Compléter les parties en jaune

* + - 1. **Projet**

- Titre projet : xx

- Taxon étudié : xx

- Risques chimiques, biologiques ou autres, précisez ? xxx

- Cadre du projet (thèse, projet financé, projet récurrent d'équipe, premier pas…) : xxx

1. **Utilisateur du plateau**

- NOM Prénom : xx

- E-mail **institutionnel**: xxx@

- Tél. : xx

- Statut : xxx

- Stage, thèse, cdd (préciser) : xxx Date de fin de contrat : xx

- UMR : xxx Equipe : xxx

1. **Porteur scientifique du projet (responsable des crédits)**

- NOM Prénom: xxx

- E-mail i**nstitutionnel**: xxx@

- Statut : xxx

- Tél. : xxx

- Laboratoire et Equipe: xxx

- Adresse : xxx

1. **Crédits utilisés pour régler les factures des prestations**

Origine des crédits (privés UM, CNRS, …) : xxx

1. **Remerciements GenSeq**

*“Data presented in this publication were partly produced through the GenSeq technical facilities of MEEB (CNRS and University of Montpellier) hosted by ISEM (CNRS, University of Montpellier and IRD).”*

**Merci de nous envoyer les publications correspondantes !**

**Technologie envisagée** : Construction d’une librairie par haplotagging selon le protocole GenSeq.

**Cibles du séquençage** : Génome complet / Capture ciblée.

**Taille du génome étudié :** 10 Mb

**Remarques éventuelles** : xx

**Nombre d’échantillons séquencés (au moins 96) :** 96 échantillons

**Séquençage :** La librairie sera séquencée à la plateforme MGX sur NovaSeq 6000 sur 1 lignes S4 en 2x105nt.

**Prérequis ADN** :

- Au moins 3ng d’ADN par individu

- Concentration supérieures ou égale à 0.2ng/µl.

- taille des fragments idéalement supérieur à 20kb.

**A faire par l’utilisateur de la plateforme** :

1. Les extractions d’ADN seront effectuées **par le demandeur**.

2. Il est recommandé à ce que l’utilisateur fasse un minimum de vérification des ADN pour s’assurer que leur qualité est compatible avec le protocole haplotagging.

Il faudra transmettre toutes les vérifications à GenSeq. Selon le détail des informations que vous avez GenSeq approfondira les vérifications.

**Qu’avez-vous déjà fait ?**

Dosage ADN fait ? 🞎 Qubit 🞎 Nanodrop

Gamme concentration obtenue ? \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Taille des ADN vérifiée : 🞎 oui 🞎 non Quelle méthode ? :\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Est-ce que du tris de taille a été fait ? 🞎 oui 🞎 non Quelle méthode ? :\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Gamme de taille observée : \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

**Déroulement des opérations à la plateforme :**

1. Si besoins dosage des ADNs

2. Vérification sur Femto de 11 échantillons par plaque

3. Normalisation sur robot des plaques ADN à 0.15g/µl

4. Les banques individuelles de fragments génomiques seront fabriquées par GenSeq sur la base du protocole haplotagging.

5. Le pool final sera passé sur Fragment Analyzer par GenSeq pour contrôler la taille des fragments obtenus et la bonne élimination des amorces de PCR.

6. En cas d’élimination insuffisante des dimères d’amorces, une nouvelle purification sera réalisée suivie d’un nouveau passage sur Fragment Analyzer.

7. Un pool de 20µl à une molarité comprise entre 4nM et 10nM avec des fragments d’une taille moyenne de 500pb sera fournie à MGX par les soins de GenSeq

8. Le dosage final du pool et le séquençage sera fait à MGX

 Les résultats obtenus sur notre séquenceur haut-débit ainsi que les échantillons et les banques fabriquées sont stockés sur notre système de sauvegarde pendant **3 mois.** Nous ne conservons jamais les résultats obtenus sur la plateforme MGX.

*Les données recueillies sur ce formulaire seront utilisées dans le cadre du traitement de votre projet scientifique : pour contact en cas de problème avec les échantillons, restitution des résultats et facturation des prestations réalisées. Elles permettent également votre inscription sur notre site de réservation et notre liste de diffusion. Elles seront conservées pendant la durée du projet. Vous pouvez également vous désinscrire sur simple demande.*