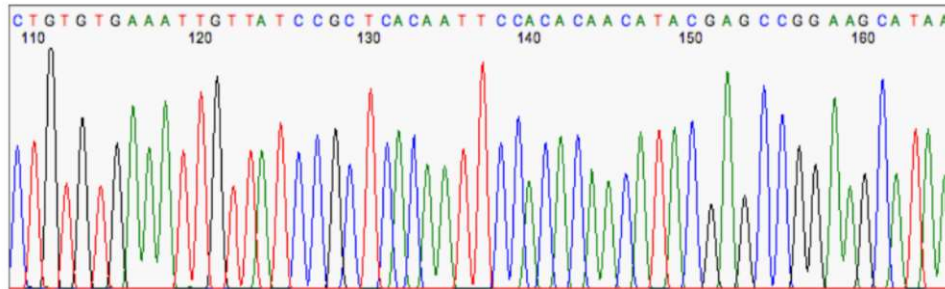


Đánh giá kết quả

✓ Chất lượng



Kết quả tốt, không "noise"

Nhờ Sanger có thể giải trình tự gen chi tiết chính xác đến từng nucleotide đó-->muốn đạt độ chính xác đó thì phải làm gì: đánh giá lưu đồ ở bên:

- Mỗi đỉnh tương ứng 1 nucleotide: kết quả bình thường, nhìn ở đáy ko có tín hiệu lỗi gì cả-->kết quả tốt