 GD Biotech AGRI-AGRO SOLUTIONS	Validation de méthode	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUVELLE	Approbation : C. AUDEBERT

1. Champ d'application

Activité/méthode concernée : *génotypage d'ADN*

Portée d'accréditation :

- ☐ Fixe
- ☐ FLEX1
- ☐ FLEX2
- ☒ FLEX3

2. Intitulé de méthode

Nom de la méthode : *génotypage sur puces à ADN Infinium XT Illumina*

- ☐ Méthode manuelle
- ☒ Méthode semi-automatisée
- ☐ Méthode automatisée
- ☐ Autre méthode : à préciser

3. Elaboration du développement


3.1. Type de validation

- ☐ Adoption d'une nouvelle méthode
- ☒ Adaptation d'une méthode existante (contrainte technique, évolution technique, ...)
référence de la méthode concernée (codification du MOP) :
GDB_FORM_53_Validation de méthode_Génotypage sur puces à ADN Infinium XT Illumina_230130_01_v1.0
GDB_FORM_53_Validation de méthode_Génotypage sur puces à ADN EuroG_MDv4_XT_FRA_GD_230313_01_v1.0.pdf
➔ Avec du recul, pour plus de facilité de lecture des méthodes que nous incluons à notre portée d'accréditation et une meilleure traçabilité, il nous paraît plus opportun de regrouper ces deux notions au sein du même document de validation de méthode.
- ☐ Optimisation d'une méthode existante (temps, coût, ...)
référence de la méthode concernée (codification du MOP) : à compléter
- ☐ Alternative d'une méthode existante
référence de la méthode concernée (codification du MOP) : à compléter
- ☐ Traitement d'une matrice biologique non validée précédemment : à préciser

3.2. Revue de méthode

La revue de méthode s'appuie sur un référentiel :

- ☒ non

 GD Biotech AGRI-AGRO SOLUTIONS	Validation de méthode	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUVELLE	Approbation : C. AUDEBERT

[] oui : à préciser

3.3. Contexte et objectifs

Les puces à ADN qui constituent le support de génotypage Infinium XT Illumina utilisé par la plateforme de génotypage GDScan sont soumises à évolutions (variation du nombre de SNP, modification de la liste des SNP présents, ...).

L'objectif de ce dossier est de valider la nouvelle version de puces à ADN EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD.

3.4. Sélection de la méthode

La méthode de génotypage se basant sur la technologie d'Illumina, est déjà en place depuis plusieurs années et a été validée GDB_FORM_53 Validation de méthode_Génotypage sur puces à ADN Infinium XT Illumina_230130_01_v1.0. Le support de génotypage étant soumis à évolution, et la version EuroG_MDv4_XT_FRA_GD étant obsolète, la version EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD s'impose comme nouveau support de cette méthode.


3.5. Planification - Responsabilités

Pilote de projet : *Ludivine Liétar*

Personnel concerné par la validation de méthode : *Christophe Audebert, Ludivine Liétar, Malika Merbah, Mélissandre Barbet, Pierre Bouvelle*

Date d'ouverture de l'enregistrement (JJ/MM/AA) : 10/10/23

Responsabilité (Nom-Prénom - Fonction)	Tâche (liste non exhaustive)	Délai de réalisation	Attribuée à (Nom-Prénom - Fonction)
Christophe Audebert Directeur Recherche et Développement	Sélection de la méthode	Octobre 2023	Christophe Audebert Directeur Recherche et Développement
Ludivine Liétar Responsable Plateforme de génotypage GD Scan	Développement, analyse et rédaction	Octobre 2023	Ludivine Liétar Responsable Plateforme de génotypage GD Scan
Ludivine Liétar Responsable Plateforme de génotypage GD Scan	Réalisation des essais	Octobre 2023	Malika Merbah Bio Technicienne Mélissandre Barbet Bio Technicienne Pierre Bouvelle Responsable SI

	Validation de méthode	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUELLE	Approbation : C. AUDEBERT

Christophe Audebert Directeur Recherche et Développement	Vérification et validation	Octobre 2023	Christophe Audebert Directeur Recherche et Développement
--	----------------------------	--------------	--

Exemples de tâches (non exhaustif) : Sélection de la méthode, Développement - définition des essais, Développement - réalisation des essais, Développement - édition et interprétation des résultats, Rédaction - gestion des enregistrements relatifs, Vérification/validation, etc...

4. Contraintes du projet

Liste non exhaustive, détailler les catégories concernées

- [] Techniques :
- [] Equipements :
- [] Qualité des matrices/données :
- [] Quantité de matrices/données :
- [] Coût - investissement :
- [x] Autre(s) : contrainte liée au stock d'EuroGMD v3 arrivant à épuisement

5. Caractéristiques de la méthode et performances attendues

5.1. Principe de la méthode


Des étapes successives d'amplification, fragmentation, précipitation, re-suspension, hybridation d'ADN, lavages, staining, rinçage et vernissage des lames contenant les puces et scan de celles-ci sont réalisées. S'ensuit une étape d'analyse des données brutes de scan, lesquelles amènent à l'alimentation de la base de données SNP et à la production de différents rapports.

5.2. Domaine d'application

La présente méthode s'applique à l'ensemble des échantillons d'ADN bovins extraits et reçus au sein de la plateforme de génotypage GD Scan.

5.3. Matrice(s)/Données

Matrice(s) / données concernée(s)	Nature	Conditionnement / emplacement	Conservation pré- traitement
[]	sang total	tube EDTA	température ambiante
[]	bulbes de poils	pochette Kit GDScan	température ambiante

	Validation de méthode	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUVELLE	Approbation : C. AUDEBERT

[]	biopsie auriculaire = cartilage	tube avec conservateur (Allflex TSU ou TST)	température ambiante
[]	semence	paillette de conservation de sperme dilué	température ambiante
[x]	ADN	plaques ADN (4x96 échantillons)	5°C +/- 3°C
[]	métadonnées et données de génotypage	base de données / serveur	-
[]	autre (à préciser) :	(à préciser)	(à préciser)

5.4. Traçabilité des échantillons

Pour chaque essai, l'ensemble des informations liées aux prélèvements (enregistrement et traçabilité) tout au long de la méthode d'extraction d'ADN doit être conservé et l'accès aux informations clairement identifié.

5.5. Paramètres


Le ou les paramètre(s) analysé(s) sont :

[x] quantitatifs (ex : concentration en ADN) : *nombre de SNP*

[x] qualitatifs (ex : Call Rate) : *Call Rate, pourcentage de similarité*

5.6. Critères de performance attendus

Méthode	Nombre d'échantillons	Critères de performance	Répétabilité	Reproductibilité
[] Extraction d'ADN	16 prélèvements (dont 8 satisfaisants au critère de concentration seront génotypés)	Pour au moins 90 % des échantillons : - [ADN] > 15 ng/μL - Call Rate > 0,95 - Médiane Call Rate > 0,975	16 mêmes prélèvements (dont 8 satisfaisants au critère de concentration seront génotypés)	16 mêmes prélèvements (dont 8 satisfaisants au critère de concentration seront génotypés)
[] Génotypage d'ADN	32 échantillons d'ADN	Pour au moins 90 % des échantillons :	Procédure de contrôle	Procédure de contrôle

 GD Biotech AGRI-AGRO SOLUTIONS	Validation de méthode	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUVELLE	Approbation : C. AUDEBERT

		- Call Rate > 0,95 pour au moins 90 % des échantillons - Médiane Call Rate > 0,975 - Prochain essai interlaboratoire validé (à posteriori)	répétabilité GDB_PRO_05_Contrôle de répétabilité et de reproductibilité : méthode de génotypage haut-débit par puces à ADN	reproductibilité GDB_PRO_05_Contrôle de répétabilité et de reproductibilité : méthode de génotypage haut-débit par puces à ADN
[x] Nouveau support de génotypage	2 charolais + 2 holstein déjà génotypés sur version N-1	- Présence 580 SNP ISO (GDB_FI_15_SNP ISO 580) - 99 % de similarité 580 SNP ISO N-1 et N (génotypages valides)	2 mêmes charolais + 2 mêmes holstein déjà génotypés sur version N-1	2 mêmes charolais + 2 mêmes holstein déjà génotypés sur version N-1
[] Autre : à préciser				

6. Essais (cette partie est à répliquer autant de fois qu'il y a d'essais)

Essai n°1

6.1. Introduction

L'essai consiste en la validation de génotypages sur puce EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD d'échantillons d'ADN déjà réalisés sur la version EuroG_MDv4_XT_FRA_GD (2 de race charolaise 38 et 2 de race Holstein 66) par la vérification de la présence des 580 SNP ISO, et un taux de similarité de 99 % sur ces SNP entre les 2 versions.


Il comprend également des contrôles de répétabilité (échantillons génotypés en doublon, même puce, même opérateur, mêmes lots) et de reproductibilité (échantillons génotypés à nouveau sur une autre puce EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD, dans les mêmes conditions de réalisation, mais par un opérateur différent, et avec des lots différents).

6.2. Mode Opérateur

Le mode opératoire est celui en application actuellement GDB_MOP_09_Génotypage_v1.1.

6.3. Points à développer (liste non exhaustive)


- Matériel (type d'appareil, référence, consigne, réglage, etc...) :

 GD Biotech AGRI-AGRO SOLUTIONS	Validation de méthode	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUVELLE	Approbation : C. AUDEBERT

- Centrifugeuse Hettich GDD-CENTRI-003
- Four Illumina GDD-FOUR-002
- Incubateur microplaque SciGene GDD-INCUB-005
- Four Illumina GDD-FOUR-001
- Robot pipeteur Tecan GDD-TECA-001
- Lecteur de puces à ADN Illumina GDD-SCAN-001

➤ Kits et réactifs : *compléter le tableau ci-dessous*

Kits et autres réactifs			
Produits / Consommable	Numéro de lot	Spécifications particulières	Stockage
MA1	voir suivi des n° de lot dans le fichier réponses du GDB_FORM_16_Génotypage Infinium Illumina - Tracking form pour les runs : - 06/09/2023 et 07/09/2023 (EuroG_MDv4_XT_FRA_GD) - 18/09/2023 et 19/09/2023 (EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD dont répétabilité) - 25/09/2023 et 26/09/2023 (EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD reproductibilité)	-	-20°C +/- 5°C
MA2		-	-20°C +/- 5°C
RAM		-	-20°C +/- 5°C
FMS		-	-20°C +/- 5°C
PM1		-	5°C +/- 3°C
Isopropanol		-	Température ambiante
RA1		-	-20°C +/- 5°C
PB2		-	Entre 15°C et 30°C
PB20		-	Entre 15°C et 30°C
XC3		-	Entre 15°C et 30°C
LX1		-	-20°C +/- 5°C
LX2		-	-20°C +/- 5°C
EML		-	-20°C +/- 5°C
SML		-	-20°C +/- 5°C
ATM		-	-20°C +/- 5°C

 GD Biotech AGRI-AGRO SOLUTIONS	Validation de méthode	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUVELLE	Approbation : C. AUDEBERT

XC4		-	Entre 15°C et 30°C
Ethanol		-	Température ambiante
BeadChip		-	5°C +/- 3°C

➤ Matrices (quantité, traçabilité échantillon, traitement, spécificités, etc...) :

ID	CODE BARRE	SEXE	RACE	TYPE MAT BIOLO	Date réception Labo Douai	Plaque ADN	Position ADN	Date extraction
FR8067409921	GD528711	2	66	Poil	30/08/2023	SAM230901	B04	01/09/2023
FR8067409920	GD528710	2	66	Poil	30/08/2023	SAM230901	C04	01/09/2023
FR5706447202	GD220390	2	38	Poil	30/08/2023	SAM230901	D04	01/09/2023
FR5706447201	GD220395	2	38	Poil	30/08/2023	SAM230901	E04	01/09/2023

Illumina recommande d'utiliser des échantillons d'ADN à une concentration en ADN initiale de 50 ng/μL.

Or il n'y a pas de précisions quant à la nature du prélèvement, ni quant à la méthode d'extraction à employer. De plus, nous savons que le génotypage permet finalement de mettre en évidence les éventuels échecs d'extraction grâce au Call Rate. Ainsi, une concentration en ADN insuffisante renvoie un Call Rate non satisfaisant < 0,95 avec des intensités de signal faibles, alors qu'une concentration en ADN suffisante renvoie un Call Rate satisfaisant > 0,95 avec des intensités de signal correctes, ce qui permet de valider les étapes précédentes dont celle d'extraction d'ADN (Cf. GDB_ENR_57_Etude relative à la suppression du dosage postextraction_230110_01_v1.0).


Nous avons donc fait le choix de faire abstraction d'une quantité d'ADN minimale requise pour les essais.

De même, il n'y a pas de recommandations Illumina concernant la qualité des échantillons d'ADN requise, et nous savons que le génotypage permet finalement de mettre en évidence les éventuels échantillons d'ADN de mauvaise qualité grâce au Call Rate, de la même façon qu'évoqué ci-dessus.

Nous avons donc fait le choix de faire abstraction de la notion de qualité des échantillons d'ADN extraits pour les essais.

➤ Milieu : génotypages réalisés dans les salles Pré-PCR génotypage et Post-PCR génotypage dont la température est maîtrisée pour cette dernière (21°C +/- 3°C).

➤ Main d'œuvre :

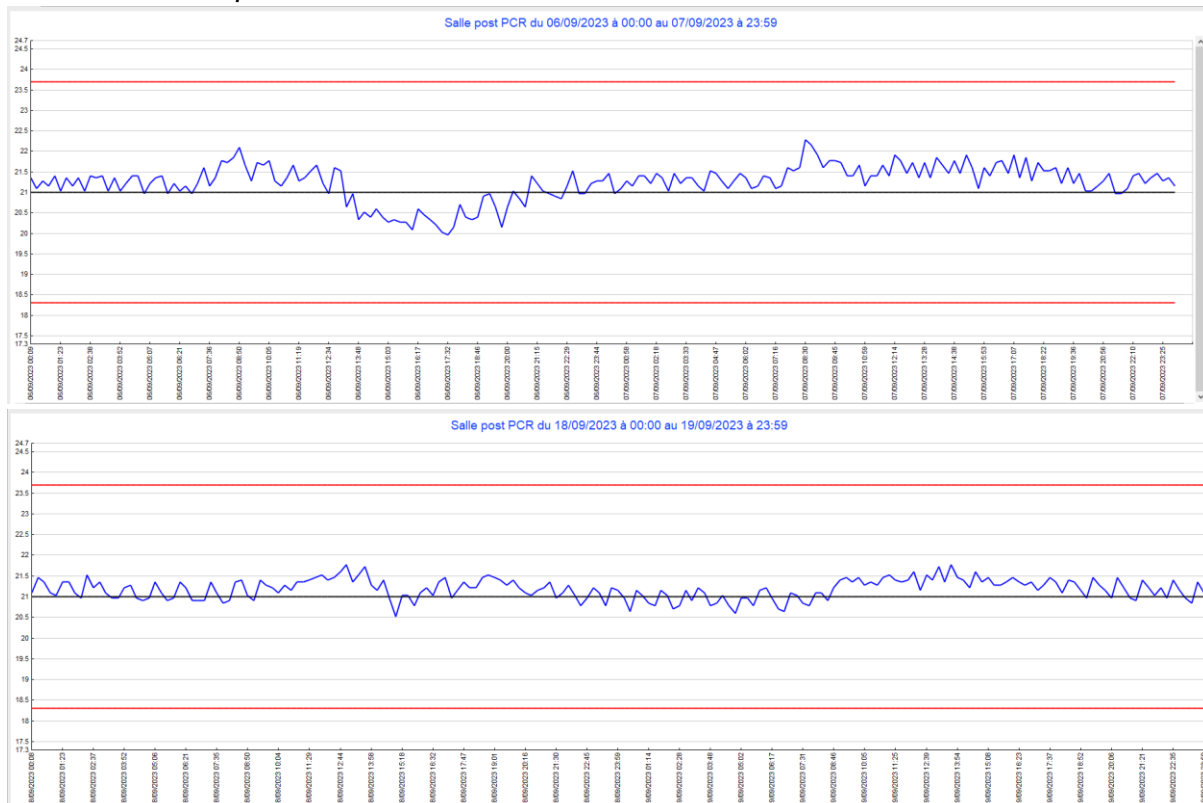
 GD Biotech AGRI-AGRO SOLUTIONS	Validation de méthode	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUVELLE	Approbation : C. AUDEBERT


- génotypage échantillons EuroG_MDv4_XT_FRA_GD : Michèle Boutté les 06/09/2023 et 07/09/2023,
- génotypage échantillons EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD dont répétabilité : Malika Merbah les 18/09/2023 et 19/09/2023,
- génotypage échantillons EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD reproductibilité : Mélissandre Barbet les 25/09/2023 et 26/09/2023,
- clustering SNP : Ludivine Liétar,
- analyses Genome Studio : Ludivine Liétar les 08/09/2023, 22/09/2023 et 28/09/2023,
- comparaisons SNP : Pierre Bouvelle les 16/10/2023 et 17/10/2023

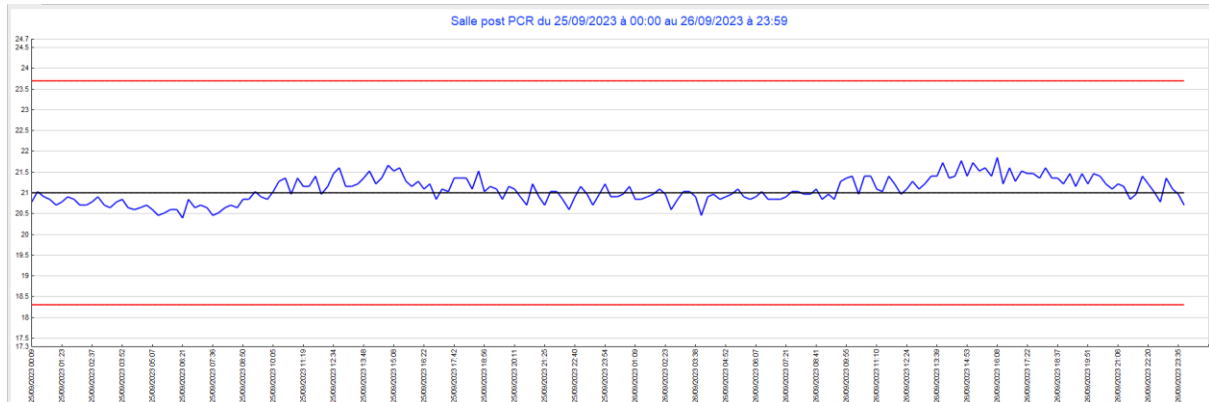
6.4. Résultats de l'essai - Conclusion

➤ *Milieu :*

Variations de température :



	Validation de méthode	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUVELLE	Approbation : C. AUDEBERT



➤ *Echantillons :*

ID	CODE BARRE	ID GENOTYPAGE	Date debut génotypage	Date de Scan	Call Rate	Callrate 580 Iso
FR8067409921	GD528711	WG7072850-MSA7_B04	06/09/2023	07/09/2023	0,999254	1
FR8067409920	GD528710	WG7072850-MSA7_C04	06/09/2023	07/09/2023	0,9990303	1
FR5706447202	GD220390	WG7072850-MSA7_D04	06/09/2023	07/09/2023	0,9991198	1
FR5706447201	GD220395	WG7072850-MSA7_E04	06/09/2023	07/09/2023	0,9989259	1
FR8067409921	GD528711	WG7072881-MSA7_A12	18/09/2023	19/09/2023	0,9985467	1
FR8067409920	GD528710	WG7072881-MSA7_B12	18/09/2023	19/09/2023	0,9868021	0,986207
FR5706447202	GD220390	WG7072881-MSA7_C12	18/09/2023	19/09/2023	0,9983095	0,998276
FR5706447201	GD220395	WG7072881-MSA7_D12	18/09/2023	19/09/2023	0,9977608	0,996552
FR8067409921	GD528711	WG7072881-MSA7_E12	18/09/2023	19/09/2023	0,9993623	1
FR8067409920	GD528710	WG7072881-MSA7_F12	18/09/2023	19/09/2023	0,9930452	0,991379
FR5706447202	GD220390	WG7072881-MSA7_G12	18/09/2023	19/09/2023	0,9982205	0,998276
FR5706447201	GD220395	WG7072881-MSA7_H12	18/09/2023	19/09/2023	0,9981019	0,996552
FR8067409921	GD528711	WG7073321-MSA7_E12	25/09/2023	26/09/2023	0,9994661	1
FR8067409920	GD528710	WG7073321-MSA7_F12	25/09/2023	26/09/2023	0,9993327	1
FR5706447202	GD220390	WG7073321-MSA7_G12	25/09/2023	26/09/2023	0,9992289	1
FR5706447201	GD220395	WG7073321-MSA7_H12	25/09/2023	26/09/2023	0,9966338	0,996552

Version de puce : EuroG_MDv4_XT_GD


Projet Génome Studio : indexation_080923

Fichier de clustering utilisé : MDv4_XT_bovin_030423.egt

Chemin d'accès du projet Génome Studio : serveur gna2gdlabo

\\gna2gdlabo.genesdiffusion.com\Labo\genotypages\Genotypages_SAM\SAM_MD_v4\Indexations\2023\indexations_septembre_2023\indexation_080923

Référence groupe génotypages GDBoard : Genotypages_sem36_2023

 GD Biotech AGRI-AGRO SOLUTIONS	Validation de méthode	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUVELLE	Approbation : C. AUDEBERT

Informations retranscrites dans le Fichier suivi échantillons 2023 - Gènes Diffusion

Version de puce : EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD

Version de puce : EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD (répétabilité)

Projet Génome Studio : indexation_210923

Fichier de clustering utilisé : MDv4_1_XT_bovin_220923.egt

Chemin d'accès du projet Génome Studio : serveur gna2gdlabo

\\gna2gdlabo.genesdiffusion.com\Labo\genotypages\Genotypages_SAM\SAM_MD_v4_1\indexations\2023\indexations_septembre_2023\indexation_210923

Référence groupe génotypages GDBoard : Genotypages_sem38_2023

Informations retranscrites dans le Fichier suivi échantillons 2023 - Gènes Diffusion

Version de puce : EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD (reproductibilité)

Projet Génome Studio : indexation_270923

Fichier de clustering utilisé : MDv4_1_XT_bovin_280923.egt

Chemin d'accès du projet Génome Studio : serveur gna2gdlabo

\\gna2gdlabo.genesdiffusion.com\Labo\genotypages\Genotypages_SAM\SAM_MD_v4_1\indexations\2023\indexations_septembre_2023\indexation_280923

Référence groupe génotypages GDBoard : Genotypages_sem39_2023

Informations retranscrites dans le Fichier suivi échantillons 2023 - Gènes Diffusion


➤ *Interprétation :*

- *Spécifications relatives au milieu validées.*
- *Présence des 580 SNP ISO (GDB_FI_15_SNP ISO 580).*
- *Génotypages valides, pourcentage de similarité, sur les SNP lisibles parmi les 576 SNP ISO communs entre les versions N-1 et N, à 100 % (fichier Comparaison MD_v4 MD_v4_1 Panel SNP 580 ISO). Cependant cela ne tient pas compte d'un certain nombre de SNP illisibles sur la nouvelle version MD_v4_1, en particulier sur les génotypages du 18 et 19/09/2023.*

Il est par ailleurs à noter qu'une phase de clustering avait été réalisée entre les runs du 18 et 19/09/2023 et du 25 et 26/09/2023, ce qui explique en partie les résultats.

Une nouvelle étape de clustering plus globale était nécessaire et a donc été réalisée le 17/10/2023. Après application du fichier de clustering MDv4_1_XT_bovin_171023.egt sur l'ensemble des échantillons MD_v4_1 et édition d'un nouveau report, les comparaisons ont été refaites et les résultats sont satisfaisants : de 99,8 % à 100 % de similarité entre les versions N-1 et N (sur l'ensemble des 576 SNP ISO communs), les 0,2 % de différence étant liés à des SNP illisibles pour les génotypages concernés.

- *Contrôles répétabilité et reproductibilité MD_v4_1 validés (fichier Comparaison*

 GD Biotech AGRI-AGRO SOLUTIONS	Validation de méthode	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUVELLE	Approbation : C. AUDEBERT

MD_v4 MD_v4_1 Panel SNP 580 ISO).

Les 580 SNP ISO sont bien retrouvés sur chacun des 2 génotypes MD_v4_1 répétabilité et reproductibilité pour chaque échantillon.

Et le pourcentage de similarité, après application du fichier de clustering MDv4_1_XT_bovin_171023.egt sur l'ensemble des génotypes MD_v4_1, est satisfaisant : de 99,8 % à 100 % de similarité entre les versions N-1 et N (sur l'ensemble des 576 SNP ISO communs) sur chacun des 2 génotypes MD_v4_1 répétabilité et reproductibilité pour chaque échantillon, les 0,2 % de différence étant liés à des SNP illisibles pour les génotypes concernés.

➤ **Conclusion :**

L'essai répond aux critères de performance attendus et met en évidence l'obtention de résultats quantitativement et qualitativement satisfaisants.

7. Analyse

7.1. Facteurs de risques

Matériel : RAS

Matière : RAS

Méthode : *clustering sous Genome Studio.*

Milieu : RAS

Main d'œuvre : *non-respect des modes opératoires, mauvaise gestion/conservation de réactifs.*

7.2. Incertitudes

La méthode de génotypage étant qualitative, il n'y a pas d'incertitudes de mesures pouvant être déterminées au niveau du CallRate et du pourcentage de similarité qui en découle.

Il n'y a pas non plus d'incertitude de mesure sur le nombre de SNP présents sur la puce, soit ils sont présents, soit ils sont manquants.


7.3. Robustesse

Non vérifiée.

7.4. Conclusion

La méthode de génotypage sur puces à ADN EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD, telle que définie dans l'essai n°1 répond aux critères de performance attendus et met en évidence l'obtention de résultats quantitativement et qualitativement satisfaisants.

Cette méthode est répétée et reproductible, selon nos critères.

 GD Biotech AGRI-AGRO SOLUTIONS	Validation de méthode	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUVELLE	Approbation : C. AUDEBERT

8. Sélection, vérification et validation de méthode

Partie réservée au Directeur Recherche et Développement

Référence du présent enregistrement de validation de méthode :

GDB_FORM_53_Validation de méthode_Génotypage sur puces à ADN Infinium XT
Illumina_231010_01_v1.0

Intitulé de la méthode : *génotypage sur puces à ADN Infinium XT Illumina*

Référence de l'essai sélectionné : *Essai n°1*

Vérification de la méthode :

☒ **approuvée** (*enregistrements produits suffisants - critères de performance atteints et conformes aux exigences du client*)

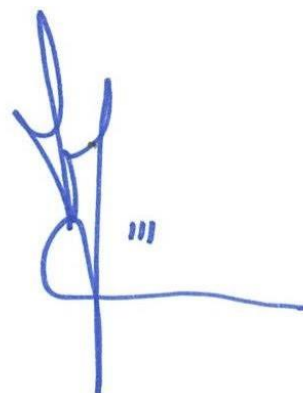
☐ **non approuvée**

Signature Directeur Recherche et Développement :

Nom : Christophe Audebert

Date : 17/10/2023

Visa :




Validation de la méthode :

Conditions

Domaine d'application : *l'ensemble des échantillons d'ADN bovins extraits et reçus au sein de la plateforme de génotypage GD Scan.*

Ressources humaines :

- *personnel autorisé : personnel de la plateforme GD Scan habilité au génotypage d'ADN*
- *personnel formateur : personnel de la plateforme GD Scan habilité au génotypage d'ADN*
- *personnel à former/habiller : RAS*

 GD Biotech AGRI-AGRO SOLUTIONS	Validation de méthode	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUVELLE	Approbation : C. AUDEBERT

- autre : à préciser

Autres conditions : *Information au client par mail*

Aptitude à l'emploi :

☒ **accordée**, mise en application à compter du : 16/10/2023

☐ **non accordée**, commentaires :

Signature Directeur Recherche et Développement :

Nom : Christophe Audebert

Date : 17/10/2023

Visa :

