	<b>Validation de méthode</b>	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 : *extraction d'ADN*

Portée d'accréditation :

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

## 2. Intitulé de méthode

Nom de la méthode : *extraction d'ADN sur colonnes de silice en tube à partir de semence*

- ☒ 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) : à compléter*
- ☐ 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

*La plateforme GD Scan réalise des extractions d'ADN en plaque à partir de semence sur colonnes de silice de chez Qiagen depuis 2010. La méthode a quelque peu évolué au fil du temps pour aboutir à la version actuelle, approuvée en décembre 2021.*

*L'objectif de ce dossier est de valider cette méthode d'extraction.*

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

### 3.4. Sélection de la méthode

*Il existe différents fournisseurs de kits d'extraction manuelle sur colonne de silice sur le marché. Qiagen offre une gamme un peu plus coûteuse que d'autres fournisseurs mais fournit un meilleur rendement en ADN, notamment compte tenu du fait que nous pouvons parfois recevoir de faibles quantités de semence.*

*Le kit adapté aux prélèvements de semence est QIAamp DNA mini kit. La méthode associée, déjà en place depuis plusieurs années, a prouvé son efficacité en termes de résultats et de par notre volume d'échantillons.*


### 3.5. Planification - Responsabilités

Pilote de projet : *Ludivine Liétar*

Personnel concerné par la validation de méthode : *Christophe Audebert, Ludivine Liétar, Michèle Boutté, Malika Merbah*

Date d'ouverture de l'enregistrement (JJ/MM/AA) : 30/01/2023

<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	31/01/2023	Christophe Audebert Directeur Recherche et Développement
Ludivine Liétar Responsable Plateforme de génotypage GD Scan	Développement, analyse et rédaction	31/01/2023	Ludivine Liétar Responsable Plateforme de génotypage GD Scan
Ludivine Liétar Responsable Plateforme de génotypage GD Scan	Réalisation des essais	31/01/2023	Ludivine Liétar Responsable Plateforme de génotypage GD Scan Michèle Boutté Malika Merbah Bio Techniciennes
Christophe Audebert Directeur Recherche et Développement	Vérification et validation	31/01/2023	Christophe Audebert Directeur Recherche et Développement

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

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*

[x] Techniques : traçabilité matériel et certains réactifs manquante (validation de méthode effectuée sur des résultats déjà existants).

[ ] Equipements :

[ ] Qualité des matrices/données :

[x] Quantité de matrices/données : faibles quantités de prélèvements par séries -> difficulté à trouver des séries importantes, manque de données pour valider la répétabilité/reproductibilité (validation de méthode effectuée sur des résultats déjà existants).

[ ] Coût - investissement :

[ ] Autre(s) :

#### 5. Caractéristiques de la méthode et performances attendues

##### 5.1. Principe de la méthode


*Les prélèvements sont mis en tubes, lysés puis déposés sur colonne de silice. Des étapes successives de précipitation, adsorption sur colonne de silice, de lavage puis d'élution sont réalisées manuellement pour purifier l'ADN. La quantité d'ADN obtenue suite à l'extraction peut être dosée par mesure de fluorescence au PicoGreen si besoin. Une gamme étalon est alors réalisée à chaque série de quantification et sert de référence pour déterminer la concentration en ADN.*

##### 5.2. Domaine d'application

*La présente méthode s'applique à l'ensemble des prélèvements de semence bovine reçus au sein de la plateforme de génotypage GDScan.*

##### 5.3. Matrice(s)/Données

Matrice(s) / données concernée(s)	Nature	Conditionnement / emplacement	Conservation pré-traitement
<input type="checkbox"/>	sang total	tube EDTA	température ambiante

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

<input type="checkbox"/>	bulbes de poils	pochette Kit GDScan	température ambiante
<input type="checkbox"/>	biopsie auriculaire = cartilage	tube avec conservateur (Allflex TSU ou TST)	température ambiante
<input checked="" type="checkbox"/>	semence	paillette de conservation de sperme dilué	température ambiante
<input type="checkbox"/>	ADN	plaques ADN (4x96 échantillons)	5°C +/- 3°C
<input type="checkbox"/>	métadonnées et données de géotypage	base de données / serveur	-
<input type="checkbox"/>	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) : *concentration en ADN (ng/μL)*

[ ] qualitatifs (ex : Call Rate) : *à préciser*

#### 5.6. Critères de performance attendus

Méthode	Nombre d'échantillons	Critères de performance	Répétabilité	Reproductibilité
<input type="checkbox"/> 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	16 mêmes prélèvements (dont 8 satisfaisants au critère de concentration seront géotypés)	16 mêmes prélèvements (dont 8 satisfaisants au critère de concentration seront géotypés)
<input type="checkbox"/> Géotypage d'ADN	32 échantillons d'ADN	Pour au moins 90 % des échantillons : - Call Rate > 0,95	Procédure de contrôle répétabilité	Procédure de contrôle reproductibilité

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


		pour au moins 90 % des échantillons - Médiane Call Rate > 0,975 - Prochain essai interlaboratoire validé (à posteriori)	GDB_PRO_05_ Contrôle de répétabilité et de reproductibilité : méthode de génotypage haut-débit par puces à ADN	GDB_PRO_05_ Contrôle de répétabilité et de reproductibilité : méthode de génotypage haut-débit par puces à ADN
<input type="checkbox"/> 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 (génotypes 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
<input checked="" type="checkbox"/> Autre : Extraction d'ADN	12 prélèvements	Pour au moins 90 % des échantillons : - [ADN] > 15 ng/μL - Call Rate > 0,95 - Médiane Call Rate > 0,975	Prochain test de contrôle de répétabilité validé (à posteriori) GDB_PRO_06_ Contrôle de reproductibilité et répétabilité de la phase d'extraction	- 12 autres prélèvements - Prochain test de contrôle de reproductibilité validé (à posteriori) GDB_PRO_06_ Contrôle de reproductibilité et répétabilité de la phase d'extraction

## 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 l'extraction d'ADN de 12 prélèvements de semence déjà réalisée dans les conditions actuelles d'extraction, plus 12 autres prélèvements extraits dans les mêmes conditions mais par un opérateur différent, seule part de reproductibilité pouvant être évaluée. La validation d'une procédure de contrôle répétabilité/reproductibilité extraction associée sera réalisée à posteriori lors du prochain test et permettra de confirmer la validation de méthode.*

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

## 6.2. Mode Opérateur

Le mode opératoire est celui en application actuellement GDB\_MOP\_04\_Extraction d'ADN en tube à partir de semence\_v2.0 (en décembre 2021, celui en application était la version GDB\_MOP\_04\_Extraction d'ADN en tube à partir de semence\_v1.0, mais seules quelques modifications ne remettant pas en cause le mode opératoire, ont été apportées).


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

- Matériel (type d'appareil, référence, consigne, réglage, etc...) : s'agissant d'une validation de méthode éditée à posteriori du développement (méthode en place depuis décembre 2021 -> plus de 150 extractions de semence réalisées), un mode opératoire est déjà en application et reprend la liste du matériel nécessaire GDB\_MOP\_04\_Extraction d'ADN en tube à partir de semence\_v2.0. Par ailleurs, pour la même raison le suivi du matériel utilisé ne peut être documenté car non relevé lors de l'essai.
- Kits et réactifs : s'agissant d'une validation de méthode éditée à posteriori du développement (méthode en place depuis décembre 2021 -> plus de 150 extractions de semence réalisées), un mode opératoire est déjà en application et reprend la liste des kits et réactifs nécessaires GDB\_MOP\_04\_Extraction d'ADN en tube à partir de semence\_v2.0. Par ailleurs, pour la même raison le suivi de certains lots ne peut être documenté car non relevé lors de l'essai.

Kits et autres réactifs			
Produits / Consommables	Numéro de lot	Spécifications particulières	Stockage
QIAamp DNA mini kit Réf. 51306	non relevé	-	20°C +/- 5°C

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

ID	CODE BARRE	SEXE	RACE	TYPE MAT BIOLO	date reception Labo Douai	Plaque ADN	Position ADN	Date extraction
CA000013942572	GD414861	1	66	Semence	14/03/2022	SAM220330	D10	14/03/2022
CA000014073839	GD414862	1	66	Semence	14/03/2022	SAM220330	E10	14/03/2022
CA000110739145	GD414863	1	66	Semence	14/03/2022	SAM220330	F10	14/03/2022


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

CA000120096651	GD414864	1	66	Semence	14/03/2022	SAM220330	G10	14/03/2022
CA000120345208	GD414865	1	66	Semence	14/03/2022	SAM220330	H10	14/03/2022
CA000120345247	GD414866	1	66	Semence	14/03/2022	SAM220330	A11	14/03/2022
CA000120345248	GD414867	1	66	Semence	14/03/2022	SAM220330	B11	14/03/2022
CA000120345264	GD414868	1	66	Semence	14/03/2022	SAM220330	C11	14/03/2022
CA000120617207	GD414870	1	66	Semence	14/03/2022	SAM220330	E11	14/03/2022
CA000120617212	GD414871	1	66	Semence	14/03/2022	SAM220330	F11	14/03/2022
US003224437460	GD414872	1	66	Semence	14/03/2022	SAM220330	G11	14/03/2022
US003224437469	GD414873	1	66	Semence	14/03/2022	SAM220330	H11	14/03/2022
IT019991894420	GD428867	1	66	Semence	07/04/2022	SAM220426	E11	07/04/2022
IT004992104349	GD428868	1	66	Semence	07/04/2022	SAM220426	F11	07/04/2022
IT028990476845	GD428869	1	66	Semence	07/04/2022	SAM220426	G11	07/04/2022
IT034991196866	GD428870	1	66	Semence	07/04/2022	SAM220426	H11	07/04/2022
IT001991322672	GD428871	1	66	Semence	07/04/2022	SAM220426	A12	07/04/2022
IT034991216341	GD428872	1	66	Semence	07/04/2022	SAM220426	B12	07/04/2022
IT001991277781	GD428873	1	66	Semence	07/04/2022	SAM220426	C12	07/04/2022
IT004992042022	GD428874	1	66	Semence	07/04/2022	SAM220426	D12	07/04/2022
IT018990253937	GD428875	1	66	Semence	07/04/2022	SAM220426	E12	07/04/2022
IT034991251191	GD428876	1	66	Semence	07/04/2022	SAM220426	F12	07/04/2022
IT024990682547	GD428877	1	66	Semence	07/04/2022	SAM220426	G12	07/04/2022
US003150307024	GD414419	1	66	Semence	07/04/2022	SAM220426	H12	07/04/2022

➤ Milieu : extractions réalisées dans la salle Extraction, dont la température est maîtrisée (21°C +/- 3°C) depuis le 05/04/2022, date d'installation du système de surveillance des températures, et génotypages réalisés dans les salles Pré-PCR génotypage et Post-PCR génotypage, dont la température est maîtrisée pour cette dernière (21°C +/- 3°C) depuis le 05/04/2022, date d'installation du système de surveillance des températures.

➤ Main d'oeuvre :

- extractions SAM220330 : Malika Merbah le 14/03/2022,
- extractions SAM220426 : Michèle Boutté le 07/04/2022,
- génotypages SAM220330 : Malika Merbah les 15/03/2022 et 16/03/2022,
- génotypages SAM220426 : Malika Merbah les 11/04/2022 et 12/04/2022,

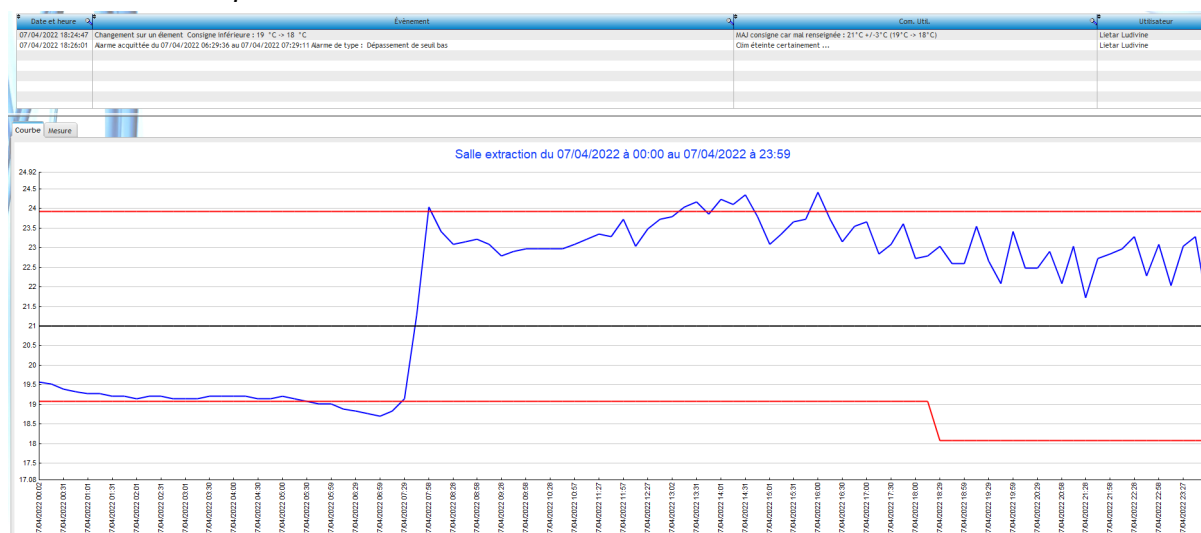
	<b>Validation de méthode</b>	Version 1.0
GDB_FORM_53	SMQ	07/02/2023
Rédaction : L. LIETAR	Vérification : K. LE ROUX, P. BOUVELLE	Approbation : C. AUDEBERT

- dosage 24 échantillons : Ludivine Liétar le 08/02/2023.

## 6.4. Résultats de l'essai - Conclusion

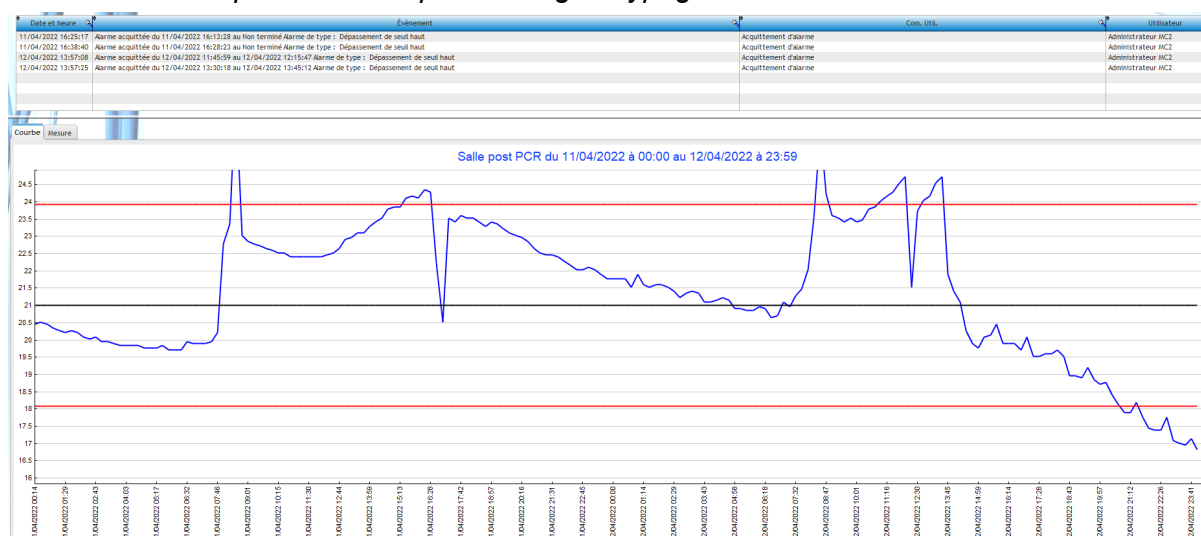
➤ Milieu :

- Variation de température salle extraction 07/04/2022




(léger dépassement -> ok spécifications conservation réactifs extraction Qiagen entre 15°C et 25°C pour les réactifs stockés dans la pièce)

- Variation de température salle post-PCR génotypage 11/04/2022 et 12/04/2022





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

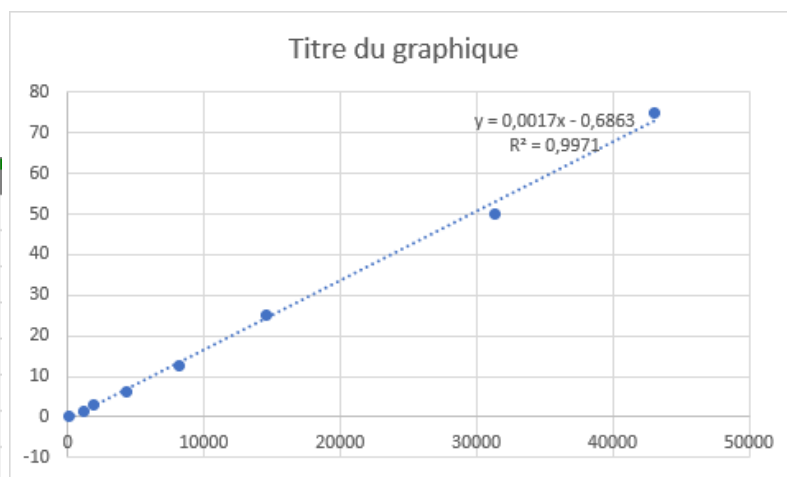
(léger dépassement -> ok spécifications conservation réactifs génotypage Illumina entre 15°C et 30°C pour les réactifs stockés dans la pièce)

➤ *Extraction échantillons :*

(fichier d'origine [Dosage validation methode extraction 080223.xlsx](#))

- *Gamme étalon :*

RFU	Concentration (ng/μL)
43091	75
31347	50
14542	25
8242	12,5
4284	6,25
1955	3,125
1141	1,5625
57	0



- *Echantillons :*


Semence SAM220426 E11-H12 (Michèle)

Semence SAM220330 D10-C11/E11-H11 (Malika)

Mesures RFU :

<>	7	8	9
A	28366	24558	38173
B	51016	33559	1523
C	46361	43373	13478
D	44731	46754	19678
E	49919	23211	41779
F	49108	21615	45309
G	41459	20641	29279
H	20861	14016	9329


Concentration (ng/μL) :

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

	7	8	9
A	47,5	41,1	64,2
B	86,0	56,4	1,9
C	78,1	73,0	22,2
D	75,4	78,8	32,8
E	84,2	38,8	70,3
F	82,8	36,1	76,3
G	69,8	34,4	49,1
H	34,8	23,1	15,2

➤ *Génotypage échantillons :*

ID	CODE BARRE	ID GENOTYPAGE	Date debut genotypage	Date de Scan	Call Rate
CA000013942572	GD414861	WG6907524-MSA7_D10	15/03/2022	16/03/2022	0,9987043
CA000014073839	GD414862	WG6907524-MSA7_E10	15/03/2022	16/03/2022	0,998588
CA000110739145	GD414863	WG6907524-MSA7_F10	15/03/2022	16/03/2022	0,9989368
CA000120096651	GD414864	WG6907524-MSA7_G10	15/03/2022	16/03/2022	0,9984053
CA000120345208	GD414865	WG6907524-MSA7_H10	15/03/2022	16/03/2022	0,9988206
CA000120345247	GD414866	WG6907524-MSA7_A11	15/03/2022	16/03/2022	0,9745345
CA000120345248	GD414867	WG6907524-MSA7_B11	15/03/2022	16/03/2022	0,9986047
CA000120345264	GD414868	WG6907524-MSA7_C11	15/03/2022	16/03/2022	0,9990698
CA000120617207	GD414870	WG6907524-MSA7_E11	15/03/2022	16/03/2022	0,9988704
CA000120617212	GD414871	WG6907524-MSA7_F11	15/03/2022	16/03/2022	0,9990033
US003224437460	GD414872	WG6907524-MSA7_G11	15/03/2022	16/03/2022	0,9989203
US003224437469	GD414873	WG6907524-MSA7_H11	15/03/2022	16/03/2022	0,9921095
IT019991894420	GD428867	WG6920953-MSA7_E11	11/04/2022	12/04/2022	0,9992676
IT004992104349	GD428868	WG6920953-MSA7_F11	11/04/2022	12/04/2022	0,9991677
IT028990476845	GD428869	WG6920953-MSA7_G11	11/04/2022	12/04/2022	0,9988514
IT034991196866	GD428870	WG6920953-MSA7_H11	11/04/2022	12/04/2022	0,9989346
IT001991322672	GD428871	WG6920953-MSA7_A12	11/04/2022	12/04/2022	0,9989346
IT034991216341	GD428872	WG6920953-MSA7_B12	11/04/2022	12/04/2022	0,9988015
IT001991277781	GD428873	WG6920953-MSA7_C12	11/04/2022	12/04/2022	0,9991344

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

IT004992042022	GD428874	WG6920953-MSA7_D12	11/04/2022	12/04/2022	0,9989679
IT018990253937	GD428875	WG6920953-MSA7_E12	11/04/2022	12/04/2022	0,9993008
IT034991251191	GD428876	WG6920953-MSA7_F12	11/04/2022	12/04/2022	0,998918
IT024990682547	GD428877	WG6920953-MSA7_G12	11/04/2022	12/04/2022	0,9988514
US003150307024	GD414419	WG6920953-MSA7_H12	11/04/2022	12/04/2022	0,9987682

Version de puce : EuroG\_MDv3\_XT\_GD

Projets Génome Studio : *indexation\_180322* et *indexation\_140422*

Fichier de clustering utilisé : *non tracé à l'époque*

Chemin d'accès du projet Génome Studio : serveur gna2gdlabo  
 \gna2gdlabo.genesdiffusion.com\Labo\genotypages\Genotypages\_SAM\SAM\_MD\_v3\Index  
 ations\2022\indexations\_mars\_2022\indexation\_180322 et  
 ... \indexations\_avril\_2022\indexation\_140422

Référence historique Galaxy : *Genotypages\_sem11\_2022* et *Genotypages\_sem15\_2022*

Informations retranscrites dans le [Fichier suivi échantillons 2022 - Gènes Diffusion](#)

➤ *Interprétation :*

- *Spécifications relatives au milieu validées*
- *Concentration en ADN : 23 échantillons sur 24 > 15 ng/μL, soit 95,8 %*
- *Call Rate > 0,95 pour l'ensemble des 24 échantillons*
- *Médiane Call Rate 48 échantillons = 0,9988942 > 0,975*

➤ *Conclusion*

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

## 7. Analyse

### 7.1. Facteurs de risques

Matériel : RAS.


Matière : RAS.

Méthode : RAS.

Milieu : *coupure de courant pouvant influencer sur la température ambiante (climatisation non reliée au circuit ondulé).*

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

### 7.2. Incertitudes

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


*La notion d'incertitude ne s'applique qu'à la seule méthode de dosage de la concentration d'ADN. A l'issue du dosage, l'incertitude de mesure, qui dépend directement du coefficient de détermination  $r^2$  associé à la réalisation de la gamme étalon, est vérifiée. Nous avons fixé un seuil d'écart toléré à 0,99, ainsi  $r^2$  doit être supérieur à 0,99 afin de valider la mesure, ce qui est le cas dans notre essai.*

### **7.3. Robustesse**

*Non vérifiée.*

### **7.4. Conclusion**

*La méthode d'extraction d'ADN sur colonnes de silice en tube à partir de semence, telle que définie dans l'essai n°1 répond aux critères de performance attendus et met en évidence l'obtention de résultats qualitativement satisfaisants.*

	<b>Validation de méthode</b>	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\_Extraction d'ADN sur colonnes de silice en tube à partir de semence\_230130\_01\_v1.0

**Intitulé de la méthode :** *extraction d'ADN sur colonnes de silice en tube à partir de semence*

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

**Vérification de la méthode :**

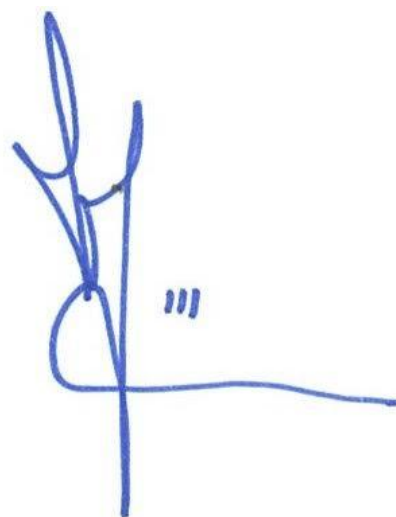
☒ **approuvée** (*enregistrements produits suffisants - critères de performance atteints et conformes aux exigences du client*)

☐ **non approuvée**

**Signature Directeur Recherche et Développement :**

Nom : Christophe AUDEBERT Date : 17/02/2023

Visa :




**Validation de la méthode :**

#### Conditions

**Domaine d'application :** *l'ensemble des prélèvements de semence bovine reçus au sein de la plateforme de génotypage GDScan.*

**Ressources humaines :**

- *personnel autorisé : personnel de la plateforme GD Scan habilité à l'extraction d'ADN*

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

- *personnel formateur : personnel de la plateforme GD Scan habilité à l'extraction d'ADN*
- *personnel à former/habiliter : RAS*
- *autre : à préciser*

**Autres conditions :** *Information au client*

**Aptitude à l'emploi :**

☒ **accordée**, mise en application à compter du : 18/02/2023

☐ **non accordée**, commentaires :

**Signature Directeur Recherche et Développement :**

Nom : Christophe AUDEBERT

Date : 17/02/2023

Visa :

