Gestion informatique des données de séquençage

William Amory M1 BI-IPFB Université de Paris

24/01/2022





Section 1

CEA - Genoscope



CEA - Genoscope

CEA (Commissariat à l'énergie atomique et aux énergies)

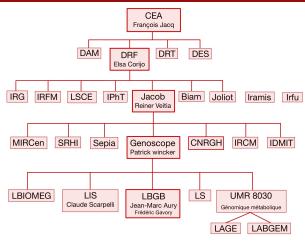
- créé le 18 octobre 1945 par Charles de Gaulle
- 20 000 Salariés
- 4 directions opérationnelles et 9 directions fonctionnelles

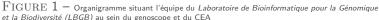
Genoscope (Centre National de Séquençage)

- 250 salariés
- Créé en 1996
 - Participation projet Génome humain (Séquençage du chromosome 14 humain)
 - Développer programmes de génomiques en France
 - Plus grand centre de séquençage français
 - ajouter



Organigrame CEA - Genoscope - LBGB





Section 2

Contexte



LBGB (Laboratoire de Bioinformatique pour la Génomique et la Biodiversité)

missions

- Veille technologique
- Contrôle qualité
- Assemblage
- Annotation
- Visualisation

Plusieurs groupes de travail

- Production
- Annotation
- Assemblage
- Evaluation des technologies de séquençage



LBGB (Production)

Missions

- Veille technologique
- Evaluation de nouveaux outils
- developper, tester et maintenir les codes
- Répondre aux besoins des équipes de recherche et de production
- Mise en place de pipeline automatisés
 - génération des fichiers de séquences
 - Contrôle qualité
 - Analyses biologiques



LBGB - Workflow NGS

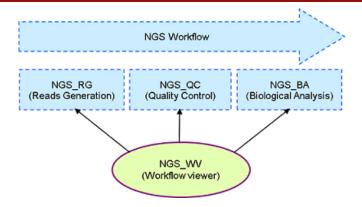


FIGURE 2 — Workflow de génération, de controle qualité et d'analyse biologique des FASTQ

https://www.genoscope.cns.fr/rdbioseq/

LBGB - MGI

Arrivé de séquenceurs MGI

- 2 DNBSEQ-G400
- 1 DNBSEQ-T7





https://en.mgi-tech.com/products/

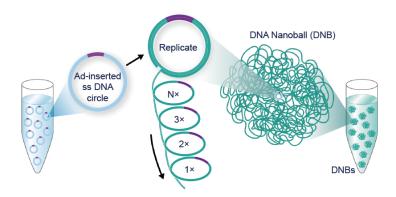


La technologie MGI

Pipeline	MGI	Illumina
1) DNA/RNA	VV)	W
ţ	1	1
2) Molecular library		
Ţ	1	ţ
3) Signal amplification		1 11 1 11 1
ţ	ţ	ţ
4) Sequencing array	 ////////////////////////////////////	
ţ	ţ	ţ
5) Sequencing	Stepwise sequencing by polymerase using fluorescently labeled nucleotides	



La technologie MGI



 ${
m FIGURE}$ 4 — Schéma techno MGI

https://en.mgi-tech.com/products/



Section 3

Objectifs



Développement d'un pipeline automatique pour MGI

Objectifs du pipeline

- développement NGS-RG et NGS-QC pour MGI
- Distribution des FASTQ par projets
- Trie des FASTQ par echantillons, technologies et runs
- Mise à jour de la base de données de références (NGL)
 - création des entrées runs et readset
 - stockage des métriques et analyses correspondants
- Nettoyage des FASTQ générés
- Analyses des FASTQ générés



Développement d'un pipeline automatique pour MGI

Comment?

- Déterminer les outils et methodes nécessaires
 - utisation d'outils et méthodes existant pour Illumina ?
 - utilisation de nouveaux outils et méthodes ?
- Ecriture du pipeline
 - déterminer de l'ordre d'utilisation des outils et méthodes



Evaluation et codage d'outils

ajouter les autres objectifs de ma mission



Apprentissage du Perl

Pourquoi?

- Raison historique du laboratoire
- Toutes les librairies et modules utilisés sont en Perl
- Worflow d'Illumina écrit en Perl

Réalisation

- Programme effectuant des analyses statistiques élémentaires
 - compter le taux de GC
 - moyene de la qualité de chaque read
 - ect ...
- Utilisation des modules utilisé dans le workflow d'illumina

Test de 2 software de génération de FASTQ (bcl2fastq et bcl-convert)

Permet la génération des FASTQ et de réaliser le démultiplexage

Comparaison des performances

- Recherche
- ?????



bcl2fastq vs bcl-convert (Temps total)

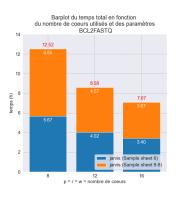
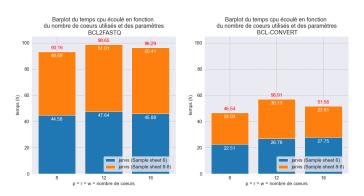




FIGURE 5 – Temps total de génération des FASTQ pour bcl2fastq et bcl-convert



bcl2fastq vs bcl-convert (Temps cpu)



 $\label{eq:Figure 6-Temps conductive} \begin{picture}(2000) \put(0,0){\line(0,0){100}} \put(0,0){\l$

bcl2fastq vs bcl-convert (Pourcentage d'utilisation cpu)

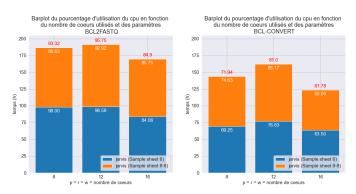


FIGURE 7 – Pourcentage d'ulisation cpu pour la génération des FASTO pour bcl2fastq et bcl-convert

Section 4

Perspective



Perspective

Détermination de la Migration de bcl2fastq vers bcl-convert

- Mise à jour du pipeline de génération des FASTQ
- Prise en charge des sorties de bcl-convert pour les autres pipelines

Worflow MGI

Automatisation total du workflow

Ajouter les autres perspectives

