

# 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 :

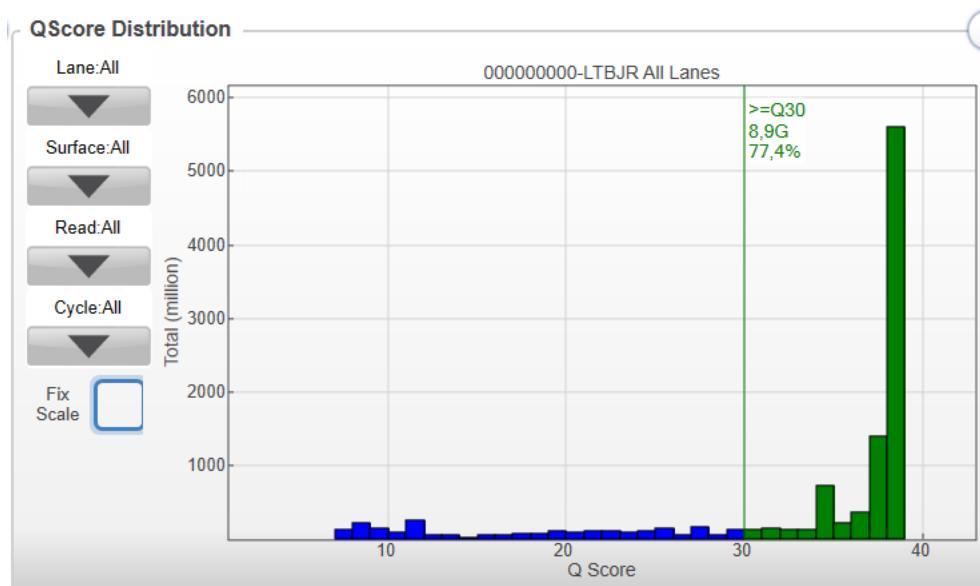
Cluster Densité (K / mm<sup>2</sup> ): 821

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

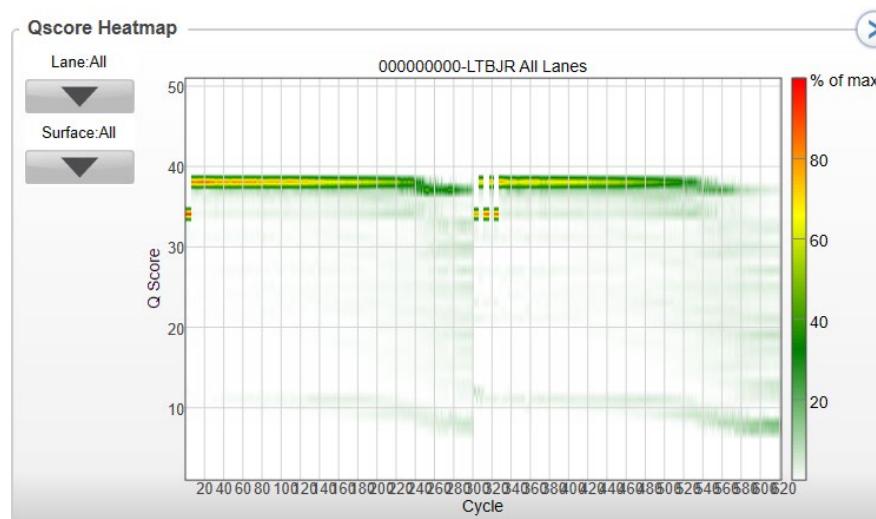
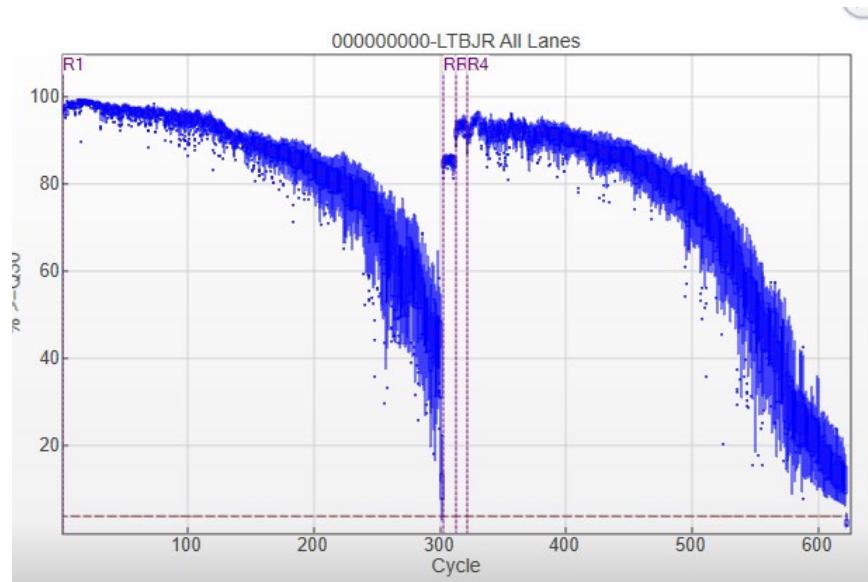
% Phasing/% Prephasing : 0/0

% > Q30 Read2 (I) : 85.55

% > Q30 Read3 (I) : 93.40

% > Q30 Read4: 69.76

% Phasing/% Prephasing : 0.008/0



Indexing :

