

Stockage des données NGS

Les tableaux ci-dessous présentent, à titre indicatif, une estimation de l'espace de stockage que les équipes de recherche doivent prévoir pour la récupération de leurs données NGS. Ces estimations ne constituent en aucun cas un engagement sur le volume final de données produites. Les volumes réels peuvent varier à la hausse comme à la baisse, en fonction de nombreux facteurs.

Les volumes de données sont exprimés en gigaoctets (Go).

Données produites sur séquenceur Element Biosciences

Pour **une lane** sur AVITI :

Type de flowcell	Nombre de cycles	Données demultiplexées (FASTQ)
High output	2x75 pb	~30 – 60 Go
	2x150 pb	~50 – 170 Go
	2x300 pb	~30 – 60 Go
Medium output	2x75 pb	~20 – 30 Go
	2x150 pb	~40 – 60 Go
	2x300 pb	~10 – 30 Go

Données produites sur séquenceur Oxford Nanopore Technologies

Pour **une Flowcell** sur GridION ou PromethION :

Séquenceur	Données demultiplexées (FASTQ)	Données brutes (POD5)
GridION	~5 – 30 Go	~10 – 200 Go
PromethION	~50 – 150 Go	~1 000 – 2 000 Go

Données produites sur séquenceur Pacific Biosciences

Pour **une SMRTCell** sur VEGA :

Note : Le volume final est influencé par le nombre d'échantillon et la configuration du run.

Application	HiFi / échantillon (uBAM)**	Kinétique (x5) (uBAM)
Amplicon	~3 – 4 Go	~ 15 – 20 Go
Génome entier	~10 Go – 120Go	~ 175 – 600 Go
Métagénomique	~10 Go – 120Go	~ 50 – 600 Go
Séquençage ARN	~35 Go – 120Go	~ 175 – 600 Go

* Si vous avez demandé une configuration ajoutant les données *kinetic*, prévoyez x5 le volume indiqué.

** uBAM = unaligned BAM