

Présentation Alternance

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 et européen



Organigramme CEA - Genoscope - LBGB

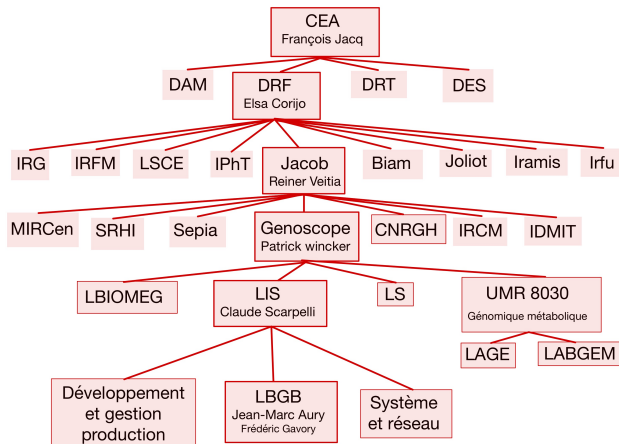


Figure 1: Organigramme situant l'équipe du *Laboratoire de Bioinformatique pour la Génomique et la Biodiversité (LBGB)* au sein du genoscope et du CEA



Section 2

Contexte



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

missions

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

Plusieurs équipes

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



LBGB (Production)

Missions

- Veille technologique
- Evaluation de nouveaux outils
- développer, tester et maintenir les codes
- Répondre au besoin des équipes de recherche et de production
- Mise en place de pipeline automatisés
 - génération des FATSQ
 - Contrôle qualité
 - Analyses biologiques



LBGB - Workflow NGS

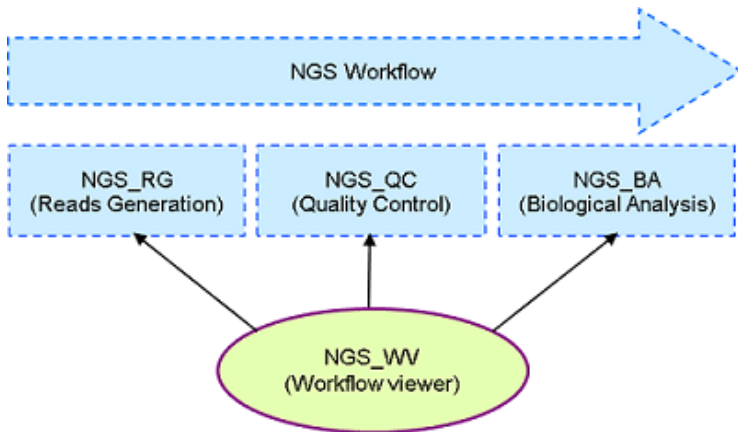


Figure 2: Workflow de génération, de contrôle qualité et d'analyse biologique des FASTQ

LBGB - MGI

Arrivé de séquenceurs MGI

- 2 DNBSEQ-G400
- 1 DNBSEQ-T7



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

La technologie MGI

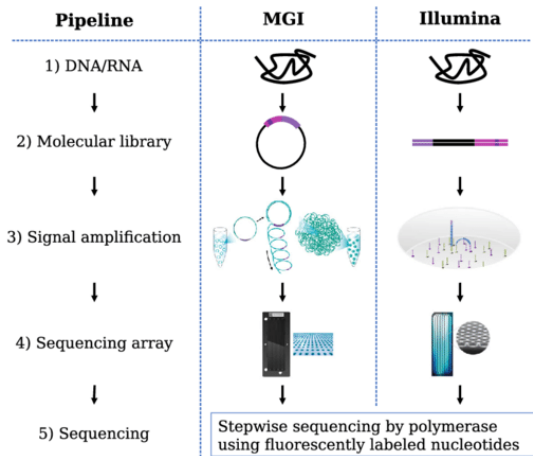


Figure 3: Différences entre Illumina et MGI de technologie NGL

La technologie MGI

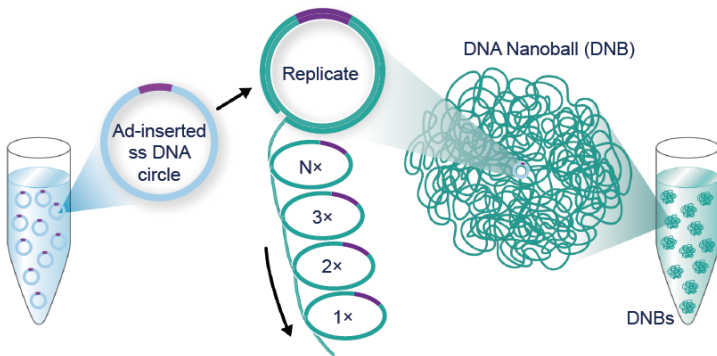


Figure 4: Schéma techno MGI

Section 3

Objectifs



Développement d'un pipeline automatique pour MGI

Objectifs du pipeline

- Générer les fichiers FASTQ à partir des *Bases Calls*
- Mise à jour de la base de données NGL
- Analyses des FASTQ générés
- Renommage et déplacement des fichiers en fonction des projets
- Mise à jour de l'état d'un run



Développement d'un pipeline automatique pour MGI

Comment ?

- Déterminer les outils et méthodes nécessaires
 - utilisation de nouveaux outils ?
 - utilisation d'outils et méthodes existant pour Illumina ?
 - création de nouvelles méthodes pour MGI ?
- Ecriture du pipeline
 - déterminer de l'ordre d'utilisation des outils et méthodes
 - choix du langage de programmation (Perl)



Apprentissage du Perl

Pouquoi ?

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

Réalisation

- Programme effectuant des analyses statistiques élémentaires
 - compter le taux de GC
 - moyenne de la qualité de chaque read
 - ect ...
- Lecture des modules utilisés dans le workflow d'Illumina



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



bcl2fastq vs bcl-convert (Temps total)

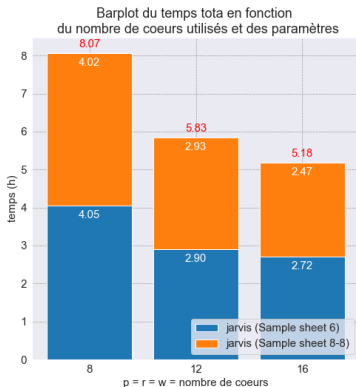


Figure 5: Temps total de génération des FASTQ pour bcl2fastq

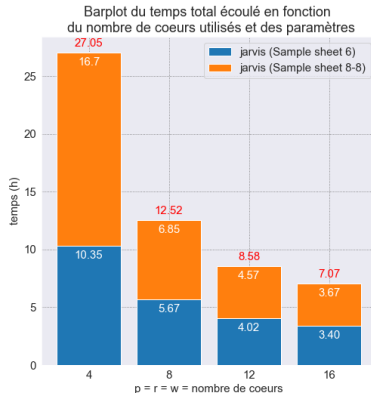


Figure 6: Temps total de génération des FASTQ pour bcl-convert

bcl2fastq vs bcl-convert (Temps cpu)

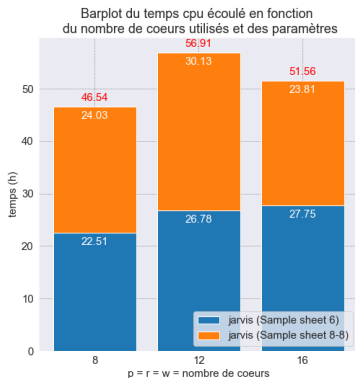


Figure 7: Temps cpu de génération des FASTQ pour bcl2fastq

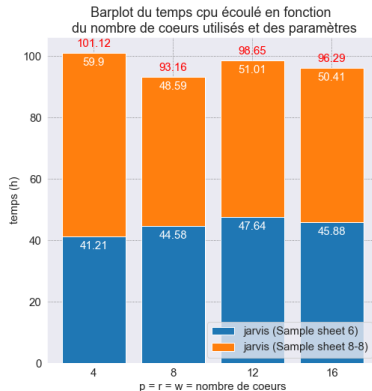


Figure 8: Temps cpu de génération des FASTQ pour bcl-convert



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

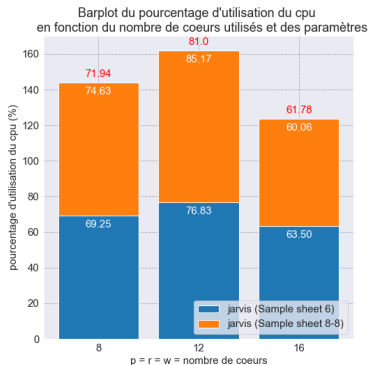


Figure 9: Pourcentage d'ulisation cpu pour la génération des FASTQ pour bcl2fastq

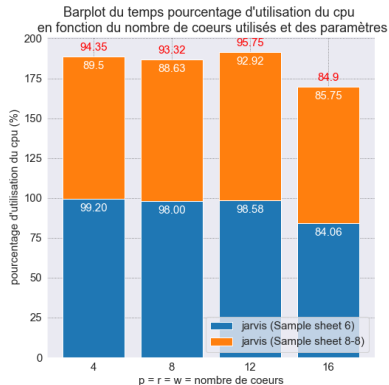


Figure 10: Pourcentage d'ulisation cpu pour la génération des FASTQ pour bcl-convert



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

Workflow MGI

- Automatisation total du workflow

