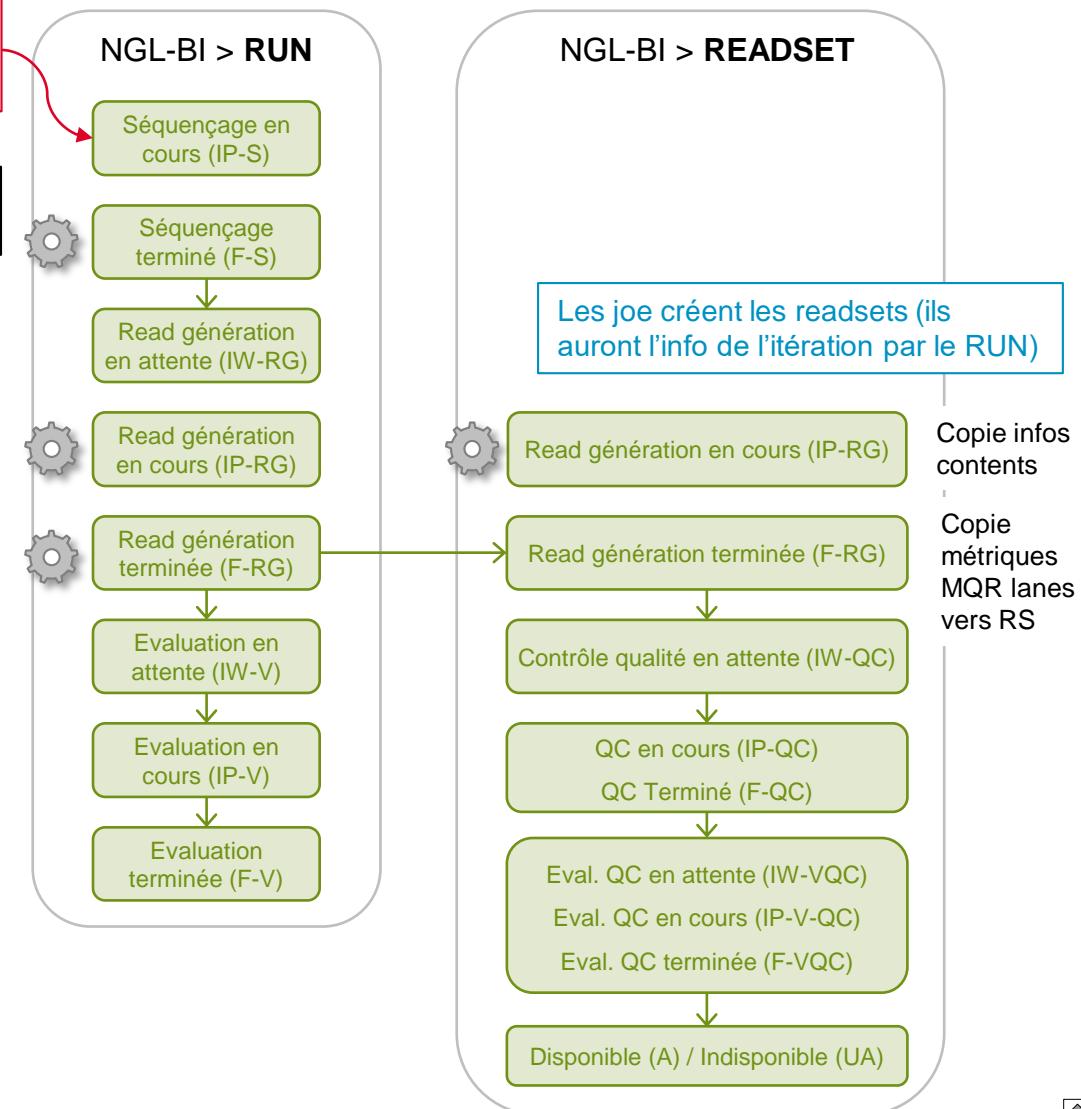
NGL crée le run car lui seul connaît l'itération du dépôt.
 Expérience de dépôt BioNano terminée (itération N) => création du RUN par NGL à IP-S avec l'info de l'itération N

Les joe font passer le run à F-S ; le workflow NGL le passe automatiquement à IW-RG.

RUN alimenté avec projectCodes,
 sampleCodes : par NGL (à IP-S)

RUN alimenté avec properties >
 libProcessTypesCodes (règle qui se déclenche au passage du run de N à IP-S)

readsetsCodes dans chacune des lanes :
 alimenté par NGL
 Automatique quand RS créé



→ Workflow NGL, changement d'état automatique



Fait par transfert bionano (joe)



RÉSUMÉ CRÉATION OBJETS DANS SQ ET BI / WF BIONANO

SQ

BI

Expérience de Bionano Prep Chip

pour déclarer la composition de la CHIP (2* FC)
 (pour le moment un échantillon par FC):

Code CHIP : SN1234567

Sur FC 1) Sample A

Sur FC 2) Sample B

Création d'un support en sortie :

CHIP SN1234567

Et de 2 containers :

SN1234567_1 > contents : sample A

SN1234567_2 > contents : sample B

(attention, aucune info de l'itération à ce moment là)

Expérience de Bionano Dépôt

pour déclarer sur quel instrument et à quelle date
 on dépose la CHIP SN1234567 ; on renseignera
 aussi l'itération du dépôt : A si c'est la 1^{ère} fois
 qu'on dépose la CHIP, B si c'est la 2^{ème}, Etc.

Instrument : ODYSSEE-----

Date réelle de dépôt : 01/05/2017-----

Itération chip : B-----

(vide) pas de création
 de support/containers

NGL crée le run 170501_ODYSSEE_SN1234567_B

À l'état IP-S

Avec la propriété **itération chip : B**

Avec 2* lanes, et le traitement job ID pour chacune

* pourra évoluer en fonction de la catégorie de support (Saphyr chip – 3 FC, ...)

* pourra évoluer aussi si on ne veut prendre en compte qu'1 des 2 lanes, il existe déjà une propriété « FC active » oui / non dans l'exp. de dépôt Bionano



Expérience de Bionano Dépôt

Support SN1234567 (et ses containers) en entrée

Instrument : ODYSSEE

Date réelle de dépôt : 01/05/2017

Itération chip : B

Création d'un support en sortie :

CHIP SN1234567

Et de 2 containers :

SN1234567_1 > contents : sample A, type banque : DLS

SN1234567_2 > contents : sample B, type banque : DLS

(attention, aucune info de l'itération à ce moment là)

(vide) pas de création de support/containers

NGL crée le run 170501_ODYSSEE_SN1234567_B

À l'état IP-S

Avec la propriété **itération chip : B**

Avec 2 lanes, et le traitement job ID pour chacune



Utilisateur

Renseigner les job ID



Les joe font passer le run à F-S ; le workflow NGL le passe automatiquement à IW-RG.



La création des RS (*mis à IP-RG à priori*) peut finalement être faite **par les joe** car ils ont les informations pour le faire, **en allant chercher les containers de la chip, dans SQ, et en allant chercher l'itération dans le RUN** (*et pas dans l'expérience de dépôt, ils ne pourraient pas savoir laquelle choisir*), ce qui donne :

Sample A_DLS_1_SN1234567_B

Sample B_DLS_2_SN1234567_B



Les joe alimentent les traitements MQR sur lanes et readsets.

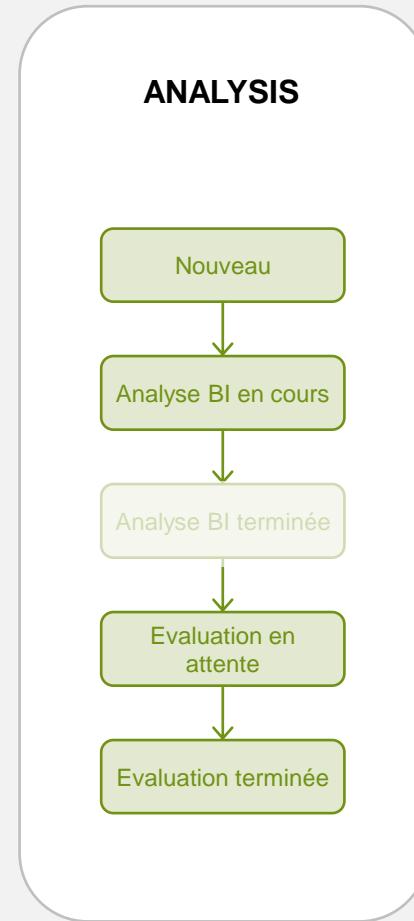
Quand le run passe à F-RG (*à priori*), **NGL copie les prop.** MQR de lanes vers le MQR du RS.



Workflow ANALYSE



WORKFLOW ANALYSE

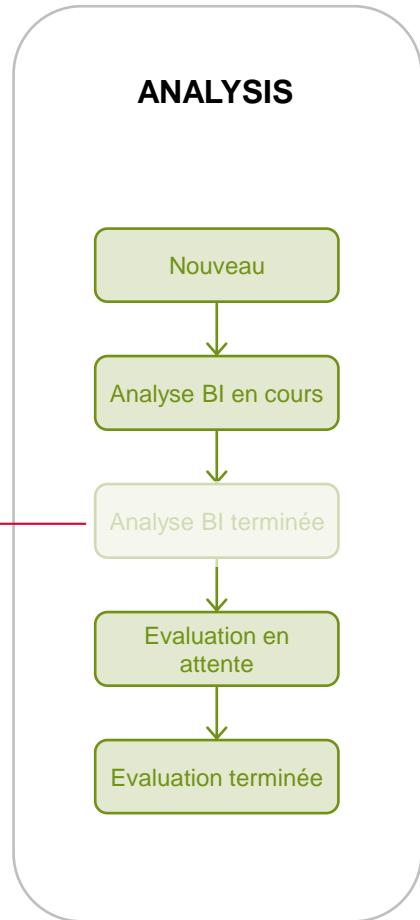


Cf. [Evaluation Analyse et interaction avec readsets](#)





WORKFLOW ANALYSE



CNG - La propriété **Couverture souhaitée** (*expectedCoverage*) est propagée au niveau des propriétés de l'Analyse lorsque l'analyse passe à l'état F-BA (Analyse BI terminée)



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

