

**Описание эксплуатации программного обеспечения “InUnio Flow:
система анализа и аннотирования омиксных (геномных,
транскриптомных) данных”**

Оглавление

1. Вход на сайт и авторизация	3
2. Добавление нового пациента	3
3. Добавление образцов	4
4. Проведение исследования	7
5. Работа с результатами исследования:	7
6. Работа с BAM-Фалами	8

1. Вход на сайт и авторизация

Для входа на сайт запустите браузер и наберите в адресной строке URL- адрес сайта <https://dev.inunio.ru>

На экране появится приглашение для входа и авторизации.

Вход

Логин *

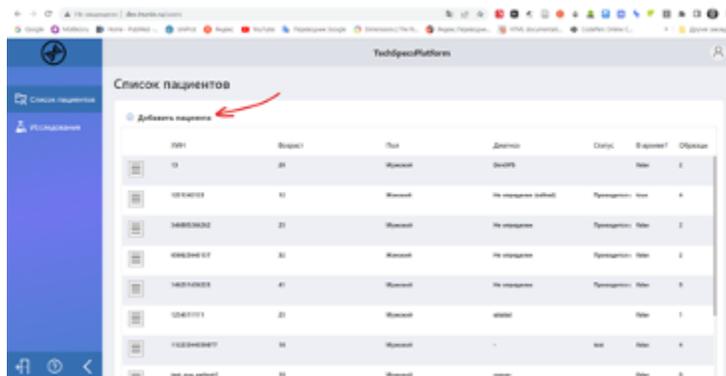
Пароль *

Войти

В открывшемся окне необходимо ввести данные учетной записи.

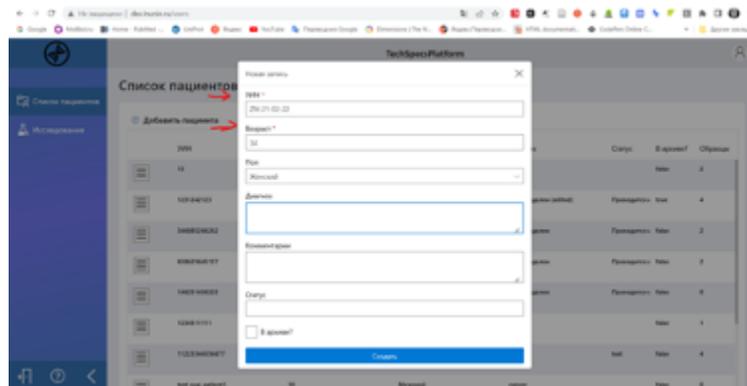
2. Добавление нового пациента

Шаг 1. Для добавления нового пациента необходимо перейти во вкладку «Список пациентов» и нажать на кнопку «Добавить пациента».



Шаг 2. В открывшемся окне необходимо заполнить следующую информацию:

- УИН (Уникальный идентификационный номер) – обязательно
- Возраст – обязательно
- Пол – опционально
- Диагноз – опционально
- Комментарий – опционально
- Статус – опционально
- Указать что карточка пациента находится в Архиве.



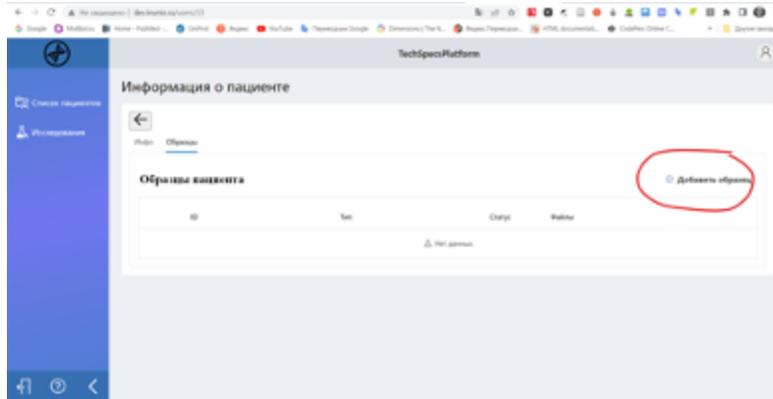
Шаг 3. Добавленная запись появится в общем списке. Данные можно скорректировать или удалить с помощью вызова контекстного меню и нажать «Редактировать» или «Удалить»



Шаг 4. Для перехода в карточку пациента можно нажать на его идентификационный номер. Карточка пациента содержит все информацию о пациент и загруженные образцы.

3. Добавление образцов

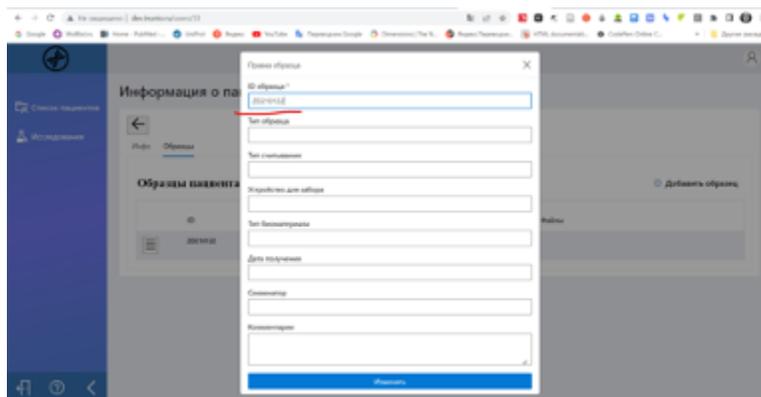
Шаг 1. Для добавление образцов необходимо перейти в карточку пациент и выбрать вкладку «Образцы» На данной вкладке доступно добавление образцов с последующей загрузкой fastq-файлов. Далее необходимо нажать «Добавить образец».



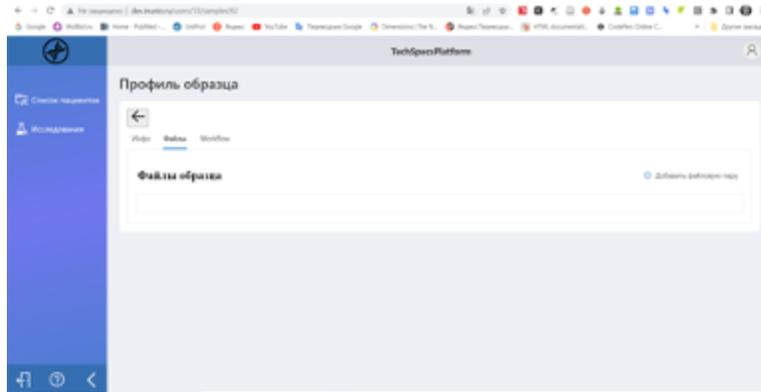
Шаг 2. По образцу который требуется добавить необходимо заполнить следующие данные:

- Номер образца – обязательно
- Тип образца – опционально
- Тип считывания – опционально
- Устройство для забора – опционально
- Тип биоматериала – опционально
- Дата получения – опционально
- Секвенатор -опционально
- Комментарий – опционально.

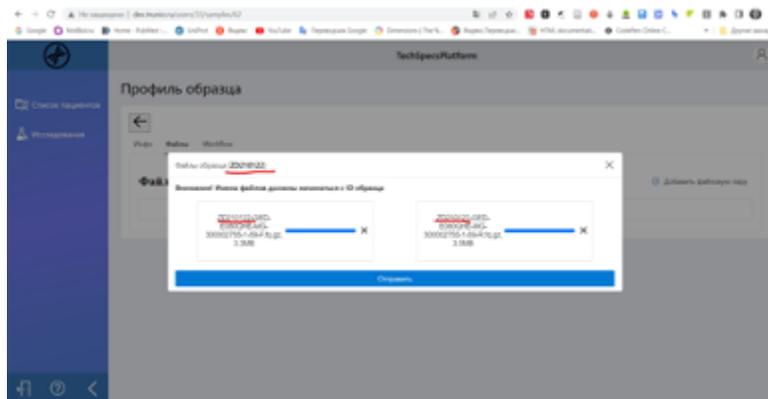
Это важно: При добавлении нового образца, ID должен совпадать с загружаемыми файлами, соответствующими этому образцу.



Шаг 4. Для загрузки файлов необходимо перейти в карточку образца и открыть вкладку «файлы»



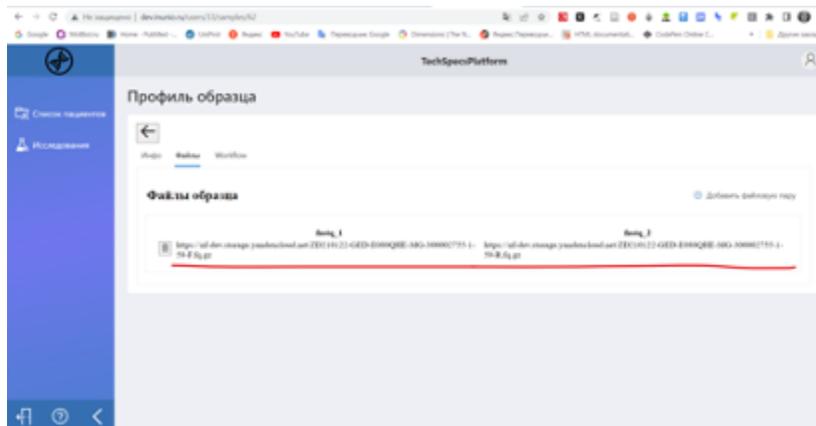
Шаг 5. Необходимо загрузить файлы с помощью кнопки «Добавить файловую пару».



Это важно: пожалуйста проверьте, что название файлов соответствует названию образца.

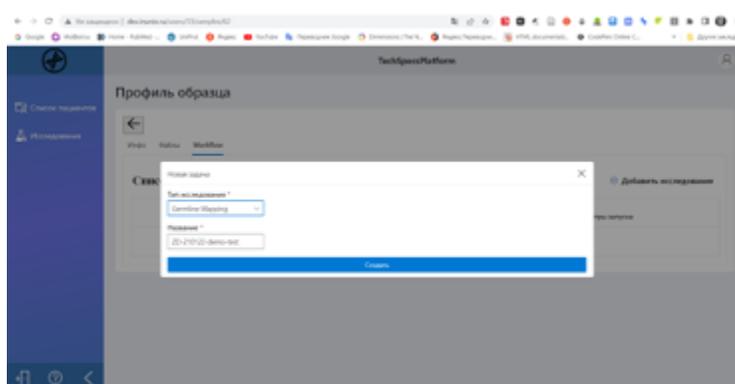
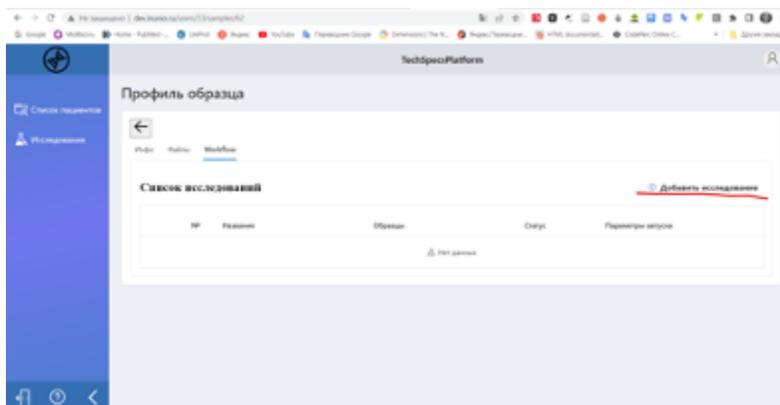
Правила наименования файлов в данном случае определяются разработанным протоколом анализа, подробнее о правилах названия можно прочитать по ссылке: <https://github.com/zenomeplatform/nf-germline-mapping> (см. Naming convention)

Шаг 6. После загрузки fastq файлов, они хранятся в облаке и могут быть скачаны по соответствующей ссылке:

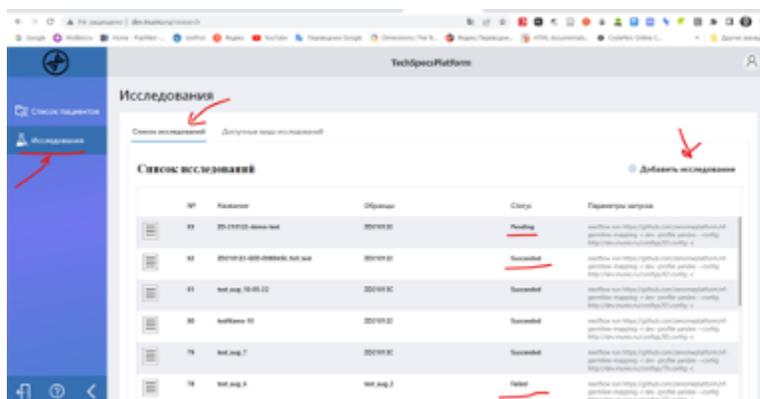


4. Проведение исследования

Шаг 1. После того, как пациент и соответствующие ему образцы/данные созданы и загружены в облачную платформу, можно выбрать доступный тип исследований и запустить анализ с помощью кнопки «Добавить исследование»:

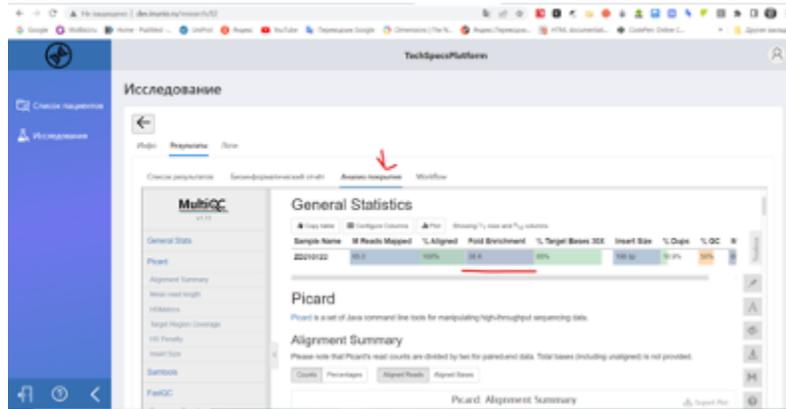
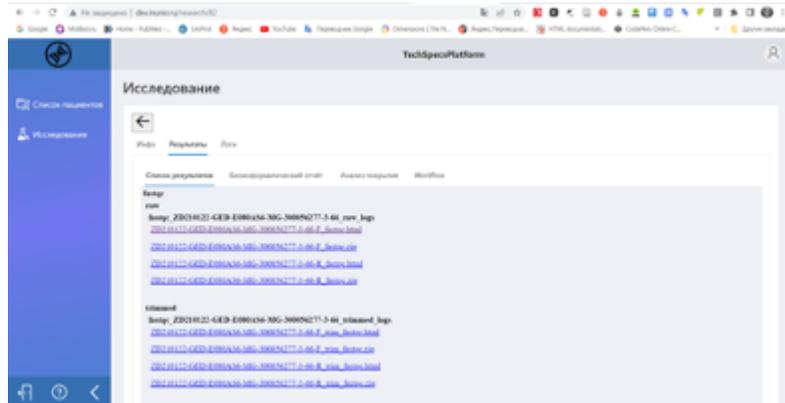


Шаг 2. В процессе проведения исследования можно отслеживать статус исследования, а также изучать информацию о ранее проведенных исследованиях во вкладке «Исследования»



5. Работа с результатами исследования:

Шаг 1: После успешного завершения исследования, перейдите в карточку исследования, где можно посмотреть файлы и отчеты, содержащие в себе результаты исследования:



6. Работа с BAM-Фалами

Шаг 1: Для работы с BAM-файлов в IGV-геномном браузере непосредственно из интерфейса системы кликните на нужный BAM-файл.

