**Préalable :**

La connexion informatique est réputée inclue dans l’offre de prix du titulaire. Un devis devra être établit par la société CGM Labs, fournisseur du logiciel Molis.

Ce devis devra prendre en compte les coûts des licences et des prestations nécessaires pour la prise en charge des connexions de l’équipement au système informatique. Les coûts de maintenance seront indiqués.

Le candidat prendra en charge le devis dans son offre sauf le coût de maintenance des licences

La demande de devis devra être faite auprès de Christophe Mattei (christophe.mattei@cgm.com) accompagnée des documents suivants :

* Spécifications techniques d’interface du système informatique de l’équipement
* La présente annexe
* Le mémoire technique rédigé par le candidat indiquant les choix d’implémentation de la solution informatique ; notamment avec les précisions sur les implémentations à réaliser coté Molis
* Le candidat annexera le devis CGM ainsi que l’ensemble des documents listés ci-dessus à son offre.

# Description générale de l’interface

Ce document décrit l’interface entre le logiciel permettant le pilotage du séquençage et Molis.

Le logiciel permettra de rendre les résultats des haplotypes sur les différents loci pour le laboratoire des HLA.

Pour chaque locus, on a donc à rendre :

* Les 2 haplotypes sous format biologie moléculaire, et sérologie
* Les ambiguités de typage

On va donc avoir pour chaque locus coté Molis :

* Une analyse haplotype 1, avec en résultat le résultat biomol et le résultat interprété en sérologie
* Une analyse haplotype 2, avec en résultat le résultat biomol et le résultat interprété en sérologie
* Eventuellement, une analyse ambiguité, non imprimable ni diffusable sur serveurs qui contient l’ensemble des ambiguités détectées pour aide au biologiste en validation

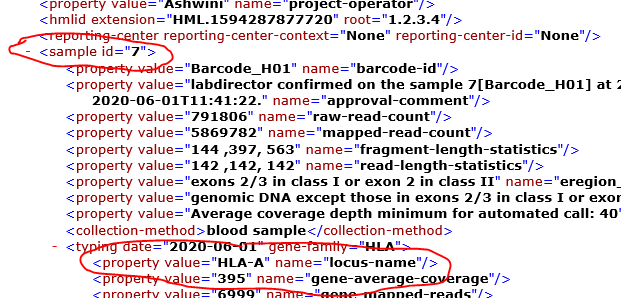
Le logiciel génèrera un fichier XML de l’ensemble des patients du RUN de séquençage.

Ce fichier contient de façon hiérarchique :

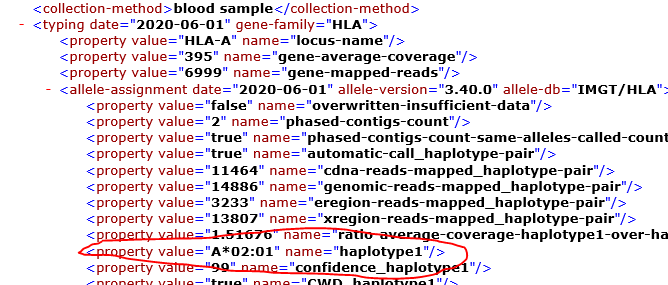
* Un code « sample\_id » qui contient le numéro échantillon Molis. Pour ce code :
  + Un code property name locus name = « ….. » qui contient le locus, c’est-à-dire vers quelles analyses pointer. Pour chaque locus :
    - Un code haplotype1 et un code haplotype2 pour chacune des analyses correspondante
    - Des codes ambiguité à concaténer dans l’analyse correspondante au locus et séparés par des –

La page suivante montre un exemple.

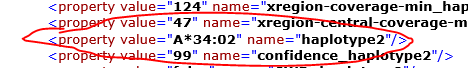
Le sample ID et le locus name :



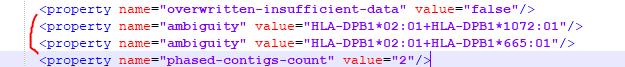
Le 1er haplotype :



Le 2eme haplotype



2 ambiguités à concaténer :



Le logiciel emetteur des résultats devra donc pouvoir emmetre ainsi les resultats des 2 haplotypes , de leurs équivalents serologiques et des ambiguités de typage eventuellement de manière compatible.

# Paramétrage global actuel

|  |
| --- |
| CGM + DSIO |

## Paramétrage technique

|  |  |
| --- | --- |
| Mode de fonctionnement | ☐Interrogatif ☐ Téléchargement (unidirectionnelle résultats) |
| Communication avec Molis | ☐ RS232 Nom réseau de la platine : ………………………….. |
| ☐ Réseau TCP/IP Appelant : ☐Molis ☐ Équipement |
| x Fichier Préciser : FTP serveur MiaFora client |

Mode de fonctionnement :

* interrogatif (interrogation de Molis lors de la pose du tube)
* téléchargement (l’equipement connait la demande dès son routage dans Molis)

|  |
| --- |
| Cellule info. |

## Paramétrage Molis actuel

|  |  |
| --- | --- |
| Poste de travail |  |
| Sous-système exécutant |  |
| Type de connexion | ☐Demandes X Résultats ☐ CQ |

Type de connexion : indiquez si l’équipement rapatrie les demandes de molis et / ou télécharge les résultats vers Molis

# Gestion des demandes

|  |
| --- |
| Référent labo |

## Validation technique

|  |  |
| --- | --- |
| Validation technique | ☐Molis |
| X Equipement – Statut du résultat : X Forcé en 2 ☐ Laisser molis gérer |

Spécificités :

…………………………………………………………………………………………………………

## Rerun et dilution

Sans objet

# Gestion des analyses

|  |
| --- |
| Référent labo |

## Paramètres généraux actuels des analyses molis

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **Code Molis** | **Code equipement** | **Tube / Prél.** | **Autocréation** | **Commentaire** |
| JNA1  JNA2  JNB1  JNB2  JNC1  JNC2  JNR11  JNR12  JNDR11  JNDR12  JNPA1  JNPA2  JNPB1  JNPB2  JNQA1  JNQA2  JNQB1  JNQB2  JNR31  JNR32  JNR41  JNR42  JNR51  JNR52  A chaque analyse ci-dessus est associée une analyse pour recevoir le résultat sérologique equivalent | **Voir description en chapitre 1** | **EDTA** | **Oui actuellement : ajustable selon le format et le mode d’export** | **A voir selon ce qui est envoyé par le logiciel d’interprétation des résultats** |
|  |  |  |  |  |
|  |  |  |  |  |
|  |  |  |  |  |
|  |  |  |  |  |

## Limites de mesure et transformation d’unité

Sans objet

***Traitements spécifiques***

Détermination des analyses à alimenter

Les codes analyses à alimenter en résultatsont déterminés de façon dynamique en fonction :

* Du nom du locus
* Du type d’analyse : haplotype 1 ou 2, ambiguité

Le nom de l’analyse est déterminé de la façon suivante :

* JNx
* Locus : A,B, C, R1 (DRB1), QB (DQB1), PA (DPA1), R3 (DRB3), R4 (DRB4), R5 (DRB5)
* Le numéro d’haplotype 1 ou 2

Exemple : JNR31 pour haplotype 1 du locus DRB3

L’intégration des resultats DRB3\* DRB4\* DRB5\* pourront etre transmis en autocreation d’analyse pour palier au probeleme de meur presence non systematique dans les resultats, selon le résultat de DRB1\*. SI pas d’autocreation possible, un système devra êre mis au point pour que leur transmission se fasse uniuqment dans les cas opportuns

Interprétation du résultat en sérologie

Le résultat des haplotypes 1 et 2 est donné en codage biomol

Un fichier CSV, dont une mise à jour annuelle sera faite par le laboratoire (exemple : dépôt sur un répertoire online du serveur Molis), permet de déterminer pour un résultat biomol son équivalent sérologie.

Ce fichier contient de nombreuses lignes (environ 21.000 à ce jour, en progression de 1000/an).

Le fichier CSV contient 2 colonnes :

1. le résultat de l’haplotype
2. l’équivalent sérologique.

Analyses Locus identiques :

Dans le cas où le résultat des 2 haplotypes est identique pour un locus donné, il faut remplacer le résultat de l’haplotype 2 par un tiret (-).

Dans le cas où le résultat ne donne qu’un haplotype (Cas de DRB3\*, DRB4\*, DRB5\*), l’emploi du « / » permettra de ne pas rendre le deuxieme haplotype pour ces locis

Exemple :

Si JNA1 et JNA2 ont des résultats égaux, alors mettre «-» dans le résultat de JNA2. Si JNR51 existe sans JNR52, alors « / » sera résulté dans JNR52.

A faire par cellule info en LFR sur les paires d’analyses concernées.