

Les questions et les réponses suivantes concernent la DOC n° 01R11-22-S009 pour des services de séquençage à haut débit à Lacombe (Alberta)

Question 11

Le nombre d'opérations de séquençage pour le séquençage du gène codant l'ARNr 16S ne fournira pas la couverture demandée de 50 000 lectures par échantillon (1 opération MiSeq PE 250 pb ou PE 300 pb). Pouvons-nous remplacer le nombre indiqué par le nombre qui procurerait la couverture demandée?

Réponse : Oui

Question 12

Pour ce qui est du séquençage métagénomique en aveugle, on mentionne une cuve à circulation NovaSeq6000 SP 2 x 150 pb, soit un séquençage d'extrémités appariées de 150 pb; pour les autres options de séquençage, on mentionne 1 x 150 pb, soit le séquençage de 150 pb d'une seule extrémité. Cependant, aucun ensemble permettant le séquençage de 150 pb d'une seule extrémité n'est disponible. Voulez-vous écrire « séquençage d'extrémités appariées de 150 pb » pour toutes les options de séquençage?

Réponse : Si le séquençage de 150 pb d'une seule extrémité n'est pas disponible, le séquençage d'extrémités appariées de 150 pb peut être employé.

Question 13

Pour le séquençage du génome entier des bactéries (lectures courtes), pouvons-nous offrir l'option de séquençage qui convient le mieux à la taille des bibliothèques aléatoires (PE 300 pb n'est pas idéal, PE 250 pb convient mieux)?

Réponse : Oui