	Elaboration des fichiers d'extraction	Version 2.0
GDB_MOP_07	Extraction	31/05/2024
Rédaction : M. BARBET	Vérification : L.LIETAR	Approbation : L. LIETAR

Ce protocole s'adresse aux personnes habilitées à l'extraction d'ADN.

Préalablement à la réception des prélèvements sur la plateforme de génotypage, ceux-ci ont été enregistrés en base de données, avec toutes les informations les concernant (sexe, race, CAB, type de prélèvement, projet, type client projet, lot, ...).

Mode opératoire

Dans la salle de "Traitement des prélèvements"

- 1) Disposer les prélèvements à traiter, par date d'arrivée :
 - sang : sur un portoir de tubes, 96 maximum par portoir, 1er tube en bas à gauche puis les suivants sur la droite et en remontant,
 - poils/cartilage : dans un bac en carton, 96 maximum par bac, 1er prélèvement sur l'avant puis les suivants derrière, et les numéroter au départ de 1,
 - semence : dans une pochette plastifiée, 1er prélèvement sur l'avant puis les suivants derrière, et les numéroter au départ de 1.

Attention : prévoir 2 places libres en B08/C08 de chaque 4e plaque du premier run de chaque semaine pour les tests QC (Quality Check) répétabilité/reproductibilité.


- 2) Créer un fichier extraction (par type d'extraction et par série maximum de 96 prélèvements) en effectuant une copie du fichier trame [GDB_FORM_15_MATRICE_AAMMJJ-NN](#) se situant sur le dossier partagé partage_labo\Extractions\Fichiers_extraction (serveur : gna2gdlabo.genesdiffusion.com).

Le renommer en remplaçant les termes comme suit :


- MATRICE : BLOOD ou TISSUE ou SEMENCE,
- AAMMJJ : date de création du fichier extraction,
- NN : numéro de fichier extraction à la date du jour.

Par exemple : GDB_FORM_15_FORM_BLOOD_211207-03 pour la 3e série d'extraction de prélèvements de sang du 07/12/2021.

- 3) Déplacer le fichier extraction nouvellement créé dans partage_labo\Extractions\Fichiers_extraction\Listes (serveur : gna2gdlabo.genesdiffusion.com), puis l'ouvrir.
- 4) Modifier la cellule MATRICE_AAMMJJ-NN (D5) en cohérence avec le nom du fichier, annoter le portoir/bac en carton de prélèvements de la même façon, et cocher le format d'extraction adéquate Tube ou Plaque.

	Elaboration des fichiers d'extraction	Version 2.0
GDB_MOP_07	Extraction	31/05/2024
Rédaction : M. BARBET	Vérification : L.LIETAR	Approbation : L. LIETAR

- 5) Se positionner sur la première cellule de la colonne CAB (colonne C) et scanner les prélèvements dans l'ordre établi. Renseigner le type de prélèvement et la date de réception des prélèvements (colonne E et F, sur toute la colonne, même aux emplacements laissés vides). Enregistrer le fichier.
- 6) Dans **Galaxy** (<http://galaxy.gspp2gdlab.genesdiffusion.com/>, compte : production), s'identifier et renseigner le mot de passe.
*identifiant : **production***
- 7) Au niveau de la colonne de droite, cliquer sur “+” afin de créer un nouvel historique. Cliquer sur “**Unnamed history**” et renommer l'historique : **Extractions_semxx_aaaa**, xx correspondant au numéro de la semaine, et aaaa à l'année. Valider la modification en appuyant sur **Entrée**.
Les fichiers d'extraction de la semaine seront vérifiés et enregistrés dans cet historique.
- 8) En haut à gauche, cliquer sur la flèche (download), puis sur “**choose local file**”, et aller rechercher le ou les fichiers extraction créés précédemment dans le dossier partagé partage_labo\Extractions\Fichiers_extraction>Listes (serveur : gna2gdlabo.genesdiffusion.com). Il est également possible de les faire glisser depuis le dossier, dans la fenêtre de chargement.
- 9) Cliquer sur “**Start**”, le ou les fichiers se chargent dans l'historique.
- 10) Dans la colonne de gauche, cliquer sur “**Outils Preparation Extraction**”, puis “**Gestion des infos animal / Labo**”, sélectionner l'Action “**Vérifier un fichier extraction**” et un fichier extraction puis cliquer sur “**Execute**”. Répéter pour chaque fichier.
- 11) Lorsque l'étape de vérification apparaît en rouge, cliquer sur l'œil pour visualiser la ou les erreurs relevées (ex : erreur type de prélèvement enregistré, prélèvement inexistant en base de données, ...). Corriger ces erreurs, si besoin en lien avec le service génétique (problème prélèvement), ou avec le responsable SI, et renouveler les étapes 8) à 10).
Lorsque l'étape de vérification apparaît en vert, celle-ci est valide, toutes les informations ont pu être vérifiées et enregistrées.
- 12) Le ou les fichiers extraction peuvent maintenant être imprimés pour accompagner les prélèvements correspondants lors du processus d'extraction, et complétés pour les parties traçabilité tâche/opérateur et remarques prélèvement/extraction (versions papier et informatique).
Remarque : Pour les semences, spécifier le nom ou l'identifiant de l'animal sur la version papier afin d'assurer la traçabilité.

 GD Biotech <small>AGRI-AGRO SOLUTIONS</small>	Elaboration des fichiers d'extraction	Version 2.0
GDB_MOP_07	Extraction	31/05/2024
Rédaction : M. BARBET	Vérification : L.LIETAR	Approbation : L. LIETAR

Documents associés :

GDB_PR0_5_Contrôle de répétabilité et de reproductibilité : méthode de génotypage haut-débit par puces à ADN
GDB_PRS_05_Extraction d'ADN
GDB_FORM_15_MATRICE_AAMMJJ-NN
GDB_FORM_03_Habilitation extraction ADN