	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	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


- ☐ Développement d'une nouvelle méthode
  - ☐ Adoption d'une nouvelle méthode reconnue
  - ☒ 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\_231010\_01\_v1.0*  
*GDB\_MOP\_09\_Génotypage\_v2.2*
- ☐ 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
- ☐ oui : *à préciser*

### 3.3. Contexte et objectifs

 <b>GD Biotech</b> AGRI-AGRO SOLUTIONS	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	Approbation : C. AUDEBERT

*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\_MDv5\_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\_MDv4-1\_XT\_FRA\_GD étant obsolète, la version EuroG\_MDv5\_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, Tony Baysieu*

Date d'ouverture de l'enregistrement (JJ/MM/AA) : 28/10/2024

<b>Responsabilité (Nom-Prénom - Fonction)</b>	<b>Tâche (liste non exhaustive)</b>	<b>Délai de réalisation</b>	<b>Attribuée à (Nom-Prénom - Fonction)</b>
Christophe Audebert Directeur Recherche et Développement	Sélection de la méthode	Novembre 2024	Christophe Audebert Directeur Recherche et Développement
Ludivine Liétar Responsable Plateforme de génotypage GD Scan	Développement, analyse et rédaction	Novembre 2024	Ludivine Liétar Responsable Plateforme de génotypage GD Scan
Ludivine Liétar Responsable Plateforme de génotypage GD Scan	Réalisation des essais	Novembre 2024	Malika Merbah Bio Technicienne Mélissandre Barbet Bio Technicienne Tony Baysieu Responsable SI
Christophe Audebert Directeur Recherche et	Vérification et validation	Novembre 2024	Christophe Audebert Directeur Recherche et

 <b>GD Biotech</b> AGRI-AGRO SOLUTIONS	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	Approbation : C. AUDEBERT

Développement			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 v4-1 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
[ ]	biopsie auriculaire = cartilage	tube avec conservateur (Allflex TSU ou TST)	température ambiante

 <b>GD Biotech</b> AGRI-AGRO SOLUTIONS	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	Approbation : C. AUDEBERT

[ ]	semence	paillette de conservation de sperme dilué	température ambiante
[x]	ADN	plaques ADN (4x96 échantillons)	5°C +/- 3°C
[ ]	métadonnées et données de géotypage	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, concordance géotypages) : *Call Rate, concordance des géotypages*

#### 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 géotypés)	Pour au moins 90 % des échantillons : - [ADN] > 15 ng/μL - Call Rate > 0,95 - Médiane Call Rate > 0,975  Concordance géotypages : 99 % de similarité 580 SNP 8 échantillons issus des tests répétabilité/reproductibilité	16 mêmes prélèvements (dont 8 satisfaisants au critère de concentration seront géotypés)	16 mêmes prélèvements (dont 8 satisfaisants au critère de concentration seront géotypés)

	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	Approbation : C. AUDEBERT

<input type="checkbox"/> Génotypage d'ADN	32 échantillons d'ADN	<p>Pour au moins 90 % des échantillons : - Call Rate &gt; 0,95 pour au moins 90 % des échantillons - Médiane Call Rate &gt; 0,975</p> <p>Concordance géotypages : échantillon du test répétabilité/reproductibilité <b>GDB_PRO_05_Contrôle de répétabilité et de reproductibilité : méthode de géotypage haut-débit par puces à ADN</b>, auquel on applique un seuil de 99 % de similarité 580 SNP</p>	Contrôle répétabilité selon <b>GDB_PRO_05_Contrôle de répétabilité et de reproductibilité : méthode de géotypage haut-débit par puces à ADN</b>	Contrôle répétabilité selon <b>GDB_PRO_05_Contrôle de répétabilité et de reproductibilité : méthode de géotypage haut-débit par puces à ADN</b>
<input checked="" type="checkbox"/> Nouveau support de géotypage	2 charolais + 2 holstein déjà géotypés sur version N-1	<p>- Présence 580 SNP ISO (<b>GDB_FI_15_SNP ISO 580</b>) - 99 % de similarité 580 SNP ISO N-1 et N (géotypages valides)</p>	2 mêmes charolais + 2 mêmes holstein déjà géotypés sur version N-1	2 mêmes charolais + 2 mêmes holstein déjà géotypés sur version N-1
<input type="checkbox"/> Autre : à préciser				

**Justification de dérogation : pas de dérogation**


(à faire signer par Directeur Recherche et Développement pour accord)

## 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 géotypages sur puce EuroG\_MDv5\_XT\_FRA\_GD

 <b>GD Biotech</b> AGRI-AGRO SOLUTIONS	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	Approbation : C. AUDEBERT

*d'échantillons d'ADN déjà réalisés sur la version EuroG\_MDv4-1\_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\_MDv5\_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\_v2.2.*

## 6.3. Points à développer (liste non exhaustive)

- Matériel (type d'appareil, référence, consigne, réglage, etc...) : à compléter
- Centrifugeuse Hettich GDD-CENTRI-003
- Four Illumina GDD-FOUR-002 (runs du 06/08 et 07/08/24, du 23/09 et 24/09/24, et du 07/10 et 08/10/24)
- Four Illumina GDD-FOUR-003 (run du 09/10 et 10/10/2024)
- Incubateur microplaque SciGene GDD-INCUB-003 (run du 06/08 et 07/08/24)
- Incubateur microplaque SciGene GDD-INCUB-005 (run du 23/09 et 24/09/24)
- Incubateur microplaque SciGene GDD-INCUB-009 (runs du 07/10 et 08/10/24, et du 09/10 et 10/10/2024)
- Four Illumina GDD-FOUR-004
- 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 / Consommables	Numéro de lot	Spécifications particulières	Stockage
MA1	voir suivi des n° de lot dans le fichier réponses du GDB_FORM_16_G énotypage Infinium Illumina - Tracking form	-	-20°C +/- 5°C
MA2		-	-20°C +/- 5°C
RAM		-	-20°C +/- 5°C
FMS		-	-20°C +/- 5°C

 <b>GD Biotech</b> AGRI-AGRO SOLUTIONS	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	Approbation : C. AUDEBERT


PM1	pour les runs :  - 06/08/2024 et 07/08/2024 (EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD, 2 race charolaise)  - 23/09/2024 et 24/09/2024 (EuroG_MDv4-1_XT_FRA_GD, 2 race holstein)  - 07/10/2024 et 08/10/2024 (EuroG_MDv5_XT_FRA_GD dont répétabilité)  - 09/10/2024 et 10/10/2024 (EuroG_MDv5_XT_FRA_GD reproductibilité)	-	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
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
FR4453762780	GD631153	2	66	Sang	17/09/2024	SAM2409033	A01	20/09/2024
FR5945882299	GD631108	2	66	Sang	17/09/2024	SAM2409033	B01	20/09/2024
FR7122434924	GD600206	1	38	Poil	16/07/2024	SAM2407054	A01	24/07/2024
FR7122354711	GD600224	1	38	Poil	16/07/2024	SAM2407054	B01	24/07/2024

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

➤ Main d'oeuvre :

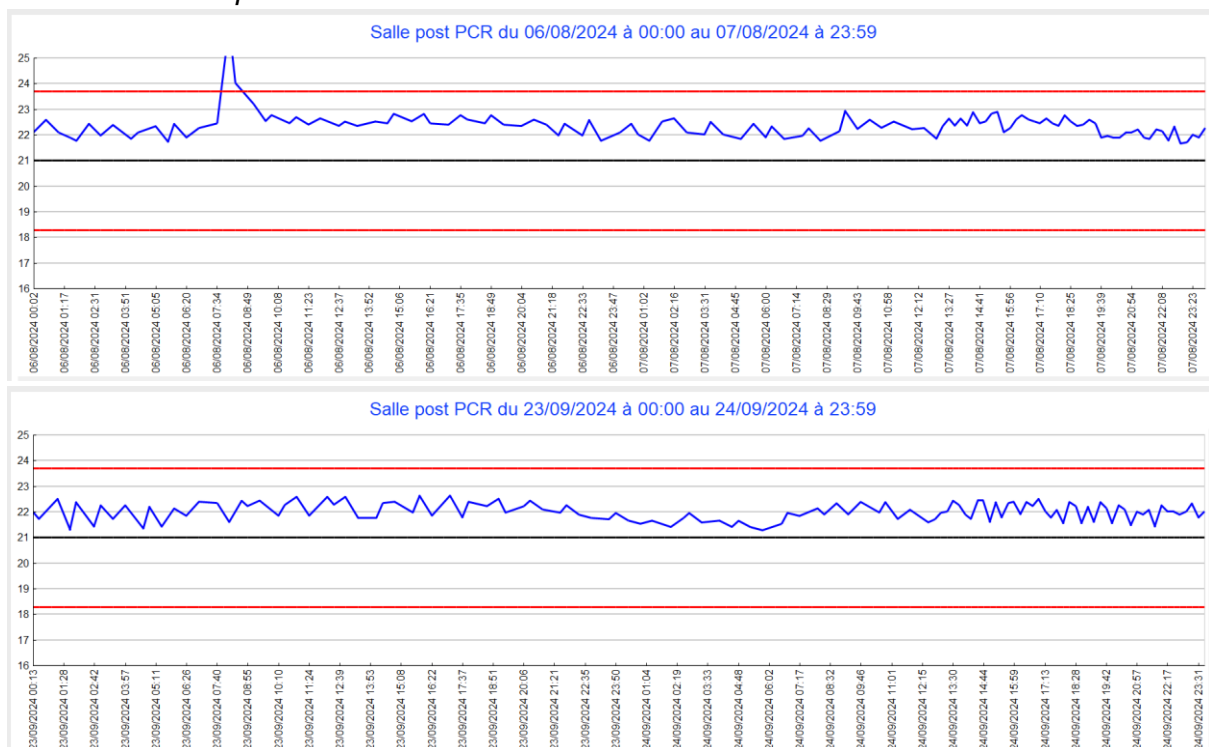
 <b>GD Biotech</b> AGRI-AGRO SOLUTIONS	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	Approbation : C. AUDEBERT

- génotypage échantillons EuroG\_MDv4-1\_XT\_FRA\_GD charolais : Ludivine Liétar les 06/08/2024 et 07/08/2024,
- génotypage échantillons EuroG\_MDv4-1\_XT\_FRA\_GD holstein : Malika Merbah les 23/09/2024 et 24/09/2024,
- génotypage échantillons EuroG\_MDv5\_XT\_FRA\_GD dont répétabilité : Malika Merbah les 07/10/2024 et 08/10/2024,
- génotypage échantillons EuroG\_MDv5\_XT\_FRA\_GD reproductibilité : Mélissandre Barbet les 09/10/2024 et 10/10/2024,
- clustering SNP : Ludivine Liétar le 11/10/2024,
- analyses Genome Studio : Ludivine Liétar les 09/08/2024, 27/09/2024 et 11/10/2024,
- comparaisons SNP : Tony Baysieu 30/10/2024.


#### 6.4. Résultats de l'essai - Conclusion

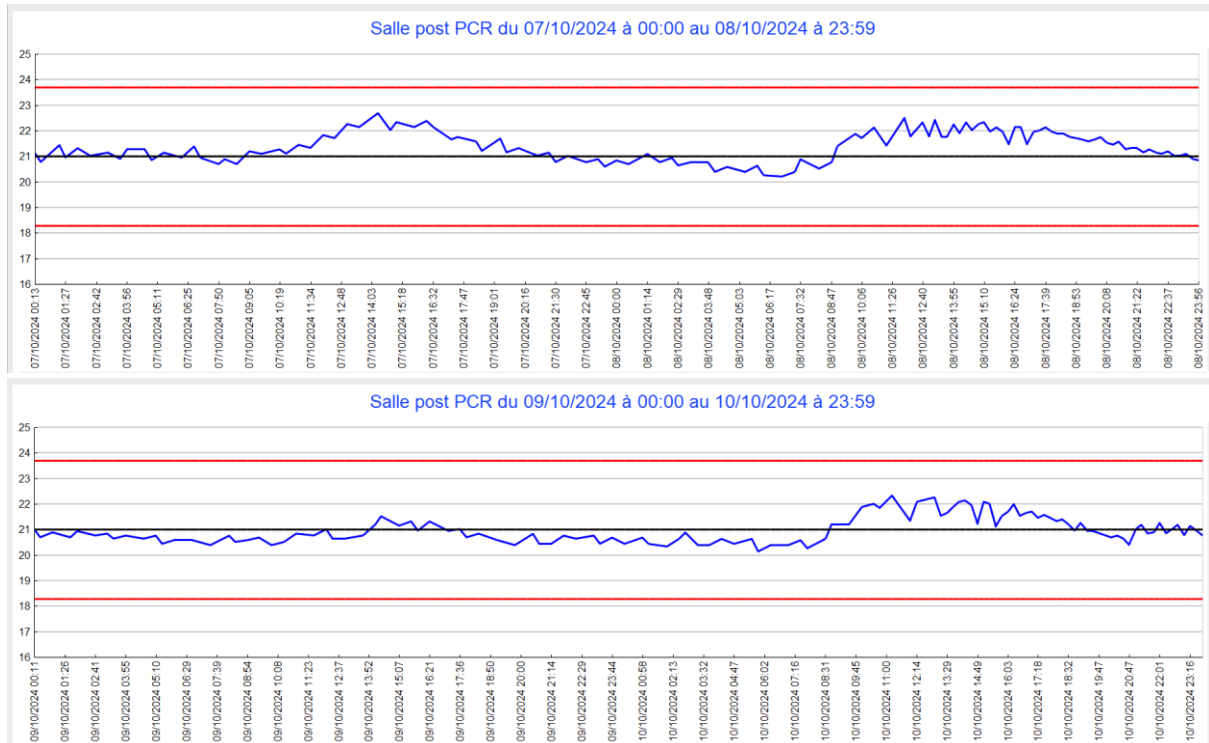
➤ *Milieu :*

*Variations de température :*






	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	Approbation : C. AUDEBERT



➤ *Echantillons :*

ID	CODE BARRE	ID GENOTYPAGE	Date debut génotypage	Date de Scan	Call Rate	Callrate 580 Iso
FR4453762780	GD631153	WG7180477-MSA7_A01	23/09/2024	24/09/2024	0.9991103	1
FR5945882299	GD631108	WG7180477-MSA7_B01	23/09/2024	24/09/2024	0.9992734	1
FR7122434924	GD600206	WG7179707-MSA7_A01	06/08/2024	07/08/2024	0.995314	0.998276
FR7122354711	GD600224	WG7179707-MSA7_B01	06/08/2024	07/08/2024	0.9995551	1
FR4453762780	GD631153	WG7179393-MSA7_A12	07/10/2024	08/10/2024	0.9993033	1
FR5945882299	GD631108	WG7179393-MSA7_B12	07/10/2024	08/10/2024	0.9993626	1
FR7122434924	GD600206	WG7179393-MSA7_C12	07/10/2024	08/10/2024	0.9981174	0.998276
FR7122354711	GD600224	WG7179393-MSA7_D12	07/10/2024	08/10/2024	0.9995701	0.998276
FR4453762780	GD631153	WG7179393-MSA7_E12	07/10/2024	08/10/2024	0.9994515	1
FR5945882299	GD631108	WG7179393-MSA7_F12	07/10/2024	08/10/2024	0.9993033	1
FR7122434924	GD600206	WG7179393-MSA7_G12	07/10/2024	08/10/2024	0.9973762	0.996552
FR7122354711	GD600224	WG7179393-MSA7_H12	07/10/2024	08/10/2024	0.9993922	0.998276
FR4453762780	GD631153	WG7180101-MSA7_E12	09/10/2024	10/10/2024	0.9993774	1
FR5945882299	GD631108	WG7180101-MSA7_F12	09/10/2024	10/10/2024	0.9992737	1
FR7122434924	GD600206	WG7180101-MSA7_G12	09/10/2024	10/10/2024	0.9953898	0.998276

 <b>GD Biotech</b> AGRI-AGRO SOLUTIONS	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	Approbation : C. AUDEBERT

FR7122354711 GD600224 WG7180101-MSA7\_H12 09/10/2024 10/10/2024 0.9993329 1

#### Version de puce : EuroG\_MDv4-1\_XT\_GD

Projet Génome Studio : indexation\_260924 et indexation\_090824

Fichier de clustering utilisé : MDv4\_1\_XT\_bovin\_180424.egt

Chemins d'accès des projets Génome Studio : serveur gna2gdlabo

\\gna2gdlabo.genesdiffusion.com\Labo\genotypages\Genotypages\_SAM\SAM\_MD\_v4\_1\indexations\2024\indexations\_septembre\_2024\indexation\_260924

\\gna2gdlabo.genesdiffusion.com\Labo\genotypages\Genotypages\_SAM\SAM\_MD\_v4\_1\indexations\2024\indexations\_aout\_2024\indexation\_090824

Références groupes génotypages GDBoard : Genotypages\_sem39\_2024 et Genotypages\_sem32\_2024

Informations retranscrites dans le Fichier suivi échantillons 2024 - Gènes Diffusion

#### Version de puce : EuroG\_MDv5\_XT\_FRA\_GD

Version de puce : EuroG\_MDv5\_XT\_FRA\_GD (répétabilité)

Version de puce : EuroG\_MDv5\_XT\_FRA\_GD (reproductibilité)

Projet Génome Studio : indexation\_101024

Fichier de clustering utilisé : MDv5\_XT\_bovin\_111024.egt établis sur 192 échantillons à partir de l'optimisation du fichier MDv4\_1\_XT\_bovin\_180424.egt

Chemin d'accès du projet Génome Studio : serveur gna2gdlabo

\\gna2gdlabo.genesdiffusion.com\Labo\genotypages\Genotypages\_SAM\SAM\_MD\_v5\Indexations\2024\indexations\_octobre\_2024\indexation\_101024

Référence groupe génotypages GDBoard : Genotypages\_sem41\_2024


Informations retranscrites dans le Fichier suivi échantillons 2024 - Gènes Diffusion

#### ➤ Interprétation :

- Spécifications relatives au milieu validées (1 pic en dehors des spécifications le 06/08/24 matin, mais sonde mal placée, lever de soleil qui donne directement dessus, à ne pas considérer).
- Présence des 580 SNP ISO (GDB\_FI\_15\_SNP ISO 580).
- Génotypages valides, 100 % de similarité sur les 580 SNP ISO entre les versions N-1 et N (fichier GDB\_ENR\_154 Comparaison MD\_v4-1 MD\_v5 Panel SNP 580 ISO\_v1.0). Cependant cela ne tient pas compte de quelques SNP illisibles sur les deux versions.

En intégrant les SNP illisibles, on obtient de 99,7 % (pour 2 SNP illisibles) à 100 % de similarité sur les 580 SNP ISO.

On reste supérieur au seuil de 99 % de similarité exigé dans les critères de performance.

 <b>GD Biotech</b> AGRI-AGRO SOLUTIONS	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	Approbation : C. AUDEBERT

- Contrôles répétabilité et reproductibilité MD\_v5 validés (fichier GDB\_ENR\_154\_Comparaison MD\_v4-1 MD\_v5 Panel SNP 580 ISO\_v1.0).  
Les 580 SNP ISO sont bien retrouvés sur chacun des 2 génotypes MD\_v5 répétabilité et reproductibilité pour chaque échantillon.  
Et en tenant comptes des SNP illisibles, on obtient de 99,7 % (pour 2 SNP illisibles) à 100 % de similarité sur les 580 SNP ISO entre les versions N-1 et N sur chacun des 2 génotypes MD\_v5 répétabilité et reproductibilité pour chaque échantillon.  
On est supérieur au seuil de 99 % de similarité exigé dans les critères de performance.

➤ **Conclusion :**

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

A noter qu'une nouvelle phase de clustering sera effectuée sur un volume d'échantillons plus conséquent afin d'optimiser davantage le cluster établi pour ce présent dossier (MDv5\_XT\_bovin\_111024.egt). Les métriques associées au CallRate ne pourront s'en trouver qu'améliorées.

## **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, risques lors de la constitution du présent dossier (report des données, vérification/validation).

### **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**

 <b>GD Biotech</b> AGRI-AGRO SOLUTIONS	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	Approbation : C. AUDEBERT

*La méthode de génotypage sur puces à ADN EuroG\_MDv5\_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 répétable et reproductible, selon nos critères.*

 <b>GD Biotech</b> AGRI-AGRO SOLUTIONS	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	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\_241028\_01\_v2.0

**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)

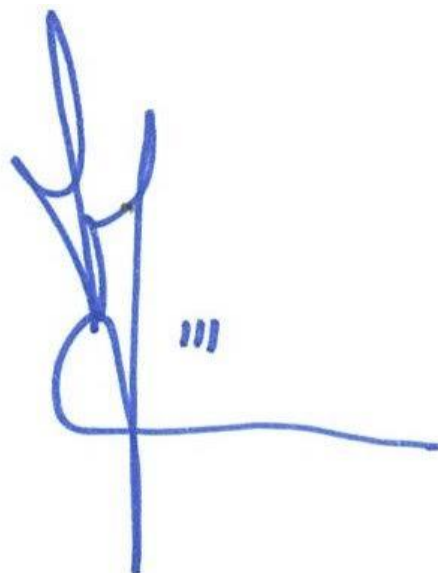
☐ **non approuvée**


**Signature Directeur Recherche et Développement :**

Nom : Christophe Audebert

Date : 31/10/2024

Visa :



	<b>Validation de méthode</b>	Version 2.0
GDB_FORM_53	SMQ	12/07/2024
Rédaction : K. LE ROUX,	Vérification : L. LIETAR	Approbation : C. AUDEBERT

## Validation de la méthode :

### Conditions

**Domaine d'application :**

**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*
- *autre : à préciser*

**Autres conditions :** *Information au client par mail* : mail en date du 05/11/2024 envoyé par Ludivine LIETAR

### Aptitude à l'emploi :

☒ **accordée**, mise en application à compter du : 04/11/2024

☐ **non accordée**, commentaires :

### **Signature Directeur Recherche et Développement :**

Nom : Christophe Audebert

Date : 31/10/2024

Visa :

