

Plateforme GenerateReports

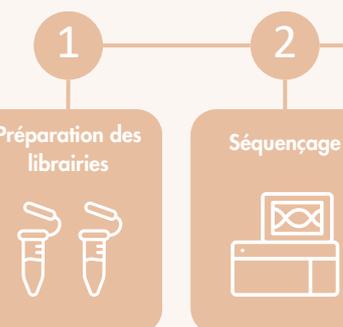
Pour l'interprétation de vos données de séquençage à haut débit

GenerateReports est une **plateforme bioinformatique** qui analyse et interprète les données de séquençage à haut débit à partir des données brutes. Le traitement inclut le **contrôle qualité** des données, la détection et l'annotation des **variants**, ainsi que l'estimation des **copies de gènes**. Pour un meilleur suivi, les éléments de **traçabilités expérimentales** sont conservés sur la plateforme.

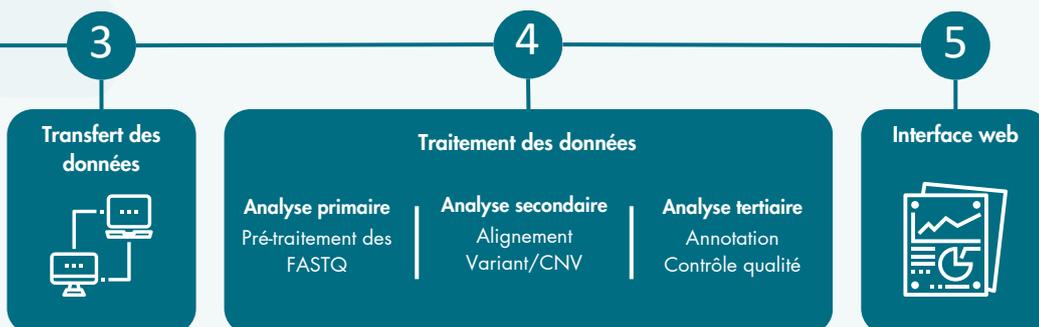
Pour chaque échantillon est généré un **rapport clinico-biologique** résumant les principaux résultats.

Une solution bioinformatique complète

Votre laboratoire



Plateforme GenerateReports



La plateforme **GenerateReports** prend en charge **diverses constructions de librairies** : QIAseq (QIAGEN), AmpliSeq (Illumina), SureSelect (Agilent) ou Twist (Twist Bioscience). Elle supporte les librairies de séquençage intégrant des **barcodes moléculaires uniques (UMI)** et les derniers **algorithmes innovants** de la littérature.

Notre pipeline est compatible avec les **appareils** Illumina® MiSeq, NextSeq, NextSeq 550 et ThermoFisher® ION S5.

Les outils d'analyses

L'interface web de **GenerateReports** permet une analyse au quotidien des échantillons.



Elle offre également la possibilité d'**explorer rétrospectivement les données de séquençage**. Cette exploration peut se faire à différentes échelles : projet, cohorte de patients, run, échantillon, gène ou variant.



La plateforme donne l'opportunité de créer des **listes de variants**.

Ces listes sont utilisées pour effectuer des **analyses automatisées** pour comparer des résultats de plusieurs échantillons, d'un couple diagnostic/rechute ou encore faire des analyses différentielles de tissu sain/tumoral.

Avantages

- Étude de vos régions d'intérêts
- Analyse des librairies avec UMI
- Large choix de kits pris en charge
- Tableaux de données téléchargeables
- Analyse bioinformatique complète
- Utilisation d'algorithmes innovants
- Modules d'analyses automatiques
- Aucun matériel informatique additionnel

Communications



Delfau-Larue MH et al, **P1123: Early ctDNA clearance after CAR T-cell infusion predicts outcome in patients with large B-cell lymphoma : results from ALYCANTE, a phase 2 LYSA study**. Hemasphere. 2023 PMID: PMC10430960.



Camus V et al, **High PDL1/PDL2 gene expression correlates with worse outcome in primary mediastinal large B-cell lymphoma**. Blood Adv. 2023 PMID: 37862676



Camus V et al, **Circulating tumor DNA in primary mediastinal large B-cell lymphoma versus classical Hodgkin lymphoma : a retrospective study**. Leuk Lymphoma. 2022 PMID : 35075971



Bohers E et al, **Non-invasive monitoring of diffuse large B-cell lymphoma by cell-free DNA high-throughput targeted sequencing : analysis of prospective cohort**. Blood Cancer J.2018 PMID : 30069017