



## LABORATOIRE DE BIOINFORMATIQUE POUR LA GÉNOMIQUE ET LA BIODIVERSITÉ

Master de bioinformatique - ingénierie de plate-forme en biologie  
UNIVERSITÉ PARIS CITÉ

---

### Rapport d'alternance

# Gestion informatique des données de séquençage

---

**22 août 2022**

William Amory  
sous la responsabilité de Frédérick Gavory



# Table des matières

<b>Glossaire</b>	<b>2</b>
<b>1 Introduction</b>	<b>3</b>
1.1 LBGB au sein du Genoscope et du CEA . . . . .	3
1.2 Contexte et missions du LBGB . . . . .	3
1.3 Présentation du workflow NGS . . . . .	4
1.4 La technologie MGI . . . . .	4
<b>2 Objectifs</b>	<b>5</b>
<b>3 Matériels et Méthodes</b>	<b>6</b>
3.1 Le cluster de calcul et Slurm . . . . .	6
3.2 La base de données de référence NGL et la gestion des projets . . . . .	6
3.3 Le langage de programmation Perl . . . . .	6
3.4 Logiciels de <i>Base Calling</i> (bcl2fastq - bcl-convert) . . . . .	6
3.5 Les pipelines de génération de fichiers de séquences pour les technologies Illumina et Nanopore . . . . .	7
3.6 Les pipelines de contrôle qualité des fichiers de séquences pour les techno- logies Illumina et Nanopore . . . . .	7
<b>4 Résultats</b>	<b>8</b>
4.1 Résultats des évaluations de bcl2fastq et bcl-convert . . . . .	8
4.1.1 Détermination des meilleurs paramètres pour bcl2fastq . . . . .	8
4.1.2 Comparaison entre bcl2fastq et bcl-convert . . . . .	9
4.1.3 Migration de bcl2fastq vers bcl-convert . . . . .	10
4.2 Le pipeline NGS_RG_MGI . . . . .	10
4.3 Le pipeline NGS_QC_MGI . . . . .	11
<b>5 Discussions</b>	<b>11</b>
5.1 Le pipeline NGS_RG_MGI . . . . .	11
5.2 Le pipeline NGS_QC_MGI . . . . .	11
<b>6 Perspectives</b>	<b>11</b>
6.1 Workflow MGI . . . . .	11
6.1.1 Le pipeline NGS_RG_MGI . . . . .	11
6.1.2 Le pipeline NGS_QC_MGI . . . . .	11
6.2 Évaluation d'outils . . . . .	11
<b>Notes</b>	<b>12</b>

## Glossaire

**BGI** : *Beijing Genomics Institute*, est une entreprise Chinoise de biotechnologie fondé en 1999.

**CEA** : Commissariat à l'Énergie Atomique et aux Énergies Alternatives

**CNRGH** : Centre National de Recherche en Génomique Humaine

**CNS** : Centre National de Séquençage (Genoscope)

**CPU** : *Central Processing Unit* (Unité Central de Traitement)

**DRF** : Direction de la Recherche Fondamentale

**ERGA** *European Reference Genome Atlas*

**IBFJ** : Institut de Biologie François Jacob

**Illumina** : Entreprise Californienne de biotechnologie fondé en 1998, qui réalise : R&D, production et vente d'instruments de séquençage d'ADN, de réactifs et de produits connexes

**Jira** : Logiciel de gestion de projet, d'incidents et de suivi de bugs développé par l'entreprise Atlassian

**LBGB** : Laboratoire de Bioinformatique pour la Génomique et la Biodiversité

**LIMS** : *Laboratory Information Management System*

**MGI** : Filiale du groupe BGI fondé en 2016 dont les missions sont : R&D, production et vente d'instruments de séquençage d'ADN, de réactifs et de produits connexes

**NCBI** : *National Center for Biotechnology Information*, est un institut national des Etats Unis d'Amérique pour l'information biologique moléculaire. Il développe notamment la base de données de génomes GenBank et la base de données des publications PubMed

**NGL** : *Next Generation LIMS*

**NGS** : *Next Generation Sequencing*

**Oxford Nanopore** : Entreprise Anglaise de biotechnologie fondé en 2005, qui réalise : R&D, production et vente d'instruments de séquençage d'ADN, de réactifs et de produits connexes

**PacBio** : *Pacific Biosciences* est une entreprise Californienne fondé en 2004, qui réalise : R&D, production et vente d'instruments de séquençage d'ADN, de réactifs et de produits connexes

**Path** : Chemin d'accès à un fichier ou à un répertoire dans le système de fichier

**PERL** : *Practical Extraction and Report Language*

**RAM** : *Random Access Memory* (Accès Mémoire Aléatoire)

**Slurm** : *Simple Linux Utility for Resource Management* qui est un logiciel open source d'ordonnancement des tâches informatiques

# 1 Introduction

## 1.1 LBGB au sein du Genoscope et du CEA

Le Genoscope (CNS) a été créé en 1996 pour participer au projet mondial de séquençage du génome humain (*Human Genome Project*) qui a débuté en 1990 et s'est terminé en 2003. Il a notamment participé au séquençage du chromosome 14. Le Genoscope est impliqué dans le développement de programme de génomique en France dans le cadre du projet France génomique. Aujourd'hui les projets phares du Genoscope sont les projets **Tara** (*Pacific*, Océans, *Artic* ...), qui ont pour objectifs l'étude des écosystèmes marins ; Le projet **ERGA**, dont l'objectif est de créer une base de données de références de haute qualité des génomes d'espèces européennes.

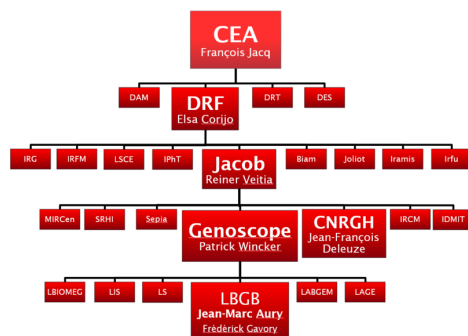


FIGURE 1 – Organigramme situant l'équipe du LBGB au sein du Genoscope et du CEA

Le Laboratoire de Bioinformatique pour la Génomique et la Biodiversité (**LBGB**) dirigé par Jean-Marc Aury, fait partie du Genoscope qui est une composante de l'institut de biologie François Jacob (**IBFJ**) de la direction de la recherche fondamentale (**DRF**) du Commissariat à l'Énergie Atomique et aux Énergies Alternatives (**CEA**), qui a été fondé le 18 octobre 1945 par Charles de Gaulle. L'intégration du genoscope au CEA a été réalisée en 2007, et en 2017 il devient une composante de l'IBFJ.

## 1.2 Contexte et missions du LBGB

Les missions qui sont confiées au LBGB sont de réaliser le contrôle qualité des données de séquences issues des différents séquenceurs, d'effectuer l'assemblage<sup>1</sup> des séquences et l'annotation<sup>2</sup> des génomes, dans l'objectif de mettre à disposition des laboratoires collaborateurs les données avec un premiers niveau de valorisation. Le laboratoire est divisé en plusieurs groupes de travail. Le groupe « production » (dont je fais partie), le groupe « assemblage », le groupe « annotation » et le groupe « évaluation des technologies de séquençage ».

Les missions du groupe de « production » sont de tester des logiciels tiers, de développer et maintenir des scripts utilisant ces logiciels pour gérer efficacement la prise en charge des données en sortie de séquenceur. Cette prise en charge peut répondre à une demande de la production et des laboratoires du Genoscope et du CNRGH, mais aussi pour des laboratoires extérieurs. L'objectif principal est la mise en place et le maintien de pipelines automatisant l'ensemble. Le groupe s'appuie sur un travail de veille et d'évaluation

technologique pour chacune de ses missions.

### 1.3 Présentation du workflow NGS

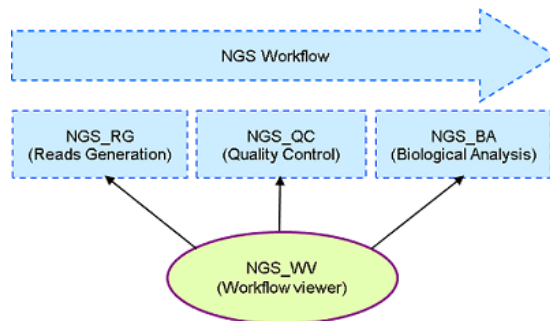


FIGURE 2 – Workflow de génération, de contrôle qualité et d'analyse biologique des fastq

Ces trois pipelines sont automatisés dans le workflow et permettent de réaliser la distribution des données de séquençage, par projet, échantillons, runs<sup>8</sup> et technologies de séquençage. Ils réalisent aussi le nettoyage, l'analyse de ces fichiers et mettent à jour la base de données de référence NGL. Les trois pipelines du workflow NGS sont monitorés par NGS *Workflow Viewer* (NGS-WV), qui est une application web permettant de surveiller l'avancement des pipelines pour les runs pris en charge par le NGS-workflow.

### 1.4 La technologie MGI

Le genoscope et le CNRGH ont récemment fait l'acquisition de séquenceurs MGI (2 DNBSEQ-G400 et 1 DNBSEQ-T7).

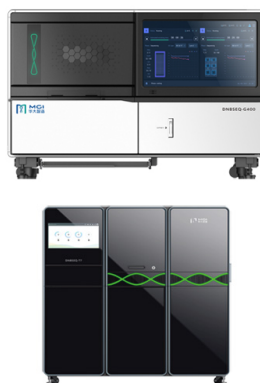


FIGURE 3 – Sequenceurs DNBSEQ-G400 (en haut) et DNBSEQ-T7 (en bas) de MGI  
<https://en.mgi-tech.com/products/>

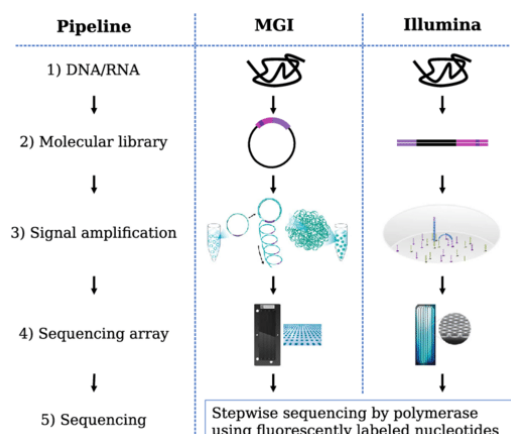


FIGURE 4 – Différences entre Illumina et MGI de technologie NGS

Il s'agit de séquenceurs à haut débit et très haut débit, dont les principales différences entre MGI et Illumina sont dans la création des librairies<sup>9</sup> et la méthode d'amplification d'ADN. Les librairies sont double brins circulaire pour MGI, alors que pour Illumina elle est double brins linéaire. L'amplification ADN est réalisée en solution et forme des DNB (*DNA-nanoballs*<sup>10</sup>), puis déposée sur la Flowcell<sup>11</sup> pour MGI, alors que pour Illumina elle est réalisée après immobilisation sur les Flowcell.

Sequencers specifications				
	DNBSEQ-G400	DNBSEQ-T7	HiSeq 4000	NovaSeq 6000
Max Number of Flow Cells	2	4	2	2
Max Lane/Flow Cell	4	1	4	4
Run Time	~ 14-37 h	~ 20-30 h	~ 24-84 h	~ 13-44 h
<b>Data ouput/Run</b>	0.27-1.4 Tb	1-6 Tb	0.9-1.8 Tb	1-6 Tb
Max Reads/Run	1.8 billions	5 billions	10 billions	20 billions
Max Read Length	2 × 200 bp	2 × 150 bp	2 × 150 bp	2 × 250 bp

TABLE 1 – Spécification des séquenceurs

## 2 Objectifs

L'objectif principale de ma mission est la mise en place d'un workflow NGS pour les séquenceurs de MGI. Plus précisément il s'agira de créer un pipeline de génération de fichier de séquences (`ngs_rg_mgi`<sup>12</sup>) et un pour le contrôle qualité de ces fichiers (`ngs_qc_mgi`<sup>13</sup>). Le workflow devra créer et mettre à jour l'état des runs, des *lanes*<sup>14</sup> et de *readset*<sup>15</sup> dans `ngl`, réaliser le contrôle qualité des fichiers de séquences, au format fastq, obtenu après démultiplexage<sup>16</sup> des runs. Il devra mettre à jour l'avancement du traitement d'un run dans NGL, en y insérant les statistiques obtenues lors du démultiplexage, les résultats des contrôles qualités, etc. Puisque l'objectif est d'obtenir un premier niveau de valorisation des fichier de séquences, permettant aux autres groupes (« assemblage », « anotation ») de prendre en charge ces fichiers avant de les mettront à disposition des laboratoires collaborateurs.

Je dois également, rechercher et réaliser des évaluations de nouveaux outils pour les différents pipelines des différentes technologies de séquençage. En vue d'un potentiel ajout ou de remplacement d'outils. Il sera donc nécessaire de maintenir les pipelines des différentes technologies de séquençage en conséquence.

## 3 Matériels et Méthodes

### 3.1 Le cluster de calcul et Slurm

Le Genoscope possède (dire le nombre de noeuds et leurs spécificité.) expliquer small, normal, Xlarge et xxlarge. Il y a 12 noeuds de calculs pour la *production* sur le nouveau cluster *inti*, ces derniers disposent de 16 cœurs et de 257 Go de RAM(mémoire vive). L'accès à l'utilisation des clusters est réalisé par le logiciel Slurm.

### 3.2 La base de données de référence NGL et la gestion des projets

Le Genoscope dispose de sa propre base de données de référence NGL. Celle-ci est divisée en plusieurs parties. NGL\_BI<sup>17</sup>, est la partie de la base de données utilisée par les équipes de bioinformatique. NGL\_SEQ<sup>18</sup>, est la partie de la base de données utilisée dès la réception des échantillons et jusqu'au séquençage de ces derniers. Il y a également les parties NGL\_sub<sup>19</sup>, NGL\_reagent<sup>20</sup> et NGL\_projects<sup>21</sup>. La gestion et le suivi du développement informatique sont réalisés par le système de tickets Jira.

### 3.3 Le langage de programmation Perl

L'écriture du workflow des pipelines pour les séquenceurs MGI est réalisée dans le langage de programmation Perl. L'utilisation de ce langage est rendu nécessaire pour des raisons historique du laboratoire, puisque de nombreuses librairies et modules qui ont été utilisé dans l'écriture des pipelines sont écrits en Perl.

C'est pour toutes ces raisons qu'il m'a été nécessaire d'apprendre à coder en Perl. j'ai donc commencé par réaliser un programme permettant de faire des analyses statistiques élémentaires sur des fichiers fastq, tel que le taux de GC, la moyenne du score de la qualité, ainsi que plusieurs autres métriques. Le programme est capable de gérer les fichiers fastq issue de séquençage *single end*<sup>22</sup> et *paired end*<sup>23</sup>. Cela m'a permis de prendre en main les librairies Perl utilisées pour les différents pipelines déjà en place. Ainsi que de m'habituer à l'environnement de travail, l'utilisation du lancement de job sur les noeuds de calculs et l'utilisation des modules<sup>24</sup> pour les différents pipelines.

### 3.4 Logiciels de *Base Calling* (bcl2fastq - bcl-convert)

Ces deux logiciels de *Base Calling* (bcl2fastq et bcl-convert), sont tout deux développés et commercialisés par Illumina. Cette évaluation entre ces deux logiciels est nécessaire pour déterminer les changements qu'il y aura à faire dans les pipelines de génération de fichiers de séquences pour les technologies Illumina. En vue du remplacement de bcl2fastq (qui sera bientôt obsolète) par bcl-convert.

Dans un premier temps, il est nécessaire de déterminer les conditions optimales de bcl2fastq (temps total, temps CPU, pourcentage d'utilisation CPU en fonction des ressources disponibles sur les noeuds du cluster (*inti*) réservé à la *production*, avec l'objectif de pouvoir appliquer les mêmes conditions à bcl-convert. Les conditions optimales sont déterminées en fonction des paramètres suivants de bcl2fatq (l'équivalent de bcl-convert est indiqué entre crochets) :

- **r** [bcl-num-decompression-threads] : nombre de *threads*<sup>25</sup> accordé pour la décompression et la lecture des *Bases Calls*<sup>26</sup>
- **p** [bcl-num-conversion-threads] : conversion des *Bases Calls* en fastq
- **w** [bcl-num-compression-threads] : écriture et compression des fichiers fastq

Tous ces tests sont réalisés sur le même noeud de calcul, dans l'objectif de minimiser les biais. La comparaison est effectuée sur le temps total de génération des fastq et le démultiplexage, ainsi que le temps CPU et le pourcentage d'utilisation des CPU.

### 3.5 Les pipelines de génération de fichiers de séquences pour les technologies Illumina et Nanopore

Les pipelines de générations de fichiers de séquences pour les technologies Illumina et Nanopore réalisent dans un premier temps le *Base Calling* permettant la création des fichiers de séquences correspondant aux échantillons et des fichiers de statistiques de ces derniers. Ils créent les runs, les pistes, et les readset dans NGL\_BI en y insérant les métriques, graphiques et fichier permettant leurs évaluations.

Concernant le pipeline de génération de fichiers de séquences par la technologie MGI, il s'agira de développer un pipeline similaire à celui d'Illumina en prenant en compte que le *Base Calling* est directement réalisé par les séquenceurs. Les métriques, graphiques et fichiers de statistiques sont également différents d'Illumina. Il sera donc nécessaire de trouver comment obtenir les métriques, graphiques et fichiers, ou de les calculer, générer à partir des données générées lors du *Base Calling* par le séquenceur permettant de les insérer dans NGL\_BI

### 3.6 Les pipelines de contrôle qualité des fichiers de séquences pour les technologies Illumina et Nanopore

Les pipelines de contrôle qualité des fichiers de séquences réalisent différentes étapes de contrôle qualité et de nettoyage des fichiers de séquences. Il réalise le contrôle qualité et l'estimation de duplicat des fichiers avant et après nettoyage (*trimming*), il retire le



*PhiX*<sup>27</sup> (pour les technologies Illumina), réalise l'assignation taxonomique des séquences, réalise un alignement des séquences si un génome de référence existe, réalise le calcul du pourcentage de séquences qui ont leurs reads *forward* (brin sens) et *reverse* (brin anti-sens) qui se chevauche et réalise la distribution des fichiers de séquences nettoyés dans leurs répertoires de projet, d'échantillon, de type de technologie et de run.

Concernant le pipeline de contrôle qualité des fichiers de séquences pour la technologie MGI il s'agira de développer un pipeline similaire à celui d'Illumina en prenant en compte qu'avec cette technologie il n'y a pas de *PhiX* à enlever dans les fichiers de séquences.

## 4 Résultats

### 4.1 Résultats des évaluations de bcl2fastq et bcl-convert

#### 4.1.1 Détermination des meilleurs paramètres pour bcl2fastq

Après avoir effectué différentes combinaisons des paramètres, il a été mis en évidence que la variation du paramètre *r* et *w* en fixant le paramètre *p*, n'apportait pas de différences significatives pour le temps total d'exécution, le temps cpu ou le pourcentage d'utilisation cpu, comme on peut l'observer sur la figure 5, pour *p* fixé à 12. Des résultats similaires ont été obtenus pour *p* égale à 4, 8 et 16.

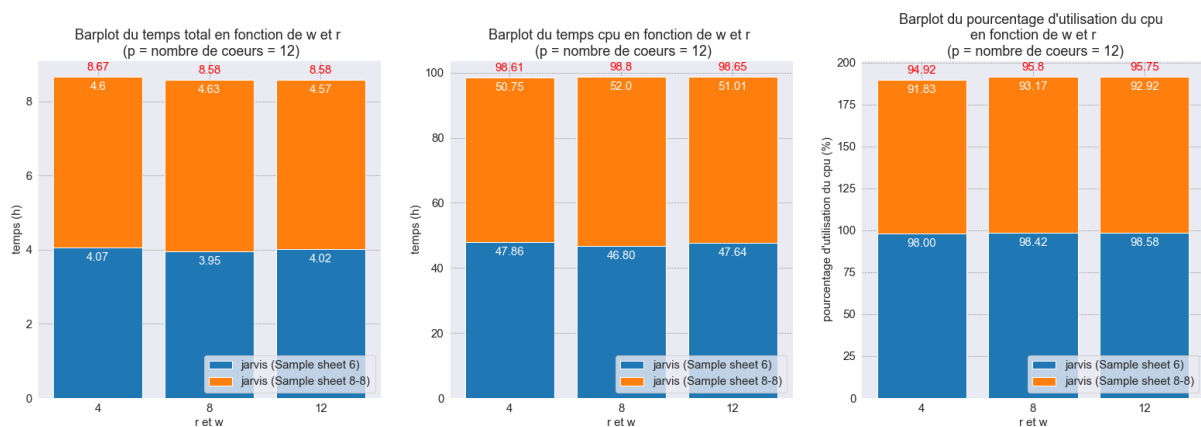


FIGURE 5 – Digrammes en bâtons du temps total d'exécution (à gauche), temps cpu (au milieu) et du pourcentage d'utilisation des cpu (à droite) en fonction des paramètres *r* et *w*

Il y a deux *sample sheet*<sup>28</sup>, car le nombre de bases considérés des *reads index* entre les *lanes* est différent, obligeant à réaliser deux appels différents au logiciel pour générer les fastq et le démultiplexage. Ci dessous, la figure 6, représente les résultats obtenus en faisant varier *p* et en fixant les paramètres *r* et *w* à 4 (ces deux paramètres sont fixés à 4 pour pouvoir comparer les 4 résultats). On observe que plus on augmente le nombre de cours et le nombre de *threads* pour *p*, plus l'exécution est rapide. On observe que le temps

cpu augmente bien avec le nombre de cœurs et que le pourcentage d'utilisation des cpu est optimal ( $> 90\%$ ).

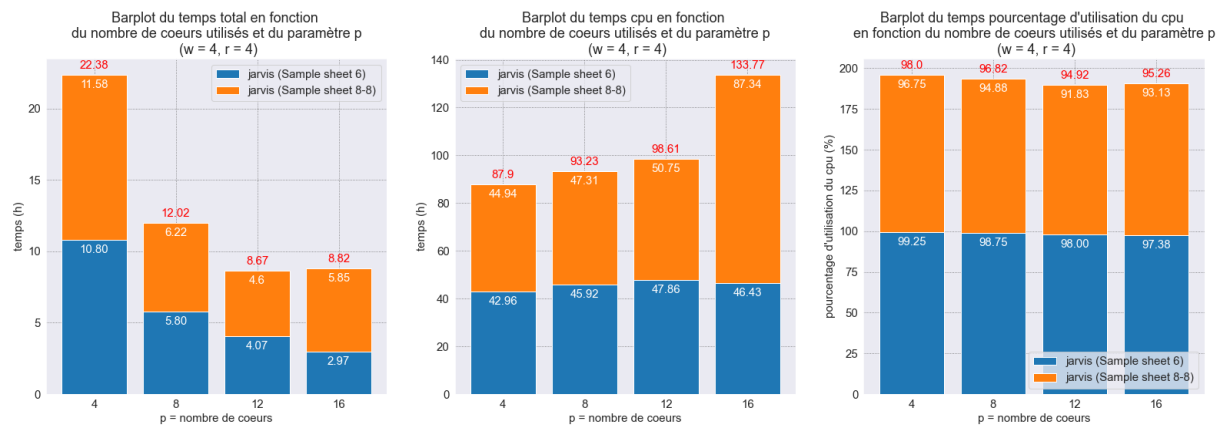


FIGURE 6 – Digrammes en bâtons du temps total d'exécution (à gauche), temps cpu (au milieu) et du pourcentage d'utilisation des cpu (à droite) en fonction du paramètre p

Au vue des résultats obtenus nous avons décidé que les meilleurs paramètres étaient de fixer p à 12, puisque le gain apporté en augmentant à 16 est faible. Néanmoins nous le conserverons pour réaliser la comparaison avec bcl-convert, tout comme p fixé à 8, car il nous permettrait de réaliser deux générations de fastq et de démultiplexage en simultanément sur un seul noeud de calcul.

#### 4.1.2 Comparaison entre bcl2fastq et bcl-convert

J'ai donc fait varier les paramètres p, r et w de manière à ce que chacun des paramètres soient égale au nombre de cœurs accordés aux deux logiciels. On observe bien, sur la figure 7, que plus on augmente le nombre de cœurs pour chacun des logiciels (et donc le nombre de *threads* pour p, r et w) plus la génération des fastq et le démultiplexage est rapide. De plus on remarque que bcl-convert permet de réduire le temps d'environ 1/3 par rapport à bcl2fastq.

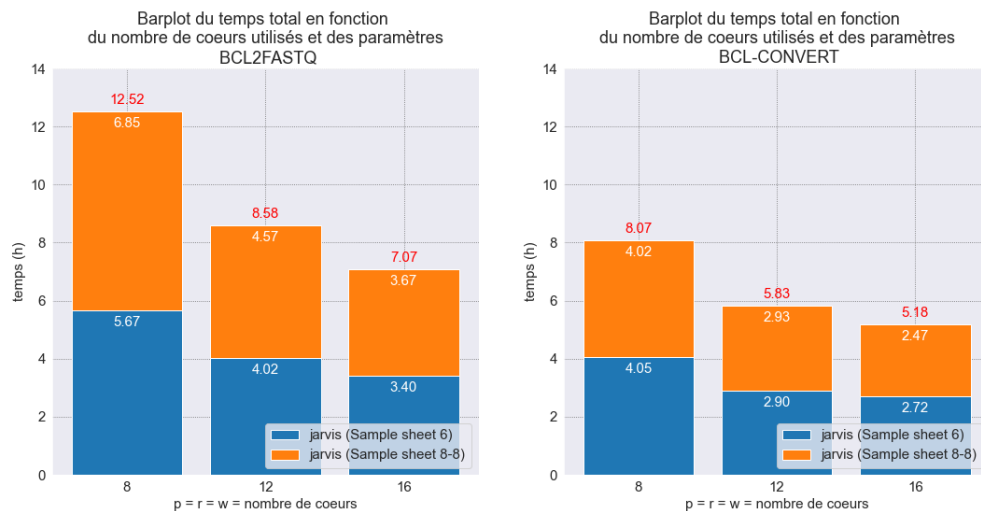


FIGURE 7 – Temps total de génération des fastq pour bcl2fastq et bcl-convert

J'ai également échangé avec le service technique d'Illumina à propos des fichiers de sortie et de l'arborescence de bcl-convert. En effet il s'avère que l'arborescence et les fichiers de sortie sont très différents entre les deux logiciels. Ces échanges avaient pour objectif de savoir s'il on pouvait obtenir une arborescence similaire à bcl2fastq, pour minimiser l'impact du changement de logiciel sur les pipelines. Le changement de bcl2fastq, qui sera bientôt obsolète, par bcl-convert va nous obliger à réaliser de gros changements dans tous les pipelines qui utilisent ces fichiers de sortie et va demander aussi au laboratoire de séquençage de s'adapter à la nouvelle *sample sheet* de bcl-convert.

#### 4.1.3 Migration de bcl2fastq vers bcl-convert

Le logiciel bcl-convert étant plus rapide d'environ 1/3 par rapport à bcl2fastq et que ce dernier sera bientôt obsolète. Sachant également, que le nombre de coeurs disponible par noeuds pour la partition *production* du cluster de calcul est de 16 coeurs. Nous avons décidé d'attribuer l'intégralité des coeurs d'un noeud de « *production* », c'est à dire 16 coeurs. L'intégralité des changements entre les deux logiciels a été consignés dans un cahier des charges. Il contient, la commande à lancer pour réaliser le *Base Calling*, modules à charger dans l'environnement, le chemin relatif des fichiers de sorties, ainsi qu'un exemple d'arborescence des fichiers de sorties. Ce qui permettra au développeur qui se chargera de cette migration de suivre ce cahier des charges et ainsi faciliter la migration. Dû à la pression actuelle autour de la technologie MGI, c'est un autre développeur qui sera en charge de réaliser cette migration.

## 4.2 Le pipeline NGS\_RG\_MGI

description des étapes les plus importantes et de l'intérêt de les insérer dans NGL.

### 4.3 Le pipeline NGS\_QC\_MGI

description des étapes les plus importantes et de l'intérêt de les insérer dans NGL.

## 5 Discussions

### 5.1 Le pipeline NGS\_RG\_MGI

????????????????

### 5.2 Le pipeline NGS\_QC\_MGI

????????????????

## 6 Perspectives

### 6.1 Workflow MGI

Concernant le workflow de MGI, il nous faut dans un premier temps déterminer les outils et méthodes nécessaires (utilisation de ceux du workflow d'Illumina ou de nouveaux). Une fois ceci déterminé il restera à écrire les deux pipelines, celui de génération de reads (ngs\_rg\_mgi) et celui de contrôle qualité (ngs\_rg\_mgi). L'objectif sur le long terme est d'arriver à un workflow totalement automatisé, comme celui d'Illumina.

#### 6.1.1 Le pipeline NGS\_RG\_MGI

ajout démidage, maintient pipeline.????????

#### 6.1.2 Le pipeline NGS\_QC\_MGI

maintient pipeline.????????

### 6.2 Évaluation d'outils

Il y aura aussi l'évaluation d'autres outils utiles pour les pipelines, comme des outils de *trimming*, *filtering*, d'assignation taxonomique, etc.

## Notes

- <sup>1</sup>Reconstruction d'un génome à partir de fragments de ce dernier
- <sup>2</sup>Documenter le plus exhaustivement possible les informations de l'assemblage permettant de prédire la fonction d'une molécule
- <sup>3</sup>*Next Generation Sequencing - reads generation*
- <sup>4</sup>Lecture d'une séquence par un séquenceur d'un fragments d'ADN
- <sup>5</sup>*Next Generation Sequencing - quality control*
- <sup>6</sup>*Next Generation Sequencing - biological analysis*
- <sup>7</sup>Un lot de séquences est une instance de séquences (ou reads) d'un échantillon
- <sup>8</sup>Séquençage d'un ou plusieurs échantillons sur un séquenceur
- <sup>9</sup>Collection de fragment d'ADN issue du génome complet d'un organisme ou plusieurs organismes (méta-génomique) et clonés dans un vecteur (le plus souvent dans des plasmides)
- <sup>10</sup>Nanobilles d'ADN générées par la réplication de l'ADN circulaire
- <sup>11</sup>Lame d'absorption des fragments d'ADN et cuve réacteur du séquençage
- <sup>12</sup>*Next Generation Sequencing - reads generation - mgi*
- <sup>13</sup>*Next Generation Sequencing - quality control - mgi*
- <sup>14</sup>pistes présentes sur la *flowcell*
- <sup>15</sup>Lot de séquences
- <sup>16</sup>Séparation des différents *reads* d'une *lane* en fonction de l'index d'échantillon
- <sup>17</sup>NGL Bioinformatic
- <sup>18</sup>NGL Sequencing
- <sup>19</sup>NGL submission (base de données des soumissions de projet (exemple la soumission d'un projet au NCBI))
- <sup>20</sup>NGL reagent (base de données des réactifs)
- <sup>21</sup>NGL projects (base de données des projets en cours et passé)
- <sup>22</sup>Lecture dans un seul sens des reads par le séquenceur
- <sup>23</sup>Lecture dans les deux sens des reads par le séquenceur
- <sup>24</sup>Un module contient un ou plusieurs logiciels tiers ou développé par les équipes du genoscope. Il est nécessaire de les charger dans notre environnement de travail pour pouvoir utiliser ces logiciels.
- <sup>25</sup>Processus : instructions du langage machine d'un processeur.
- <sup>26</sup>Fichier d'attribution des bases nucléiques en fonction des pics du chromatogramme lors du séquençage
- <sup>27</sup>Parties du génome du phage *Lambda* qui sont ajoutés sur les pistes des flowcell avant le séquençage, permettant de contrôler le bon déroulé du séquençage.
- <sup>28</sup>Fichier contenant les informations et instructions pour la génération des fastq et le démultiplexage