

คู่มือการใช้งานระบบ MTB NGS Analysis Platform
สำหรับการแปลผลการดีเอ็นเอและสายพันธุ์ของเชื้อวัณโรค

- เมื่อเข้าสู่เว็บไซต์ <https://mtb.nbt.or.th/> จะพบกับหน้าเว็บไซต์หลักของ National Biobank of Thailand : TB Web Service ดังรูปด้านล่าง

วัณโรค TUBERCULOSIS
รู้เร็ว รักษาหาย ไม่แพร่กระจาย

Mycobacterium Tuberculosis (MTB) causes a major problem in public health. With the high prevalence of MTB in Thailand, the world health organization (WHO) assigned Thailand to the high tuberculosis (TB) burden group of 14 countries whose burdens encompass TB infection, infection with both TB and HIV (TB/HIV) and infection with multidrug-resistant TB (MDR-TB). More and more cases of drug resistant TB hampers the success of TB control program due to higher treatment failure rate. Quite often that new TB infected patients will be prescribed with multiple drugs, the standard TB drug sensitivity test usually takes up to two months. Such practices could promote the higher incidence of TB drug resistance. Thus, WHO recommends the use of TB whole genome sequencing (WGS) in the standard TB control program comprising diagnosis, prediction of TB drug resistance, and TB spreading management. WGS is faster and cheaper, soon TB WGS is hence becoming a standard practice in public health. However, WGS of TB entails generation of large sequencing data files. Such data require rather complex bioinformatic operations that could confuse TB interpretation personnel. With this challenge, we develop this platform to solicit support for development of a computational platform assisting TB drug resistant prediction with high accuracy using both TB's single nucleotide polymorphisms (SNPs) and structural variations (SV) from TB WGS data. The resulting computational prediction of drug-resistant TBs should promote the construction of an up-to-date national TB genomic portal that offer a prototype of TB drug program of TB in Thailand.

TB NGS Analysis Platform

Full scale NGS analysis platform for research support. Including lineage and drug resistant prediction, genome browser to explore your data, phylogenetic tree, outbreak analysis, structural variant analysis etc.

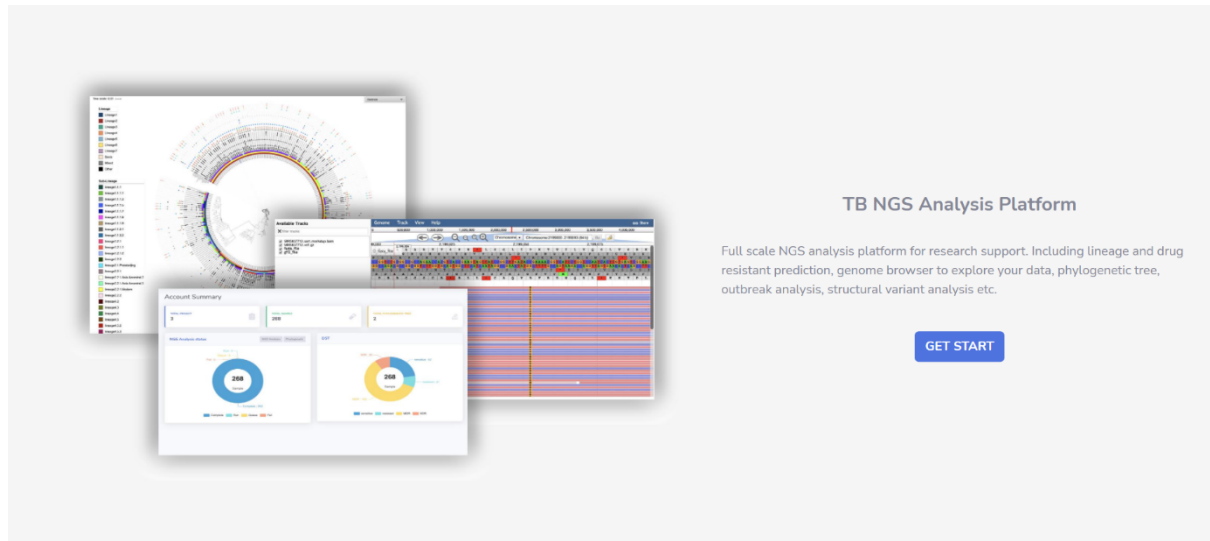
Clinical decision support system

Clinical decision support system based on NGS data analysis reference from "Practical guideline for next-generation sequencing of Mycobacterium tuberculosis laboratories and data interpretation" publish by Department of Disease Control

Practical guideline for next generation sequencing of Mycobacterium tuberculosis laboratories and data interpretation

หัวข้อ	ผู้จัดทำ	ปี	ฉบับที่
บทนำ	กรมควบคุมโรค	2562	1.0
บทที่ 1: หลักการและทฤษฎี	กรมควบคุมโรค	2562	1.0
บทที่ 2: ขั้นตอนการดำเนินงาน	กรมควบคุมโรค	2562	1.0
บทที่ 3: การแปลผลข้อมูล	กรมควบคุมโรค	2562	1.0
บทที่ 4: การรายงานผล	กรมควบคุมโรค	2562	1.0
บทที่ 5: การติดตามและประเมินผล	กรมควบคุมโรค	2562	1.0
บทที่ 6: การจัดการข้อมูล	กรมควบคุมโรค	2562	1.0
บทที่ 7: การสื่อสารข้อมูล	กรมควบคุมโรค	2562	1.0
บทที่ 8: การประเมินผล	กรมควบคุมโรค	2562	1.0
บทที่ 9: การปรับปรุงและพัฒนา	กรมควบคุมโรค	2562	1.0
บทที่ 10: บทสรุป	กรมควบคุมโรค	2562	1.0

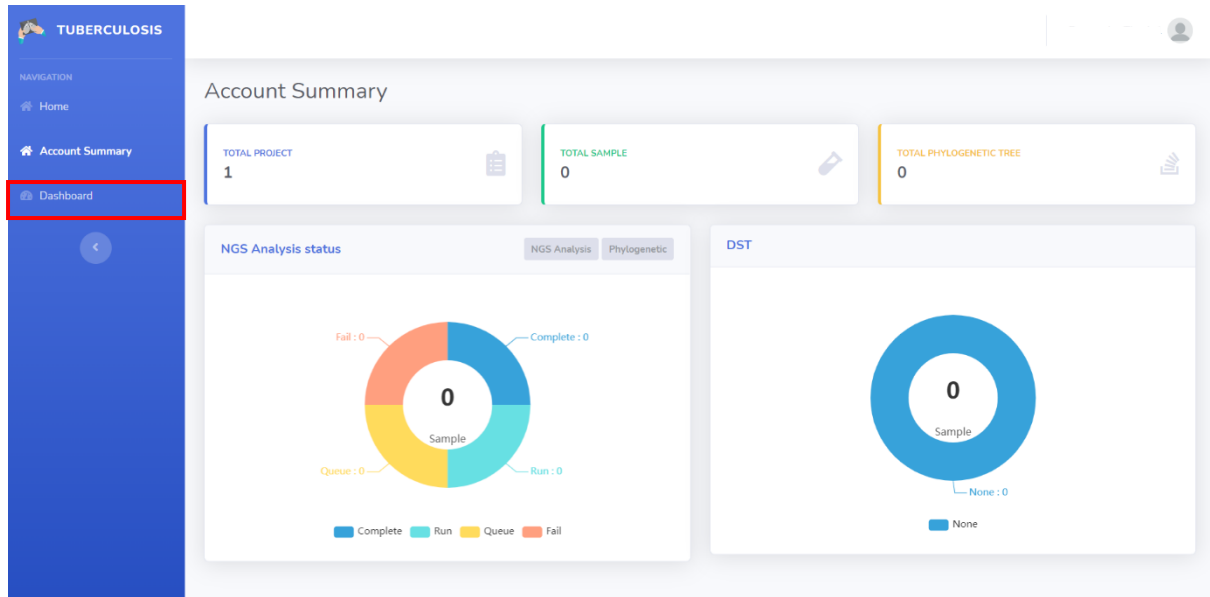
2. เพื่อเข้าใช้งานระบบ TB NGS Analysis Platform ให้เลื่อนมาที่หัวข้อ TB NGS Analysis Platform และกดปุ่ม GET START



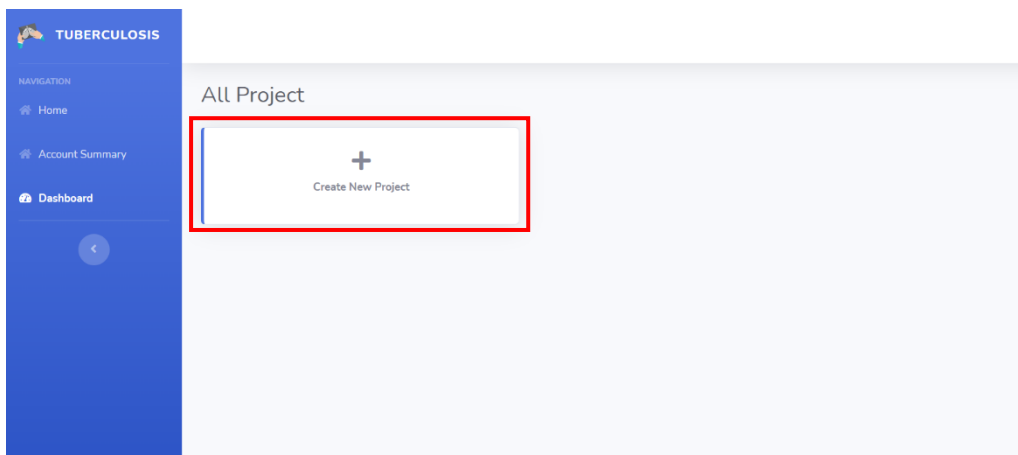
3. หลังจากกดปุ่ม GET START แล้ว ต้องทำการสมัครเข้าใช้งานเพื่อ log in ใช้งานระบบ TB NGS Analysis Platform กรอกข้อมูลตามที่ปรากฏและรออีเมลแจ้งเตือนยืนยันการอนุมัติ account

The image shows a 'Sign Up' form within a white rounded rectangle centered on a blue background. The form title is 'Sign Up' with the subtitle 'Sign up with your regular account'. The form contains the following fields: 'Email', 'FirstName', 'LastName', 'Job Title', 'Organization', 'Purpose of use', 'Password', and 'Confirm Password'. At the bottom of the form is a large blue button labeled 'Sign Up'. Below the button are two links: 'Cancel' on the left and 'Forgot Password?' on the right.

4. หลังจากได้รับ account แล้วให้กลับมา login ด้วย email และ password ที่ได้กรอกไปจากนั้น ระบบจะนำท่านเข้าสู่หน้า Account Summary เป็นหน้าแรก ให้ท่านกดปุ่ม Dashboard เพื่อเริ่มต้นการใช้งาน



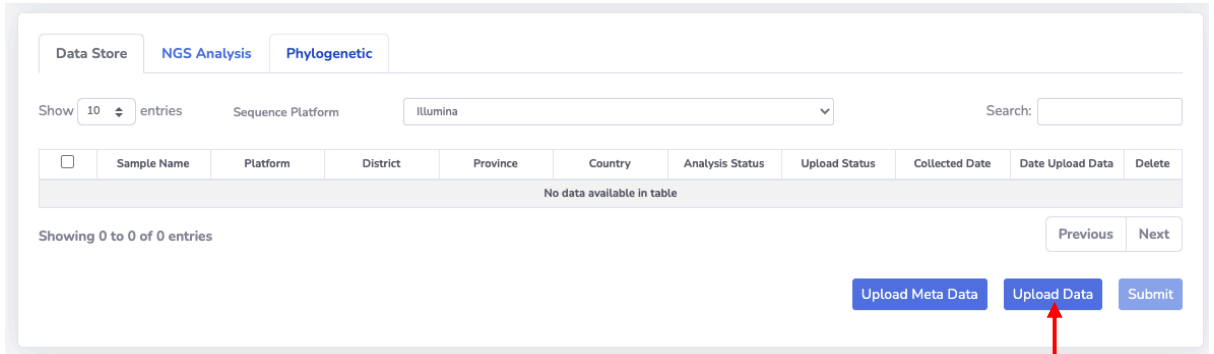
5. เมื่อกดปุ่ม Dashboard แล้ว ระบบจะนำท่านเข้าสู่หน้า All project และกด Create New Project



ตั้งชื่อ Project ในช่อง Project Name

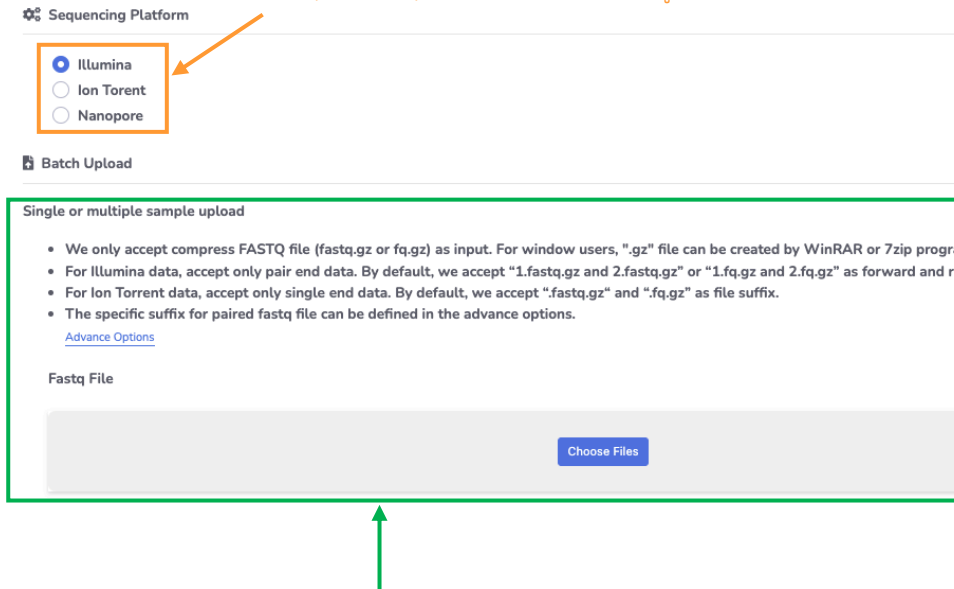
หลังจากตั้งชื่อ Project เสร็จแล้ว กด Create Project

6. เมื่อกด Create Project ระบบจะนำเข้าสู่ Project ที่ท่านสร้าง โดยมีรายละเอียดดังนี้



1. เลือก Upload Data

2. เลือก sequencing platform ที่ใช้สำหรับข้อมูลที่ต้องการวิเคราะห์



3. ผู้ใช้กด Choose Files เพื่อเลือกไฟล์ตัวอย่าง โดยไฟล์ตัวอย่างจะต้องตั้งชื่อไฟล์ ตามรูปแบบที่กำหนด ทั้งนี้ขึ้นกับ sequencing platform ที่ได้เลือกไว้ (สามารถเลือกได้หลายตัวอย่าง)

4. กดปุ่ม Submit เพื่ออัปโหลดข้อมูล

Illumina : เป็นไฟล์แบบคู่ต้องตั้งชื่อลงท้ายด้วย _1.fastq.gz และ _2.fastq.gz หรือ _1.fq.gz และ _2.fq.gz

Ion torrent : เป็นไฟล์แบบเดี่ยวต้องตั้งชื่อลงท้ายด้วย .fastq.gz หรือ .fq.gz

Nanopore : เป็นไฟล์แบบเดี่ยวต้องตั้งชื่อลงท้ายด้วย .fastq.gz หรือ .fq.gz

- The specific suffix for paired fastq file can be defined in the advance options.

[Advance Options](#)

หากชื่อไฟล์ที่ต้องการวิเคราะห์ไม่ได้ตั้งไว้ตามรูปแบบที่กำหนด ผู้ใช้งานสามารถ Define file suffix

Define file suffix

แบบที่ต้องการเองได้ จากนั้นกดเลือก file และ กด Submit

Use this advance option to define your own specific suffix file. For example you have "sample_r1.fq.gz and sample_r2.fq.gz", your suffix should be "r1.fq.gz and r2.fq.gz" for forward and reverse respectively.

Forward file suffix

Reverse file suffix

คอลัมน์ที่ 6

Analysis Status แสดงสถานะการวิเคราะห์ข้อมูล

คอลัมน์ที่ 8

วันที่ที่เก็บตัวอย่าง

คอลัมน์ที่ 7

สถานะการนำเข้าข้อมูล

คอลัมน์ที่ 9

วันที่ที่นำเข้าข้อมูล

คอลัมน์ที่ 4

Province (จังหวัด)

The screenshot shows a web interface for NGS Analysis. At the top, there are tabs for 'Data Store', 'NGS Analysis', and 'Phylogenetic'. Below the tabs, there are filters for 'Show 10 entries' and 'Sequence Platform' (set to 'Illumina'). A search bar is on the right. The main table has the following columns: Sample Name, Platform, District, Province, Country, Analysis Status, Upload Status, Collected Date, Date Upload Data, and Delete. One row is visible with Sample Name 'ERR718196', Platform 'Illumina', and Upload Status 'Upload Completed'. Below the table, there are buttons for 'Upload Meta Data', 'Upload Data', and 'Submit'. The 'Upload Meta Data' button is circled in red.

คอลัมน์ที่ 1

Sample Name

คอลัมน์ที่ 5

Country (ประเทศ)

คอลัมน์ที่ 3

District (อำเภอ)

คอลัมน์ที่ 2

Platform ของข้อมูลที่ใช้เลือกไว้

5. กดปุ่ม Upload Meta Data

เพื่อใส่ข้อมูลเพิ่มเติม ได้แก่ District , Province , Country

เมื่อกดปุ่ม Upload Meta Data ระบบจะแสดงหน้าขึ้นขึ้นมา โดยระบุว่ารับข้อมูลเป็น .csv และต้องใช้ template ตามที่กำหนด

กดปุ่ม Download เพื่อโหลด template

Upload Meta Data

We accept only ".csv" file that follow our template provided here: [Download](#)

**Cautions: The location name must be correctly type. You can check the correctness of spelling from this file: [Download](#)

Choose File

เมื่อเขียน location name ลงใน template เสร็จแล้ว กดปุ่ม save และกด Choose File เลือก file template เพื่อเพิ่มข้อมูลเพิ่มเติม

เพื่อป้องกันการเขียน location name ผิด (หากเขียนผิดจะไม่สามารถระบุตำแหน่งบนแผนที่ได้) จึงมีไฟล์นี้ไว้ให้โหลด เพื่อเปรียบเทียบว่าผู้ใช้เขียน location name ถูกต้องหรือไม่

A	B	C	D	E	F
sampleName	platform	district	province	country	Collected Date
ERR718196	Illumina	-	-	Thailand	6/10/2021

ตัวอย่าง template ที่ใช้ Upload Meta Data

ถ้าหากผู้ใช้งานไม่ทราบข้อมูล ให้ใส่เครื่องหมาย “ - ”

ในกรณีที่ผู้ใช้งานได้อัปโหลดข้อมูลไว้หลาย platform สามารถเลือก เฉพาะ platform ที่ต้องการเพื่อเลือกตัวอย่างนำไปวิเคราะห์ได้ที่ช่องนี้

สามารถค้นหาชื่อ Sample ของข้อมูลได้ที่ช่องนี้

The screenshot shows a web interface with tabs for 'Data Store', 'NGS Analysis', and 'Phylogenetic'. Below the tabs, there's a 'Show 10 entries' dropdown and a 'Sequence Platform' dropdown menu currently set to 'Illumina'. A search bar is on the right. Below this is a table with columns: Sample Name, Platform, District, Province, Country, Analysis Status, Upload Status, Collected Date, Date Upload Data, and Delete. One row is visible with Sample Name 'ERR718196', Platform 'Illumina', Analysis Status 'Not Analysised', and Upload Status 'Upload Completed'. A checkbox in the first column of this row is checked. Below the table, it says 'Showing 1 to 1 of 1 entries'. At the bottom right, there are three buttons: 'Upload Meta Data', 'Upload Data', and 'Submit'. The 'Submit' button is circled in yellow.

6. หลังจากอัปโหลดข้อมูลเสร็จแล้ว

กดเครื่องหมาย ✓ เพื่อเลือกข้อมูลที่ต้องการวิเคราะห์

7. เมื่อเลือกข้อมูลที่ต้องการวิเคราะห์เสร็จแล้ว

กดปุ่ม Submit เพื่อเริ่มต้นการวิเคราะห์ข้อมูล

เมื่อกด Submit แล้ว ระบบจะนำเข้าสู่หน้าเตรียมการ Submit โดยมีรายละเอียดดังนี้

Sequencing Platform : **Illumina** ← ระบุ platform ของข้อมูล que เลือกใช้

Drug Resistance mutation database

- Choose drug resistance mutation database or upload your custom database file.
- Drug resistance mutation database file must be tab delimited file (.txt) contain the following column:
 - Drug - Name of the drug.
 - Gene - Can be gene names (e.g. inhA, katG) or locus tag (e.g. Rv0678, Rv0682)
 - Mutation - These must be hgvs nomenclature (e.g. p.Val139Leu, c.-15C>T). We accept only "c.", "r." and "p." as prefixes of mutation. For more info can be found [here](#).
 - Resistance Level - A resistance level base on MIC level or other testing. Can specify into four level "unknown, low, moderate and high"
 - Confidence Level - These contain text indicate how confidence of this mutation to be drug resistance mutation. Can specify into four level "unknown, low, moderate and high"

Noted: All gene and mutation must based on [H37RV reference](#).
Example File ([Download](#))

Choose database TBprofiler

← ผู้ใช้งานสามารถเลือก Drug Resistance mutation database ได้ว่าจะใช้ประเภทใด

Lineage mutation database (Optional)

- This is an optional option that allow you to upload your custom lineage mutation database file.
- Lineage mutation database file must be tab delimited file (.txt) contain the following column:
 - Position - These must be genomic position on reference genome.
 - REF - These contain reference allele.
 - ALT - These contain alternate allele. Currently, we accept only SNP.
 - Lineage - These contain lineage name (e.g. Lineage1, lineage4.1.2).

Noted: All position and allele must based on [H37RV reference](#).
Example File ([Download](#))

Choose database Thai SNP DB

↑ ผู้ใช้งานสามารถเลือก Lineage mutation database (Optional) ได้ว่าจะใช้ประเภทใด

โดยจะมีข้อมูล 4 ประเภทให้เลือก ดังนี้

1. TBprofiler
2. TBprofiler2022
3. WHO 2018
4. ผู้ใช้อัปโหลดไฟล์ของตัวเอง

Submit

↑
8. เมื่อตั้งค่าเสร็จแล้ว

กดปุ่ม Submit

โดยจะมีข้อมูล 3 ประเภทให้เลือก ดังนี้

1. Thai SNP DB
2. Napier Barcode
3. upload file (กรณี que ใช้งานมีไฟล์ database ของตัวเอง)

7. เมื่อกด Submit แล้ว ระบบจะนำเข้าสู่หน้า NGS Analysis และรอจนกว่าจะ processing เสร็จ

Data Store		NGS Analysis		Phylogenetic					
Lineage	Sub-Lineage	Drug profile	Drug database	Lineage database					
All	All	All	All	All	All				
Sample ID	Status	Lineage	Sub-lineage	DR type	Detail	DR db	Lin db	Date Analysed	Platform
ERR718197	Running	Processing...	Processing...	Processing...	50% HaplotypeCaller	TBprofiler	Thai SNP DB	29-11-2021	Illumina

Showing 1 to 1 of 1 entries Previous 1 Next

↑ แสดงสถานะการวิเคราะห์ข้อมูล

↑ เมื่อวิเคราะห์ข้อมูลเสร็จแล้ว
ช่องนี้จะเปลี่ยนเป็นปุ่ม Full Report

↑ แสดง platform ของข้อมูล Drug Resistance mutation database และ Lineage mutation database que ใช้งานเลือก

8. เมื่อ processing เสร็จแล้ว ระบบจะแสดงให้เห็นว่าข้อมูลของตัวอย่างที่นำมาวิเคราะห์เป็นเชื้อสายพันธุ์อะไรและระบุประเภทของการดื้อยา

Sample ID	Status	Lineage	Sub-lineage	DR type	Detail	DR db	Lin db	Date Analysed	Platform
ERR718197	Complete	lineage1	lineage1.1.1.7	sensitive	Full Report	TBprofiler	Thai SNP DB	29-11-2021	Illumina

ระบุว่าเป็นตัวอย่างที่นำมาวิเคราะห์
เป็นเชื้อสายพันธุ์อะไรและระบุ
ประเภทของการดื้อยา

9. กดปุ่ม Full Report ในหน้า NGS Analysis ระบบจะนำไปสู่หน้า Result ซึ่งผู้ใช้งานสามารถดูรายงานผลการวิเคราะห์และดาวน์โหลด pdf file ได้จากหน้านี้ โดยมีรายละเอียด ดังนี้

Sample ID	Status	Lineage	Sub-lineage	DR type	Detail	DR db	Lin db	Date Analysed	Platform
ERR718197	Complete	lineage1	lineage1.1.1.7	sensitive	Full Report	TBprofiler	Thai SNP DB	29-11-2021	Illumina

1. กดปุ่ม Full Report

3. กดปุ่ม IGV เพื่อดู Genome browser

5. สามารถกดดาวน์โหลดไฟล์ .sort และ .vcf ได้จากตรงนี้

4. ผู้ใช้งานสามารถเลือก Report ได้ว่าจะใช้ประเภทใด โดยจะมีข้อมูล 3 ประเภทให้เลือก ดังนี้

2. สามารถเลือกดูได้

1. Lineage and Drug Resistant Profile

2. Variations Profile เป็นข้อมูลเชิงสรุป

3. WGS Metrics

Result

Fast QC ▾ IGV Report ▾ Download

FastQC 1

FastQC 2

Summary

- ✔ Basic Statistics
- ✔ Per base sequence quality
- ✔ Per tile sequence quality
- ✔ Per sequence quality scores
- ✔ Per base sequence content
- ✔ Per sequence GC content
- ✔ Per base N content
- ⚠ Sequence Length Distribution
- ✔ Sequence Duplication Levels
- ✔ Overrepresented sequences
- ✔ Adapter Content

Result

Fast QC ▾ IGV Report ▾ Download

IGV Chromosome 2,205,747-2,205,785 bp 40 bp

ERR718197.sort.markdup.bam

ERR718197.vcf.gz

GFF3

ตัวอย่างหน้า Genome browser โดยสามารถดูตำแหน่งยีนต่างๆที่ต้องการได้

Result

Fast QC - IDV Report - Download

Mycobacterium Whole Genome Sequencing Report

Specimen ID : ERR718197 Report Date : 29 November 2021 Platform : Illumina

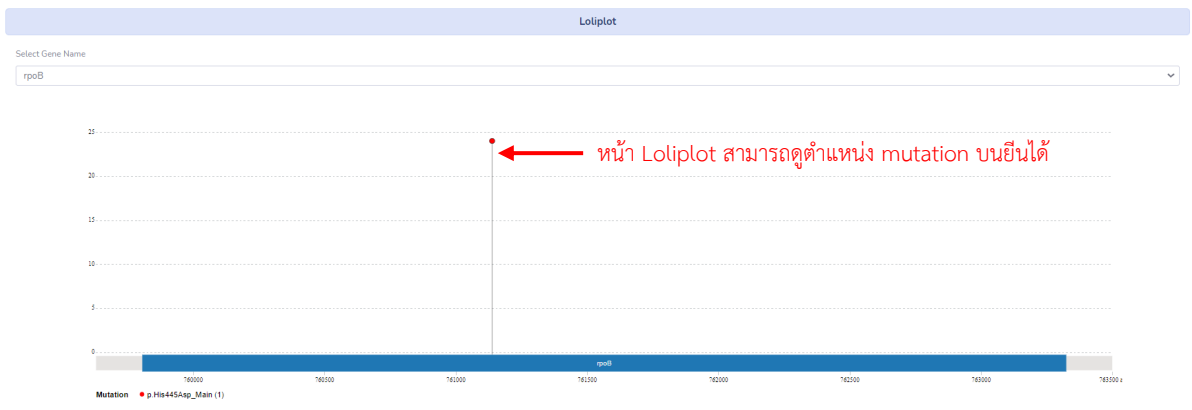
Summary of Finding : The specified from xxxx is positive for Mycobacterium tuberculosis (lineage1, lineage1.1.1.7).
It is predicted to be resistant to 0 antibiotics ()
Diagnosis : The specified was speciated as Mycobacterium tuberculosis.
Treatment Details : The specified was considered to be susceptible
Drug Resistance database : TBProfiler
Lineage database : Thai SNP DB

[Back](#)

กด back เพื่อกลับไป
ยังหน้า Dashboard

กดไอคอนนี้เพื่อโหลด pdf file ของรายงาน

Drug	Prediction	Mutation	Resistant confiant	Resistant level
Isoniazid	No mutation detected			
Rifampicin	No mutation detected			
Ethambutol	No mutation detected			
Pyrazinamide	No mutation detected			
Streptomycin	No mutation detected			
Fluoroquinolones				
Ofloxacin	No mutation detected			
Levofloxacin	No mutation detected			
Moxifloxacin	No mutation detected			
Aminoglycosides				
Amikacin	No mutation detected			
Kanamycin	No mutation detected			
Capreomycin	No mutation detected			
Para-aminosalicylic acid	No mutation detected			
Ethionamide	No mutation detected			
Cycloserine	No mutation detected			
Linezolid	No mutation detected			
Bedaquiline	No mutation detected			
Delamanid	No mutation detected			



หน้า Loliplot สามารถดูตำแหน่ง mutation บนยีนได้

ตัวอย่างของข้อมูลประเภท Lineage and Drug Resistant Profile โดยจะแสดงข้อมูลเบื้องต้น

Result

Fast QC - IDV Report - Download

SnpEff: Variant analysis

Contents

- Summary table
- Change rate by chromosome
- Variants by type
- Effects by impact
- Effects by functional class
- Number of effects by type and region
- Quality
- Indel lengths
- Base changes
- TuTv summary
- Allele frequency - All variants
- Allele Count
- HomoHet table
- Code change table
- Amino acid change table
- Chromosome change table

Name	Value
Genome	Mycobacterium_tuberculosis_h37rv
Date	2021-11-29 09:13
SnpEff_version	SnpEff 4.3t (build 2017-11-24 10:18), by Pablo Cingolani
Command_line_arguments	SnpEff -conStats ERR718197.asm.gz Mycobacterium_tuberculosis_h37rv ERR718197.vcf.gz
Variants	18,126
Number_of_genes_in_input_file	3,043
Number_of_variants_before_filter	3,063
Number_of_not_variants	0
Number_of_variants_processed	3,047
Number_of_strong_variants (i.e. non-empty I3)	0, 0%
Number_of_effects	30,754
Genome_total_length	4,411,532
Genome_effective_length	4,411,532
Change_rate	1,447

Change rate by chromosome

Chromosome	Length	Variants	Variants rate
Chromosome	4,411,532	3,047	1,447
Total	4,411,532	3,047	1,447

Variants by type

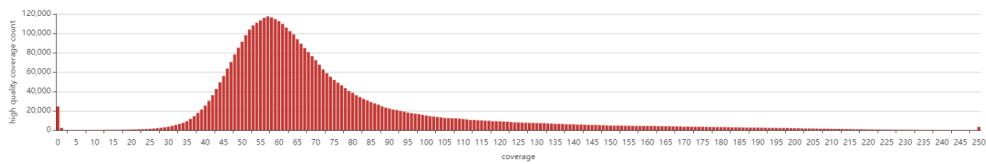
ตัวอย่างของข้อมูลประเภท Variations Profile โดยจะแสดงข้อมูลเชิงสรุป

Fast QC - IGV Report - Download

WGS Metrics

GENOME_TERRITORY	4411532	PCT_1X	0.99447
MEAN_COVERAGE	73.182241	PCT_5X	0.993838
SD_COVERAGE	33.271192	PCT_10X	0.993648
MEDIAN_COVERAGE	63	PCT_15X	0.993315
MAD_COVERAGE	12	PCT_20X	0.992804
PCT_EXC_MAPQ	0	PCT_25X	0.991779
PCT_EXC_DUPE	0	PCT_30X	0.989454
PCT_EXC_UNPAIRED	0.000814	PCT_40X	0.966493
PCT_EXC_BASEQ	0.000001	PCT_50X	0.84479
PCT_EXC_OVERLAP	0.03006	PCT_60X	0.597576
PCT_EXC_CAPPED	0.000633	PCT_70X	0.381114
PCT_EXC_TOTAL	0.031509	PCT_80X	0.25696
HET_SNP_SENSITIVITY	0.994084	PCT_90X	0.18842
HET_SNP_Q	22	PCT_100X	0.145833

Coverage High Quality Histogram



ตัวอย่างของข้อมูลประเภท WGS Metrics โดยจะแสดงข้อมูลเชิงสรุปของการ alignment

10. กตที่แท้ป Phylogenetic เพื่อสร้าง Phylogenetic tree โดยมีรายละเอียด ดังนี้

Data Store NGS Analysis Phylogenetic

Show 10 entries Search:

Tree ID	Status	Progress	Number of Sample	Back Bone Tree	Placing Tree	Date Create	Edit tree
No data available in table							

Showing 0 to 0 of 0 entries

Previous Next

Create Tree

1. กดปุ่ม Create Tree

2. ตั้งชื่อ tree ที่จะสร้างตรงช่อง tree name

Tree Name:

Choose sample: **Illumina** Ion Torrent Nanopore

Show 10 entries

Lineage: All Sub-Lineage: All Drug profile: All Drug database: TBprofiler Lineage database: Thai SNP DB

<input type="checkbox"/>	Sample Name %	Lineage %	Sub-lineage %	Drug profile%	DR db %	Lin db %	District%	Province%	Country %	Collected Date
<input type="checkbox"/>	SAMEA13188658	lineage1	lineage1.1.2.2	MDR	TBprofiler	Thai SNP DB	-	-	Thailand	2022-10-02
<input type="checkbox"/>	SAMEA13188659	lineage4	lineage4	resistant	TBprofiler	Thai SNP DB	-	-	China	2020-10-02
<input type="checkbox"/>	SAMEA13188660	lineage2	lineage2.2.1.modern.asian.african_2	MDR	TBprofiler	Thai SNP DB	-	-	Thailand	2020-10-02
<input type="checkbox"/>	SAMEA13188661	lineage4	lineage4.9	sensitive	TBprofiler	Thai SNP DB	-	-	China	2022-10-02
<input type="checkbox"/>	SAMEA13188662	lineage1	lineage1.1.2.2	MDR	TBprofiler	Thai SNP DB	-	-	Thailand	2021-10-02

Showing 1 to 5 of 5 entries

Choose Phylogenetic Workflow:

- Phylogenetic tree + Nextstrain
*Run nextstrain. Available only on data that have Country and Collected Date.
- Phylogenetic tree
- Placing tree

Select file backbone:

Submit

4. เลือกประเภท Phylogenetic Workflow

โดยจะมี 3 ประเภทให้เลือก ดังนี้

1. Phylogenetic tree + Nextstrain (สามารถเลือก sample ที่มีข้อมูล Country และ Collected date เท่านั้น)

2. Phylogenetic tree

3. Placing tree (เป็นการสร้าง Phylogenetic tree เพื่อเปรียบเทียบ Sample ของผู้ใช้งานกับ Tree อื่นที่ทำมาก่อนหน้านี้)

5. เมื่อกดเลือกทุกอย่างเสร็จแล้ว

กด Submit เพื่อเริ่มการสร้าง Phylogenetic

หมายเหตุ : การทำ Phylogenetic workflow ที่ 1 และ 2 ควรมีจำนวน Sample ≥ 4 Sample ขึ้นไป เพราะถ้าหากจำนวน Sample น้อยกว่า 4 Sample โปรแกรมจะประมวลผลไม่ได้ ส่วน Placing tree สามารถทำแค่ 1 Sample ได้

11. เมื่อกด Submit แล้ว ระบบจะทำการประมวลผล โดยมีรายละเอียด ดังนี้

แสดงจำนวน Sample ที่ผู้ใช้งานเลือก

ชื่อ tree ที่ผู้ใช้งานตั้ง

แสดงสถานะการประมวลผล

ผู้ใช้เลือกทำ Phylogenetic tree จะมีเครื่องหมาย ✓ ที่ช่องนี้

ผู้ใช้ไม่ได้เลือกทำ Placing tree จะมีเครื่องหมาย “ - ” ที่ช่องนี้

ระบุ วัน/เดือน/ปี ที่สร้าง tree

เมื่อระบบประมวลผลเสร็จแล้ว ตรงช่อง Status จะแสดงสถานะ complete

แสดงสถานะการประมวลผล

เป็น complete

เมื่อระบบประมวลผลเสร็จแล้ว ตรงช่อง Progress จะมี 3 ปุ่มให้เลือกดูรายงานผล ดังนี้

1. View Phylo Map

2. View Phylogenetic tree

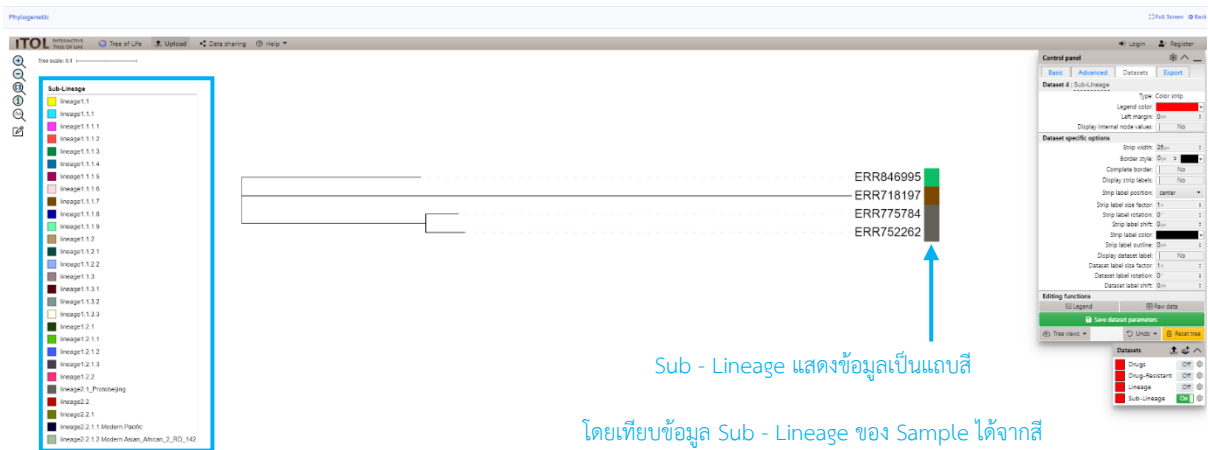
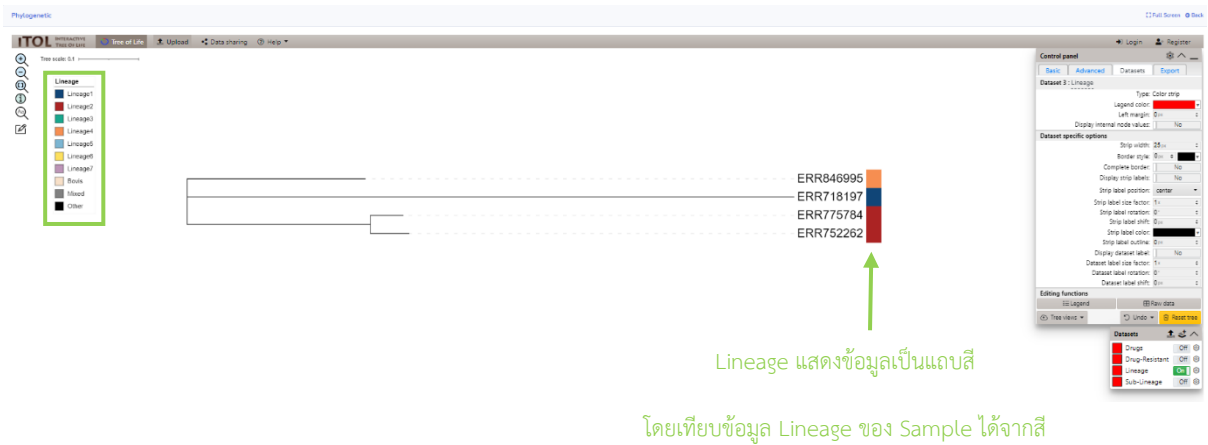
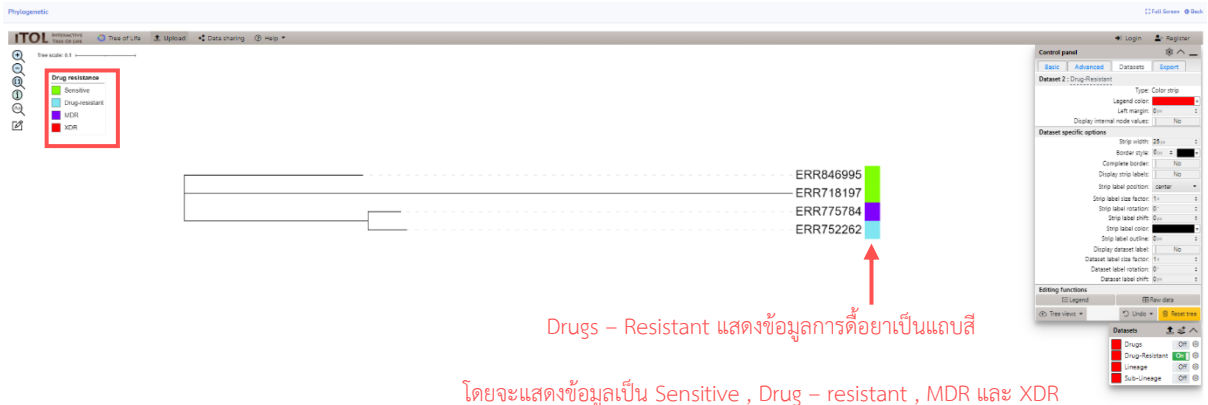
3. Nextstrain

11.1 เมื่อคลิกปุ่ม View Phylogenetic tree ระบบจะนำเข้าสู่หน้า Phylogenetic tree

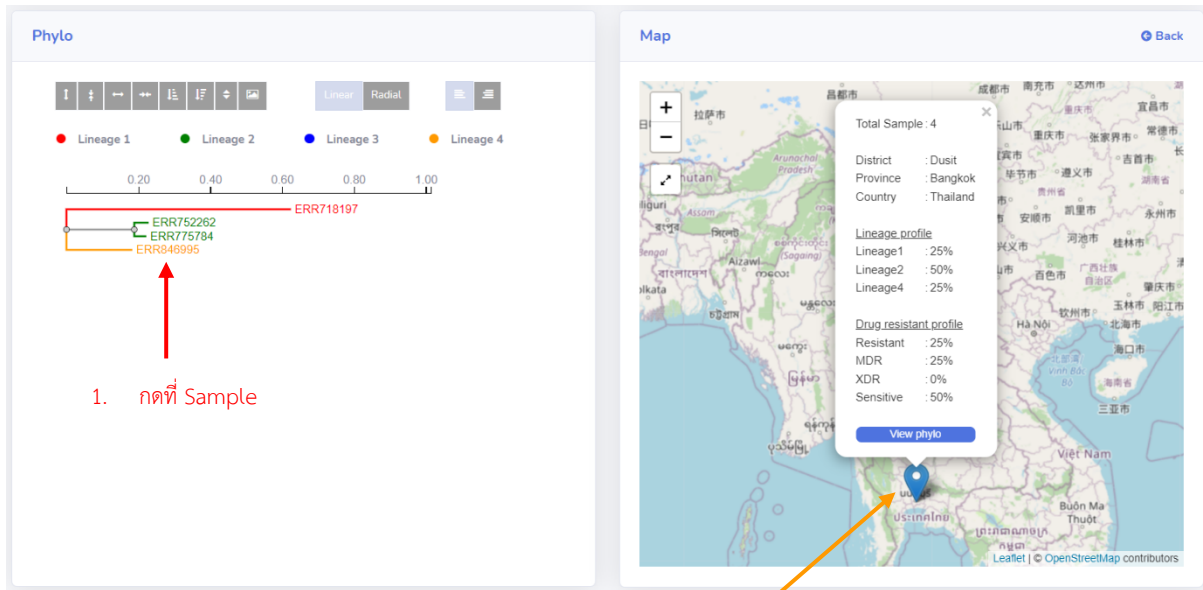
ผู้ใช้งานสามารถปรับเปลี่ยนรูปแบบ Phylogenetic tree ได้ตามที่ต้องการ โดยใช้ปุ่มเครื่องมือต่างๆที่มีในระบบนี้

ข้อมูลตรงนี้เป็น annotation ให้กับข้อมูลของ Sample โดยผู้ใช้งานสามารถกดเปิดใช้ข้อมูลเหล่านั้นได้

Drugs แสดงข้อมูลการดื้อยา หากเข็มมีการดื้อยาชนิดใด ตรงช่องวงกลมจะเป็นสีดำที่ยาชนิดนั้น

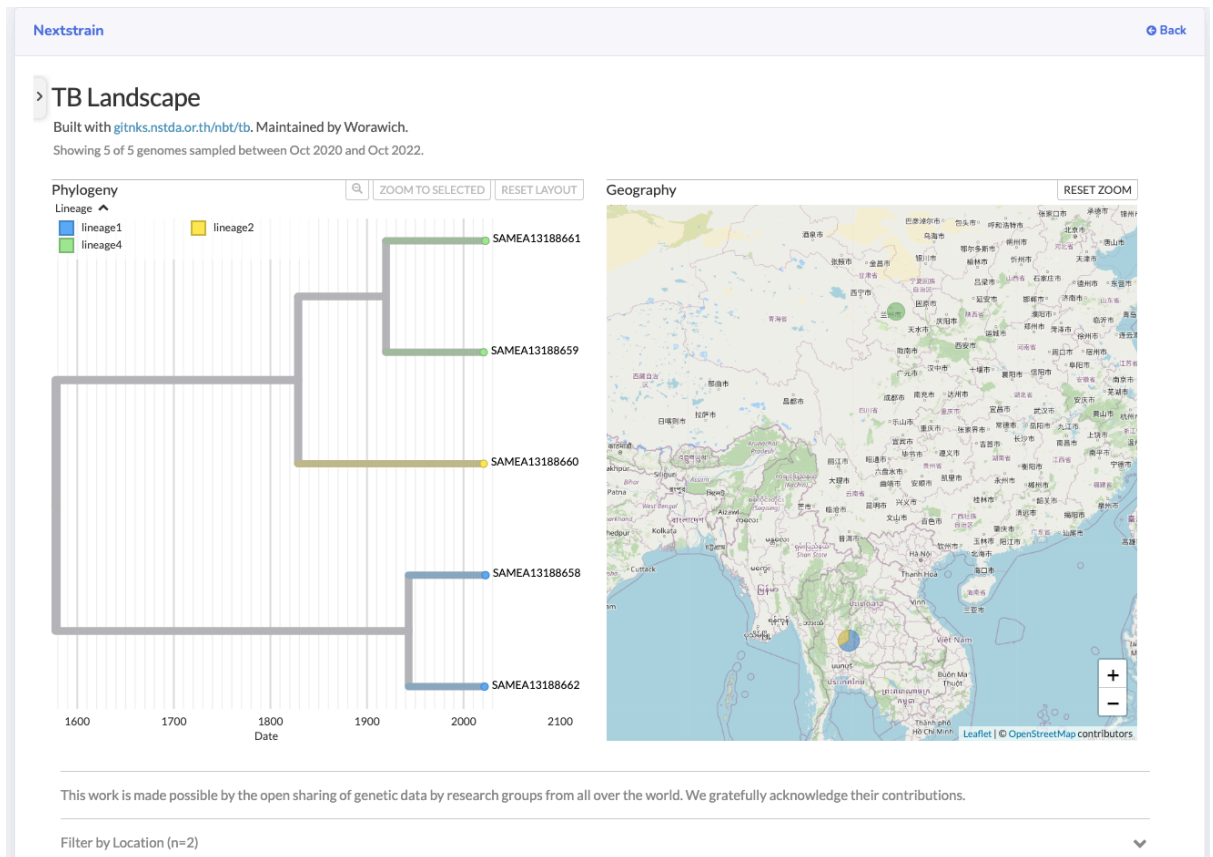


11.2 เมื่อกดปุ่ม View Phylo Map ระบบจะนำเข้าสู่หน้า Phylo Map โดยหน้านี้จะเปิดหน้า Phylo tree คู่กับหน้า Map

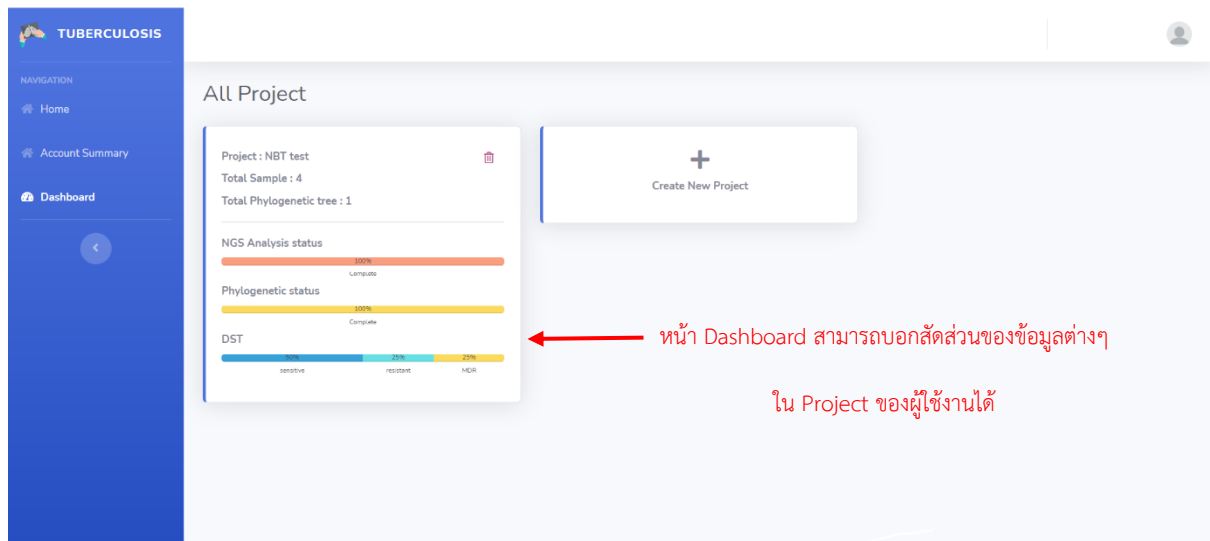


2. ระบบจะปักหมุดในแผนที่ตามสถานที่ที่พบ Sample โดยข้อมูลส่วนนี้จะ Link กับข้อมูล Meta Data

11.3 เมื่อกดปุ่ม Nextstrain ระบบจะนำเข้าสู่หน้า Phylogeography ของ Nexstrain



12. กดปุ่ม Back เพื่อย้อนกลับมาหน้า Dashboard



The screenshot shows a web dashboard for Tuberculosis. On the left is a blue navigation sidebar with options: Home, Account Summary, and Dashboard. The main content area is titled 'All Project' and displays a card for 'Project : NBT test'. The card shows 'Total Sample : 4' and 'Total Phylogenetic tree : 1'. Below this are three progress bars: 'NGS Analysis status' (100% Complete), 'Phylogenetic status' (100% Complete), and 'DST' (50% sensitive, 25% resistant, 25% MDR). A '+ Create New Project' button is visible to the right of the card. A red arrow points from the text 'หน้า Dashboard สามารถบอกสัดส่วนของข้อมูลต่างๆ ใน Project ของผู้ใช้งานได้' to the DST progress bar.

Project : NBT test

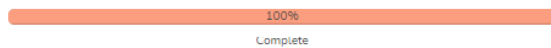


Total Sample : 4

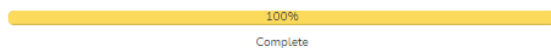
Total Phylogenetic tree : 1

NGS Analysis status

← บอกสถานะ Process ของ NGS ที่กำลังวิเคราะห์



Phylogenetic status



DST



ข้อมูล DST อ้างอิงจาก Result ที่สามารถ Run ข้อมูลได้

13. หน้า Account Summary จะแสดงข้อมูลโดยรวมทั้งหมด

