

RUN MISEQ n°406 – 22/11/2024

CEFE/Doria-F.Richard/Champignon/Bq_Doria

Type de la banque: 1°) Type Amplicon 2°) Protocole : Two-step PCR 3°) Taille : 522-537 pb 4°) Locus : ITS

Préparation de la banque:

✓ **Préparation de 5µL de PhiX à 4nM** : 2 µL de PhiX 10 nM + 3 µL de tampon EB.

✓ **Préparation de l'échantillon**

Nom échantillon sur le tube fourni et concentration :

Pool1 : 33.3 nM

Pool3 : 74.4 nM

Pool2 : 48.8 nM

Pool4 : 85.3 nM

○ **Normalisation à 10 nM :**

5 µL Pool1 + **11.65** µL H2O

5 µL Pool3 + **32.22** µL H2O

5 µL Pool2 + **19.42** µL H2O

5 µL Pool4 + **37.67** µL H2O

Pool final 10 nM : **5** µL Pool1 10 nM + **5** µL Pool2 10 nM + **5** µL Pool3 10 nM + **5** µL Pool4 10 nM

○ **Dilution à 4 nM** : 2 µL pool final + 3 µL H2O

✓ **Préparation de 500 µL d'une solution NaOH à 0.2 N** : **10** µL NaOH 10 M + **490** µL eau UP.

✓ **Dénaturation, dilution et mélange : PhiX & Banque**

Tube PhiX

5 µL PhiX à 4 nM + 5 µL NaOH 0.2 N

(à ce moment le PhiX est à 2 nM)

Tube Banque

5 µL Banque 4 nM + **5** µL NaOH 0.2 N

(à ce moment la banque est à 2 nM)

Vortexer-spin

Incubation 5 min à température ambiante.

Ajouter **990 µL** de HT1 froid

Mélanger par inversion

Mettre dans la glace.

(à ce moment le PhiX est à 20 pM)

(à ce moment la banque est à 20 pM)

Tube PhiX à 20 pM

Tube Banque à 9 pM

270 µL banque à 20 pM + **330 µL** HT1

Tube Final (banque + PhiX 10%)

540 µL de banque à **9 pM** + **60 µL** de PhiX à **20 pM**

>Mettre 600 µL de ce mélange dans la cassette : cupule orange

Sample Sheet:

- Application : GenerateFastQ
- Index kit : IDT-ILMN Nextera DNA UDP Indexes
- Index reads : 2 index de 10 bases
- Nombre de cycles : 2 x 301 cycles
- Nombre d'échantillons multiplexés: 375

Tracabilité : Kit fourni par GenSeq

Numéro lot Box 1/2 (cartouche+HT1) : 20891332 (14/08/2025)
Numéro lot Box 2/2 (Tampon+Flowcell) : 20895994 (12/09/2025)
Numéro Cartouche: MS3347437-600V3
Numéro Flowcell: LTBJR

Résultats :

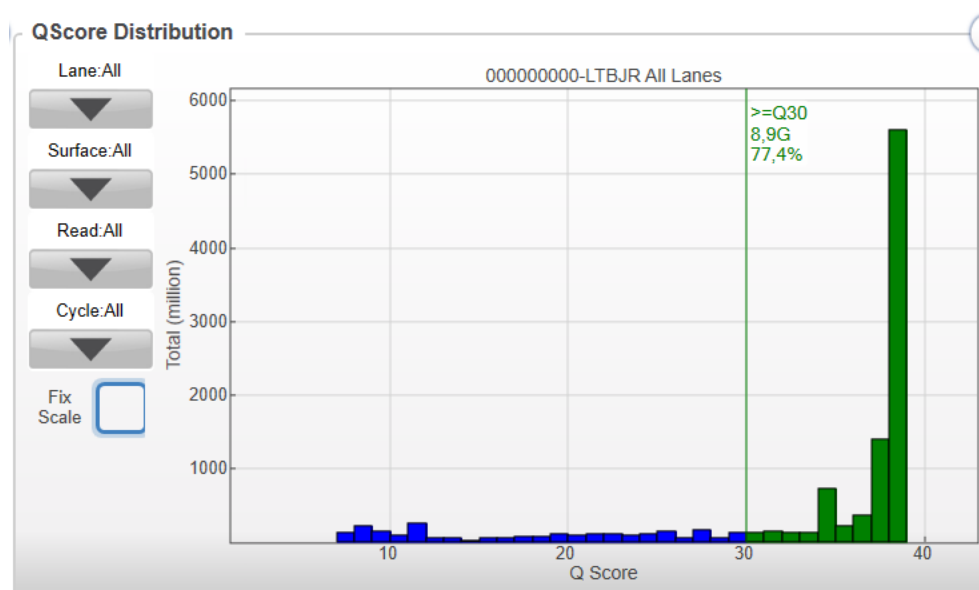
Cluster Densité (K / mm²) : 821

Cluster passing filter % : 95.7

Millions de Clusters : 19.32 M Millions de Clusters après PF : 18.50 M

Rendement : 11.43

% alignement : 11.74



% > Q30 final : 77.55

% > Q30 Read1 : 84.63

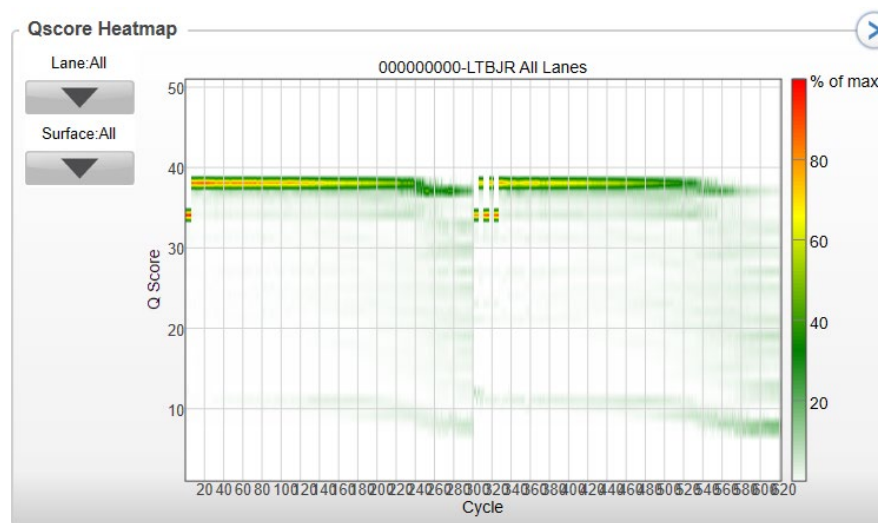
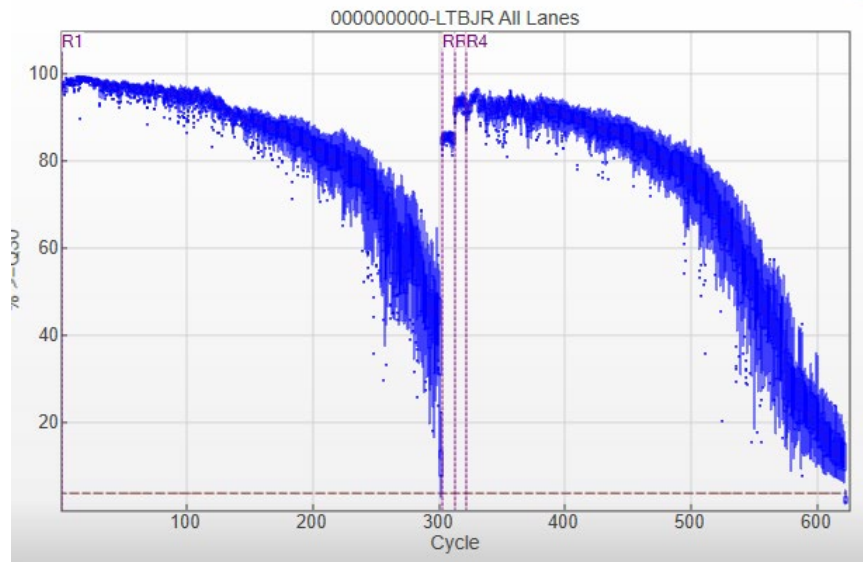
% Phasing/% Prephasing : 0/0

% > Q30 Read2 (I) : 85.55

% > Q30 Read3 (I) : 93.40

% > Q30 Read4: 69.76

% Phasing/% Prephasing : 0.008/0



Indexing :

