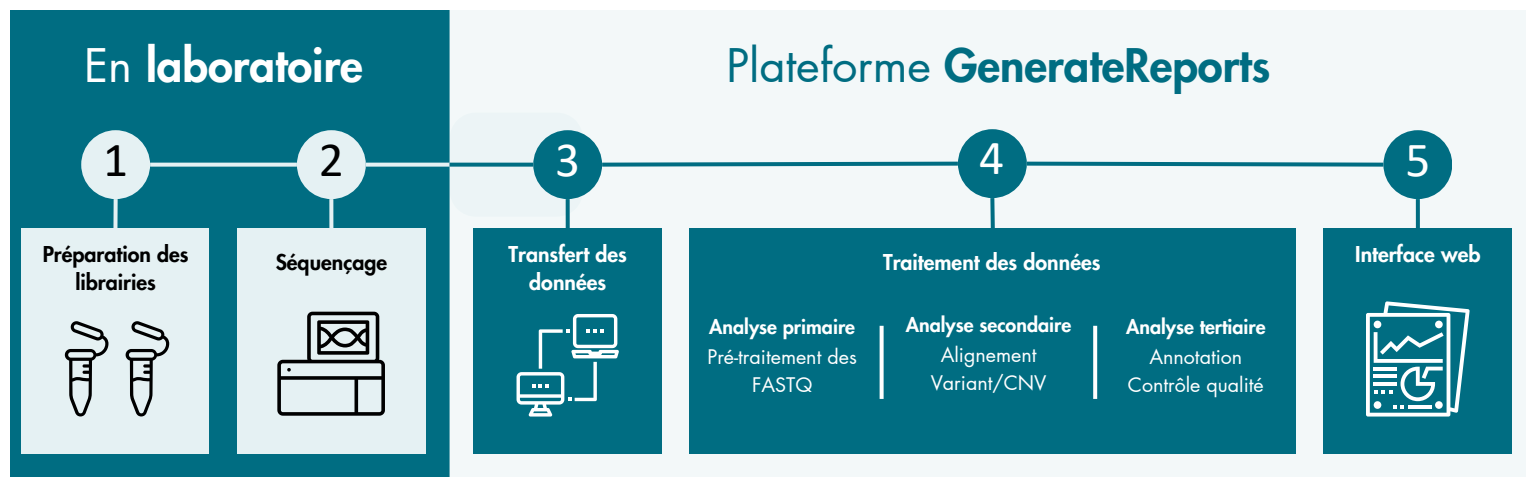


Pour l'interprétation de vos données de séquençage à haut débit

La **plateforme bioinformatique GenerateReports** 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**, et l'estimation des **copies de gènes**.

Pour un meilleur suivi, les éléments de **traçabilités expérimentales** sont conservés sur la plateforme. Pour chaque échantillon généré, les principaux résultats sont **disponibles et interprétables**.

Une solution bioinformatique complète

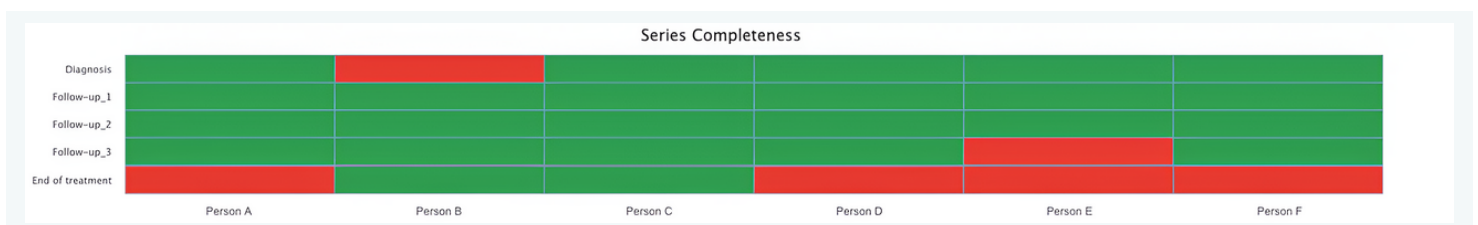


Les outils d'analyses



L'interface web de **GenerateReports** permet à la fois une analyse au quotidien des échantillons et 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 possibilité de créer des **listes de variants** permet d'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.



Compatibilité des librairies	QIAseq (QIAGEN) AmpliSeq (Illumina) SureSelect (Agilent), Twist (Twist Biosciences) Pour d'autres librairies, nous contacter			
Type de données séquencées	Panels de gènes Whole Exome Sequencing (WES) Whole Genome Sequencing (WGS)			
Type de variants détectés	Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) Insertion & Deletion (INDEL) Mid-sized INDEL (~100b) Panel/exome/whole genome Copy Number Variant (CNVs)			
Compatibilité matériel	Séquenceurs Illumina® Séquenceurs ThermoFisher ION S5			
Format des données supportées	Format FASTQ			
Bases de données utilisées	1000G ExAC ESP6500siv2 CG46			
Scores de prédiction utilisés	ADA_score RF_score Score SIFT Score PolyPhen	LRT MutationTaster MutationAssessor FATHMM	PROVEAN VEST3 MetaSVM MetaLR	MCAP CADD fathmm_MKL_coding GERP Interpro_domain

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 largeB-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