 GD Biotech AGRI-AGRO SOLUTIONS	Elaboration des fichiers SAM	Version 3.0
GDB_MOP_13	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.

Cette étape fait suite à l'extraction des plaques MATRICE_AAMMJJ-NN élues en plaques SAMAAMMNNN.

Mode opératoire

Convertir les fichiers [GDB_FORM_15_MATRICE_AAMMJJ-NN](#) en fichiers SAMAAMMNNN (stockage définitif de l'ADN envoyé en génotypage) :

- 1) Dans **Galaxy** (<http://galaxy.gspp2gdlab.genesdiffusion.com/>, compte : production), s'identifier et renseigner le mot de passe.
*identifiant : **production***
- 2) Au niveau de la colonne de droite, cliquer sur “+” afin de créer un nouvel historique. Cliquer sur “**Unnamed history**” et renommer l'historique : **SAM_semxx_aaaa**, xx correspondant au numéro de la semaine, et aaaa à l'année. Valider la modification en appuyant sur **Entrée**.
- 3) En haut à gauche, cliquer sur la flèche (download), puis sur “**choose local file**”, et aller rechercher le ou les fichiers extraction [GDB_FORM_15_MATRICE_AAMMJJ-NN](#) 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.
- 4) Cliquer sur “**Start**”, le ou les fichiers se chargent dans l'historique.
- 5) Dans la colonne de gauche, cliquer sur “**Outils Preparation Extraction**”, puis “**Gestion des infos animal / Labo**”, sélectionner l'Action “**Convertir un fichier extraction en fichier SAM**”.
Renseigner le “**Nom du fichier Génotypage (SAM)**” qui correspond à la référence de plaque SAM attribuée lors de l'extraction.
Si la plaque contient des QC (Quality Check) répétabilité/reproductibilité, cliquer sur “**Yes**” à l'endroit dédié.
Sélectionner ensuite le “**Type de Liste Identifiant Animal ou Prélèvement**” :
 - a) **1 Fichier Extraction complet**, pour les fichiers extraction complets à convertir entièrement en fichier SAM :

	Elaboration des fichiers SAM	Version 3.0
GDB_MOP_13	Extraction	31/05/2024
Rédaction : M. BARBET	Vérification : L. LIETAR	Approbation : L. LIETAR

- dans "Fichier Excel Extractions", sélectionner le fichier extraction chargé précédemment,
- cliquer sur "Execute",

b) **2 Fichiers Extractions (48 A01=>H06, 48 A07=>H12)**, pour pooler deux fichiers extraction équivalents à une demi plaque chacun :

- dans "Fichier Excel Extractions 1 A01=>H06", sélectionner le fichier extraction chargé précédemment dont les échantillons seront disposés en A01 à H06,
- dans "Fichier Excel Extractions 2 A07=>H12", sélectionner le fichier extraction chargé précédemment dont les échantillons seront disposés en A07 à H12,
- cliquer sur "Execute",

c) **Multiple Fichiers Extractions avec un fichier Position|Code Barre**, pour pooler des échantillons provenant de différents fichiers extraction pouvant être répartis aléatoirement (ex : plaques QC, cas de remplacement d'échec extraction, de places réservées pour regénotypage, ...) :


- créer une liste des échantillons devant figurer dans le fichier SAM (1e colonne les positions dans l'ordre A01 à H12, et 2e colonne les CAB correspondants), et l'importer dans l'historique,
- dans "Fichier Position / Code barre", sélectionner cette liste,
- dans "Liste des Fichier Excel Extractions", après avoir importé dans l'historique les différents fichiers extraction tels que créés à l'origine (notamment pour les regénotypages et les QC), cliquer sur "Insert Liste des Fichier Excel Extractions" autant de fois qu'il y a de fichiers extraction à pooler et sélectionner ces fichiers extraction,
- cliquer sur "Execute".

Répéter pour chaque fichier.

6) Lorsque l'étape de création de la plaque SAM apparaît en rouge, cliquer sur l'œil de l'étape "log.txt" correspondante pour visualiser la ou les erreurs relevées (ex : erreur format de date renseignée, ...). Corriger ces erreurs, si besoin en lien avec Pierre Bouvelle (responsable SI), et renouveler les étapes 3) à 5).

Lorsqu'elle apparaît en vert, celle-ci est valide, la plaque SAM a pu être générée.

7) Enregistrer la plaque dans le dossier partagé partage_labo\Extractions\Fichiers_SAM (serveur : gna2gdlabo.genesdiffusion.com), compléter la fiche extraction (versions papier et informatique) et l'archiver dans le dossier partagé

	Elaboration des fichiers SAM	Version 3.0
GDB_MOP_13	Extraction	31/05/2024
Rédaction : M. BARBET	Vérification : L. LIETAR	Approbation : L. LIETAR

partage_labo\Extractions\Fichiers_extraction\Archives\aaaa (serveur :
gna2gdlabo.genesdiffusion.com).

Documents associés :

[GDB_PRS_05_Extraction d'ADN](#)
[GDB_FORM_15_MATRICE_AAMMJJ-NN](#)
[GDB_FORM_03_Habilitation extraction ADN](#)