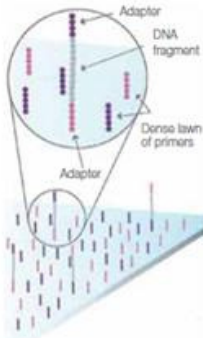
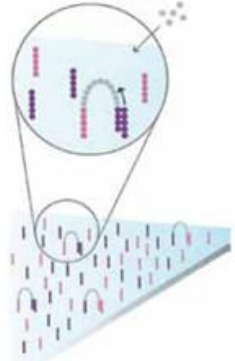
 <p>Figure 1 Randomly fragment genomic DNA and ligate adaptors to both ends of the fragments.</p>	<p>Fig.1 : L'ADN (DNA) est fragmenté en petits morceaux de façon aléatoire. Des adaptateurs (Adaptors) sont liés aux deux extrémités des fragments. Il existe deux sortes d'adaptateurs différents.</p>
 <p>Figure 2 Bind single-stranded fragments randomly to the inside surface of the flow cell channels.</p>	<p>Fig.2: L'ADN double brin est séparé en fragments simples brins et les morceaux (différents) sont fixés sur la surface de la cellule d'analyse, relativement loin les uns des autres.</p>
 <p>Figure 3 Add unlabeled nucleotides and enzyme to initiate solid-phase bridge amplification.</p>	<p>Fig.3: Les adaptateurs libres se lient avec d'autres adaptateurs fixés sur la cellule pour former des ponts. Rajout d'enzyme et de nucléotides pour initier l'amplification des ponts.</p>

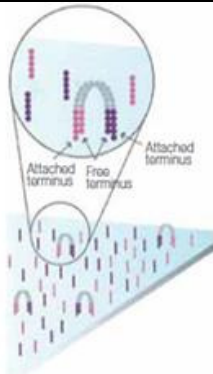


Figure 4

The enzyme incorporates nucleotides to build double-stranded bridges on the solid-phase substrate.

Fig.4 : L'enzyme incorpore les nucléotides pour construire des ponts doubles-brins.

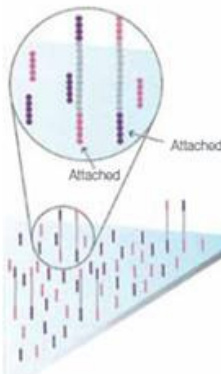


Figure 5

Denaturation leaves single-stranded templates anchored to the substrate.

Fig.5 : Les ponts doubles-brins sont dénaturés : ils sont séparés fragments simples brins, qui restent ancrés sur le substrat.

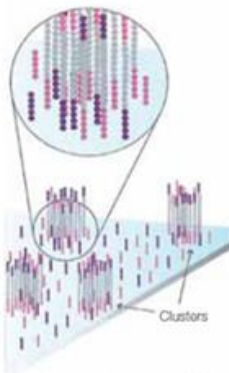
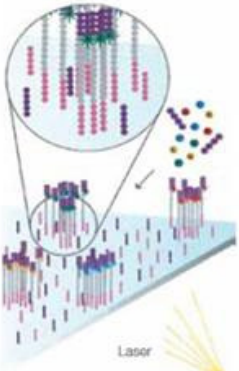

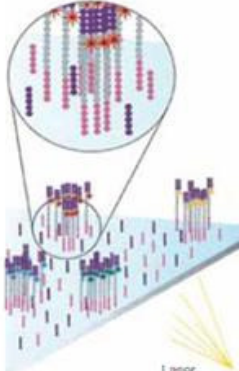

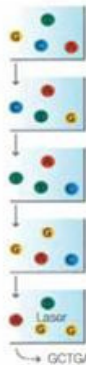
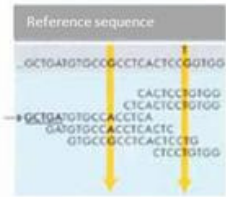


Figure 6

Several million dense clusters of double-stranded DNA are generated in each channel of the flow cell.

Fig.6 : Répétition des étapes 3/4/5. Des millions de petits groupes (clusters) d'ADN sont ainsi créés sur le support. D'un groupe à l'autre les séquences sont différentes, mais elles sont identiques au SEIN d'un seul groupe.

 <p>Figure 7 The first sequencing cycle begins by adding four labeled reversible terminators, primers, and DNA polymerase.</p>	<p>Fig.7 : Seules les séquences avec un certain adaptateur restent sur la cellule. Le premier cycle de séquençage commence par l'ajout de 4 sortes de nucléotides dotés de marqueurs colorés différents (ATGC), des amorces, et l'ADN polymérase, l'enzyme qui permet la synthèse de l'ADN.</p>
 <p>Figure 8 After laser excitation, the emitted fluorescence from each cluster is captured and the first base is identified.</p>	<p>Fig.8: Les nucléotides rentrent en compétition pour s'hybrider à la séquence. Celui qui correspond à la séquence (ex : G=jaune s'hybride à C) produit de la lumière qui est capté par un émetteur (on sait donc quelle est la base appariée).</p> <p>On comprend l'intérêt du cluster : comme les séquences d'un cluster sont quasi identiques, elles émettent toutes la même couleur en même temps, ce qui rend le signal plus fort !</p>
 <p>Figure 9 The next cycle repeats the incorporation of four labeled reversible terminators, primers, and DNA polymerase.</p>	<p>Fig.9: Et ainsi de suite tout le long de la séquence : hybridation-lumière-reconnaissance du nucléotide</p>

<div data-bbox="333 427 536 528" data-label="Image"></div> <div data-bbox="252 651 679 719" data-label="Caption"><p>Figure 10 After laser excitation, the image is captured as before, and the identity of the second base is recorded.</p></div>	<p>Fig.10: Captation de la lumière émise par le nucléotide.</p>
<div data-bbox="411 781 496 1144" data-label="Diagram"></div> <div data-bbox="231 1137 624 1227" data-label="Caption"><p>Figure 11 The sequencing cycles are repeated to determine the sequence of bases in a fragment, one base at a time.</p></div>	<p>Fig.11: Chaque image permet de reconstituer la séquence d'ADN qui s'est formée, par hybridation au brin d'origine.</p>
<div data-bbox="368 1263 595 1458" data-label="Diagram"></div> <div data-bbox="256 1615 707 1686" data-label="Caption"><p>Figure 12 The data are aligned and compared to reference, and sequencing differences are identified.</p></div>	<p>Fig.12: On peut reconstituer nos séquences et les comparer à des séquences déjà connues.</p>