


|   |   |                             |
|---|---|-----------------------------|
|  | <b>Prérequis pour l'envoi de pool pour séquençage Illumina (ready-to-load)</b><br>(English version on page 2) | <b>Instruction</b>          |
|   |   | <b>Version : 28.04.2026</b> |
|   |   | <b>Pages : 1/2</b>          |

**Ne jamais envoyer le pool stock, uniquement un aliquot.**

### Préparation du pool

- ⇒ Après avoir préparé votre pool, vérifier **sa taille ainsi que sa concentration**, en qPCR idéalement, sinon en fluorescence.
- ⇒ Déposer un aliquot d'au minimum **30 µL** du pool à **5nM** dans un tube Eppendorf LoBind de 1.5mL, fermer et sceller le tube avec du Parafilm.
- ⇒ Identifier le tube avec une étiquette mentionnant l'acronyme du projet et un numéro unique s'il y a plusieurs tubes.

### Informations échantillons contenu dans le pool

- ⇒ Utiliser seulement des identifiants uniques pour vos échantillons, contrôles et répétitions, et utiliser uniquement des lettres, chiffres et le tiret du 6, sans espace, ni point. Les identifiants ne doivent pas comporter plus de 50 caractères.
- ⇒ Préparer un fichier récapitulatif comportant, pour chaque échantillon, les informations suivantes :

- Les identifiants uniques et les index associés (1 index = 1 échantillon)
- Le nombre de cycles par lecture :
  - *Read1Cycles* : 50
  - *Index1Cycles* : 8
  - *Index2Cycles* : 8
  - *Read1Cycles* : 50
- La concentration de chargement de la librairie (ex : **750 pM**)
- Le pourcentage de PhiX souhaité (ex : **5 %**)

| ID    | Index i7   | Index i5   |
|-------|------------|------------|
| E32   | GACCAAGTTA | GATTCACGAC |
| P-46  | CTCCGCTTAT | CGTAGAACAG |
| L12   | ATTAAGGTCG | ACCTAAGAGC |
| XX    | GTGGCAACAT | ATGGCTTCTA |
| P-89  | TGACCTGCTG | TACCTAAGTG |
| 9B    | CGCAGCTAGA | CCTTACCTAT |
| 67    | ACGCTAATCT | ATATAAGGCG |
| Alpha | GTTGTACCT  | AGCATCGTGC |

**Important :** au sein d'un même run de séquençage, tous les index doivent être de taille identique et de format identique (dual ou single).

**Remarque :** Si vous ne précisez pas de concentration de chargement, nous chargerons la cassette selon les recommandations Illumina avec une concentration de librairie à 750pM et une concentration de PhiX à 5%.



- ⇒ Envoyer ce fichier avec les correspondances échantillons <-> index à [pgtb-lab@inrae.fr](mailto:pgtb-lab@inrae.fr) par mail, ainsi que la **concentration** et la **taille moyenne du pool**, et les **références des kits de librairies et d'index** utilisés pour la préparation des librairies.

### Dépôt ou envoi des échantillons

- ⇒ Compléter le [formulaire d'envoi des échantillons](#) pour déposer les échantillons à la PGTB ou pour les expédier par transporteur. La réception des colis est assurée de 9h à 17h30 du lundi au vendredi à l'adresse suivante :

**Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux**  
**Site INRAE - Bâtiment ARTIGA**  
**69 route d'Arcachon**  
**33610 CESTAS – France**

- ⇒ Pour un envoi par transporteur, placer des pains de glace au fond et sur les côtés d'un colis. Placer la boîte contenant les tubes. Comblé tous les espaces vides avec du papier bulle ou du carton afin que la boîte soit bien calée dans le colis.
- ⇒ La PGTB vous informera par mail de la bonne réception de vos échantillons. **Tout échantillon ne respectant pas les conditions données par mail ou dans ces prérequis ne pourra être traité dans les délais annoncés. Un surcoût pourra être appliqué ou un nouvel envoi d'échantillon pourra être demandé.**

|   |             |                     |   |
|---|-------------|---------------------|---|
|  | Rédaction   | Zoé Delporte - AI   |  |
|   | Approbation | Erwan Guichoux - IR |   |

|   |   |                             |
|---|---|-----------------------------|
|  | <b>Requirements for sending samples for<br/>Illumina Sequencing (ready-to-load)</b><br>(French version on page 1) | <b>Instruction</b>          |
|   |   | <b>Version : 28.04.2026</b> |
|   |   | <b>Pages : 2/2</b>          |

**Never send the entire DNA stock to the PGTB, only aliquots.**

### Pool preparation

- ⇒ After preparing your pool, check **its concentration, ideally** by qPCR, otherwise by fluorescence, as well as **its size**.
- ⇒ Place an aliquot of (at least) **30 µL** of the **5nM** pool in a 1.5mL or 2mL Eppendorf LoBind tube, close and seal the tube with Parafilm.
- ⇒ Identify the tube with a label indicating the project acronym and a unique number if there are several tubes.

### Sample information in the pool

- ⇒ Use only **unique** identifiers for your samples, controls and replicates, and use only letters, numbers and hyphens, with no spaces or dots. Identifiers must not exceed 50 characters.

- ⇒ Prepare a summary file containing the following information for each sample:

- Unique identifiers and associated indices (1 index = 1 sample)
- Number of cycles per read:
  - *Read1Cycles* : 50
  - *Index1Cycles* : 8
  - *Index2Cycles* : 8
  - *Read1Cycles* : 50
- Loading concentration : 750pM
- PhiX percentage : 5%

| ID    | Index i7   | Index i5   |
|-------|------------|------------|
| E32   | GACCAAGTTA | GATTCACGAC |
| P-46  | CTCCGCTTAT | CGTAGAACAG |
| L12   | ATTAAGTTCG | ACCTAAGAGC |
| XX    | GTGGCAACAT | ATGGCTTCTA |
| P-89  | TGACCTGCTG | TACCTAAGTG |
| 9B    | CGCAGCTAGA | CCTTACCTAT |
| 67    | ACGCTAATCT | ATATAAGGCG |
| Alpha | GTTGTTACCT | AGCATCGTGC |

**Please note:** In a **single** sequencing run, indexes must ALL be of the same size and format (dual/single).

**Note:** If you do not specify a loading concentration, we will load the cassette according to Illumina recommendations with a library concentration of 750pM and a PhiX concentration of 5%.



- ⇒ Send this file with sample <-> index matches to [pgtb-lab@inrae.fr](mailto:pgtb-lab@inrae.fr) by e-mail, specifying the **concentration** and **average pool size**, as well as the **references of the library and index kits** used to prepare the libraries.

### Depositing or sending samples

- ⇒ Complete [the sample submission form](#) to deposit samples at the PGTB or to send them by courier. Parcels are received from 9:00 a.m. to 5:30 p.m., Monday to Friday, at the following address:

**Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux**  
**Site INRAE - Bâtiment ARTIGA**  
**69 route d’Arcachon**  
**33610 CESTAS – France**

- ⇒ For shipping by courier, place ice packs at the bottom and sides of the package. Place the box containing the tubes. Fill any empty spaces with bubble wrap or cardboard so that the plates are securely held in place in the package.
- ⇒ PGTB will notify you by email when your samples have been received. **Any samples that do not meet the conditions specified in the email or in these requirements cannot be processed within the stated time frame. An additional charge may be applied or a new sample shipment may be requested.**

|   |             |                     |   |
|---|-------------|---------------------|---|
|  | Rédaction   | Zoé Delporte - AI   |  |
|   | Approbation | Erwan Guichoux - IR |   |