



SERVICES DE SEQUENÇAGE

Centre d'expertise et de services Génome Québec

Guide de l'utilisateur : Séquençage de type Sanger

Version 4.3

Table des matières

TABLE DES MATIÈRES	2
DEMANDE DE SERVICE	4
DEMANDE DE SOUMISSION	4
DEMANDE DE SERVICE	4
POLITIQUE DE FACTURATION	4
MODE DE PAIEMENT	5
PREPARATION ET SOUMISSION D'ÉCHANTILLONS – CONSIDERATIONS GÉNÉRALES	5
EXIGENCES DE SOUMISSION D'ÉCHANTILLONS	6
MODELES DE TUBES ET PLAQUES ACCEPTES	6
<i>Seuls formats acceptés</i>	<i>6</i>
<i>Produits recommandés à titre d'exemples</i>	<i>8</i>
ORGANISATION DES ÉCHANTILLONS ET DES AMORCES	9
<i>Tube PCR en « strip »</i>	<i>9</i>
<i>Plaque de 96 puits</i>	<i>9</i>
<i>Plaque de 384 puits</i>	<i>9</i>
<i>Exemples pour la soumission des échantillons et amorces</i>	<i>9</i>
PREPARATION DES ÉCHANTILLONS D'ADN	14
PREPARATION DES AMORCES	16
SOUSSION D'ÉCHANTILLONS	18
SOUSSION ÉLECTRONIQUE D'ÉCHANTILLONS	18
ENVOI D'ÉCHANTILLONS	18
ADRESSE POUR L'ENVOI DES ÉCHANTILLONS	18
TRANSMISSION DES RÉSULTATS.....	19
TROUBLESHOOTING ET POLITIQUE DE RE-SÉQUENÇAGE	20
POUR PLUS D'INFORMATION	21
<i>Bureau de gestion des clients</i>	<i>21</i>
<i>Service de séquençage Sanger</i>	<i>21</i>

ATTENTION!

Le service de séquençage se réserve le droit de refuser les soumissions d'échantillons qui ne respectent pas les exigences décrites dans le présent document et ce sans aucune compensation.

Demande de service

Demande de soumission

Pour connaître les prix ou obtenir un devis pour un service, communiquer avec le Bureau de gestion des clients :

Téléphone : 514-398-7211

Courriel : infoservices@genomequebec.com

Demande de service

Pour effectuer une demande de services :

1. Télécharger le [Formulaire de demande de services de séquençage](#).
2. Remplir le formulaire en prenant soin de suivre les instructions mentionnées dans celui-ci.
3. Imprimer, signer et envoyer le formulaire complété par courriel au [Bureau de gestion des clients](#)
 - a. Une copie des formulaires d'approbation d'un comité d'éthique si les échantillons soumis ont été obtenus à partir de sujets humains.
 - b. Un bon de commande, s'il s'agit du mode de paiement choisi.

Note : Dans un délai de 24 heures, un courriel automatisé provenant de Nanuq sera envoyé au client avec son nom d'utilisateur et son mot de passe. Le client pourra alors soumettre des échantillons en ligne dans [Nanuq](#).

Politique de facturation

Le service de séquençage Sanger facture les travaux réalisés à intervalles réguliers :

- Chaque semaine, lorsque les soumissions d'un projet totalisent 60 échantillons et plus.
- À la fin du mois, lorsque les soumissions d'un projet totalisent moins de 60 échantillons.

Les informations nécessaires à la facturation doivent être indiquées sur le [Formulaire de demande de service de séquençage](#).

Mode de paiement

Le paiement de factures peut se faire par :

- Chèque (bon de commande obligatoire à indiquer dans le formulaire de soumission d'échantillons)
- Carte de crédit
- Virement bancaire

Voir le détail dans les [Instructions de paiement](#).

Important:

Dans le cas de paiement par carte de crédit, par mesure de sécurité, ne pas inscrire de numéro de carte de crédit dans le formulaire de demande de service.

Préparation et soumission d'échantillons – Considérations générales

Il est indispensable de suivre attentivement les instructions de préparation et de soumission des échantillons mentionnées dans ce guide de l'utilisateur afin d'éviter tout délai dans le traitement des demandes.

Il est à noter que le délai de séquençage est de 2 à 4 jours ouvrables suivant la réception des échantillons. Toutefois, la vitesse de traitement des échantillons varie en fonction de la demande.

Exigences de soumission d'échantillons

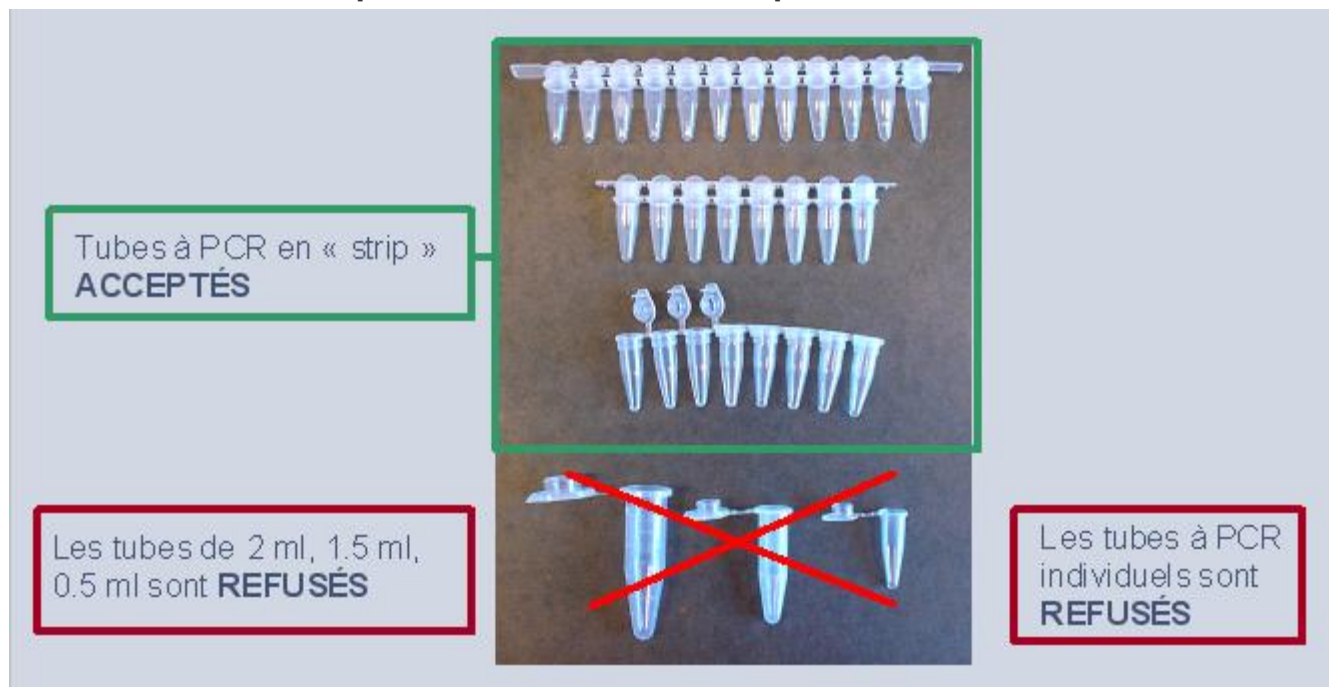
Modèles de tubes et plaques acceptés

Seuls certains modèles de tubes et de plaques sont acceptés afin d'être compatible avec les procédures du service de séquençage.

Seuls formats acceptés

- [Tubes PCR en « strip »](#)
- [Plaques PCR de 96 puits](#)
- [Plaques PCR de 384 puits](#)

Tubes à PCR en « strip » avec bouchons en « strip »



Plaques à PCR de 96 puits à demi-jupe ou sans jupe

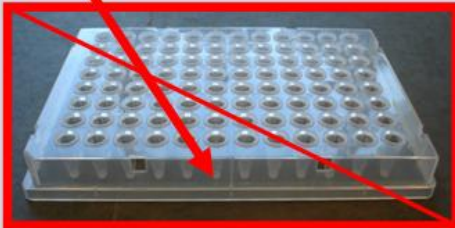
IMPORTANT!

Une plaque de 96 puits doit obligatoirement être utilisée pour toutes soumissions de 48 échantillons et plus.

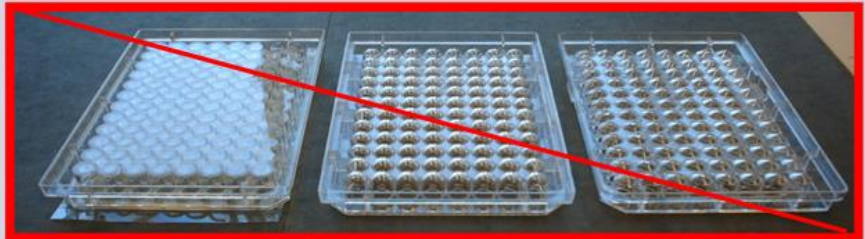
Plaques à PCR de 96 puits à demi-jupe ou sans jupe
ACCEPTÉES



Les plaques à PCR à jupe complète sont **REFUSÉES**



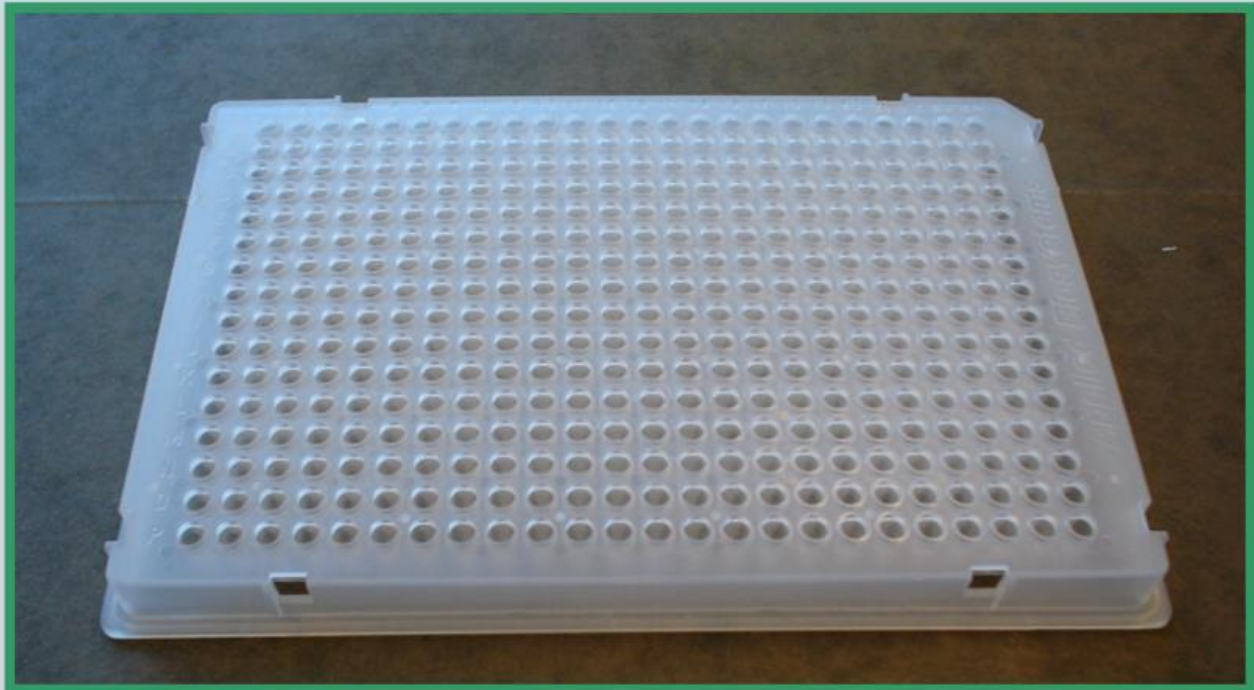
Les autres types de plaques (stockage, culture cellulaire) à fond plat, en U ou en V sont **REFUSÉES**



Plaques à PCR de 384 puits

Les plaques à PCR de 384 puits sont à utiliser seulement dans le cas de soumission de plaques pleines.

Plaque à PCR de 384 puits **ACCEPTÉ**



Produits recommandés à titre d'exemples

- Tubes PCR en « strip » :
 - VWR, 0,2 ml PCR strip tubes with 12 well, numéro de catalogue : 53509-300
 - VWR, strip domed caps for 12 well strips, numéro de catalogue : 53509-302
- Plaques PCR de 96 puits : Thermo Scientific, semi-skirted 96-well PCR plate, numéro de catalogue: AB-1400-L
- Plaques PCR de 384 puits : Thermo Scientific, 384-well PCR plate, numéro de catalogue : AB-2384
- Scellant pour plaque: Thermo Scientific, Adhesive Sealing Sheets, numéro de catalogue : AB-0558

IMPORTANT!

- Eviter les scellants en aluminium et les scellants qui ne supportent pas la congélation.

Certains mix de Taq polymérase contiennent des additifs qui détruisent la colle des scellants à plaques, entraînant des fuites et de la contamination croisée. **Il est donc recommandé dans ce cas de sceller les**

plaques de 96 puits à l'aide de bouchons en strip de 8 ou de 12 qui assurent l'étanchéité de chaque puits.

Organisation des échantillons et des amorces

Tube PCR en « strip »

Regrouper tous les échantillons les uns à la suite des autres en identifiant les tubes par le nom des puits correspondants sur le formulaire de soumission d'échantillons : A01, A02, A03, *etc.*

Procéder de la même façon avec les amorces qui doivent être aliquotées dans autant de tubes PCR en « strip » qu'il y a d'échantillons à séquencer et ceci dans le même ordre que les échantillons auxquels elles correspondent. Les tubes doivent être identifiés par le nom des puits correspondant sur le formulaire de soumission d'échantillons.

Plaque de 96 puits

Placer les échantillons les uns à la suite des autres en commençant par les puits A01 à A12, puis B01 à B12, *etc.*, en suivant l'ordre de la plaque.

Les amorces doivent être aliquotées dans autant de puits qu'il y a d'échantillons à séquencer et ceci dans le même ordre que les échantillons auxquels elles correspondent.

Elles peuvent être placées dans la même plaque que les échantillons. Cependant les amorces doivent être aliquotées à la suite du lot complet d'échantillons, en commençant dans le premier puits de la rangée au-dessous des derniers échantillons.

Pour une soumission de plus de 48 échantillons, elles seront placées dans une autre plaque. (Voir fichiers d'exemple ci-après)

La plaque 1 du formulaire de soumission d'échantillons doit être remplie avant de placer des échantillons dans la plaque 2.

Plaque de 384 puits

Seules les plaques pleines de 384 échantillons peuvent être soumises en plaques de 384 puits.

Les amorces doivent être aliquotées dans une plaque de 384 puits dans le même ordre que les échantillons auxquels elles correspondent.

Exemples pour la soumission des échantillons et amorces

Si un échantillon doit être séquencé avec deux amorces ou plus, l'échantillon doit être aliquoté dans autant de tubes (ou puits) qu'il y a d'amorces. (Voir [image ci-après](#))

Si une amorce doit être utilisée pour deux échantillons ou plus, l'amorce doit être aliquotée dans autant de tubes (ou puits) qu'il y a d'échantillons à séquencer. (Voir [image ci-après](#))

Si les échantillons soumis sont de différents types (plasmides, PCR purifiés, PCR non purifiés, phage ou BAC), les échantillons doivent être regroupés par type d'ADN soumis. (Voir [image ci-après](#))

Si une partie des amorces requises sont des amorces fournies par le service de séquençage (voir section [Préparation des amorces](#)), les échantillons correspondants doivent être regroupés par amorce. (Voir [image ci-après](#))

Soumission des échantillons et des amorces

Microsoft Excel - Formulaire de soumission d'échantillons en strip.xls

Arial 10 B I U | \$ % | Type a question for help

File Edit View Insert Format Tools Data Window Help

G56

A	B	C	D	E	F	G
1 Formulaire de soumission d'échantillons pour séquençage - Plaque de 96 puits ou tubes - Service de séquençage						
2 Version 1.6f						
3 Type de service: Séquençage						
4 Type de projet: Séquençage						
5 Instructions Tout les champs sont obligatoires à l'exception des colonnes 'Information sur ADN' et 'Numéro de bon de commande'						
6 Si le type d'ADN est 'Amorce', seules les informations dans les colonnes 'Nom d'échantillon' et 'Nom de projet' sont requises						
7 Les noms ne doivent pas excéder 50 caractères et peuvent seulement contenir des caractères alphanumériques incluant les 3 caractères suivants: - (tiret), _ (souligné) et . (point)						
8						
9 Concentrations et quantités requises par échantillon à séquençer						
10 Plasmide / Phage	PCR non purifié	PCR purifié	BAC	Amorce		
11 5 µl minimum	20 µl minimum	5 µl minimum	15 µl minimum	10 µl minimum		
12 100 à 500 ng/µl	5 ng à 25 ng selon la taille du produit	5 ng à 25 ng selon la taille du produit	500 ng/µl minimum	5 µM		
13 Format de soumission exigé: tous les échantillons doivent être soumis en plaque PCR de 96 puits ou s'il y a moins de 48 échantillons, ils peuvent être soumis en "strip tubes". * les tubes de type Eppendorf de 1.5 ml et 0.6 ml sont strictement interdits*						
14						
15 Numéro de bon de commande			PO12345			
16						
17 1 - Nom de plaque ou d'ensemble de tubes			exemple1_25.45.89			
18						
Puits	Nom d'échantillon	Amorce	Nom de projet	Type d'ADN	taille du fragment (paires de base)	Information sur ADN
20 A01	PCR1_P1	P1	exemple	PCR non purifié	500	
21 A02	PCR1_P2	P2	exemple	PCR non purifié	500	
22 A03	PCR1_P3	P3	exemple	PCR non purifié	500	
23 A04	PCR2_P1	P1	exemple	PCR purifié	650	
24 A05	PCR2_P2	P2	exemple	PCR purifié	650	
25 A06	PCR2_P3	P3	exemple	PCR purifié	650	
26 A07	plasmide1_T7	T7	exemple	Plasmide	10000	
27 A08	plasmide1_T3	T3	exemple	Plasmide	10000	
28 A09	plasmide2_M13F	M13F	exemple	Plasmide	10000	
29 A10	plasmide2_M13R	M13R	exemple	Plasmide	10000	
30 A11						
31 A12						
32 B01	P1		exemple	Amorce		
33 B02	P2		exemple	Amorce		
34 B03	P3		exemple	Amorce		
35 B04	P1		exemple	Amorce		
36 B05	P2		exemple	Amorce		
37 B06	P3		exemple	Amorce		
38 B07						
39 B08						
40 B09						
41 B10						
42 B11						
43 B12						
44 C01						
45 C02						
46 C03						

Amorces fournies par le Service de Séquençage
T7, T3, SP6, M13F, M13R, BGHreverse, T7 terminateur

Organisation physique des échantillons et des amorces

Les échantillons et les amorces doivent être organisés exactement comme dans le formulaire de soumission d'échantillons.

Les échantillons sont placés dans les tubes A01 à A10.

Les amorces sont placées dans les tubes B01 à B06.

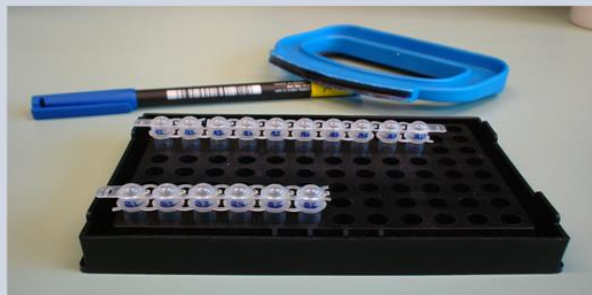
Identifier clairement les échantillons et bien sceller les plaques et/ou les tubes.

Identifier clairement le numéro du puits sur chaque tube : A01, A02, A03, etc.

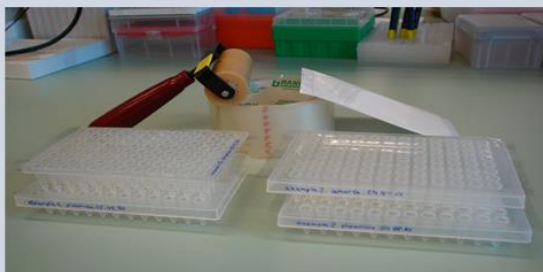
Comment identifier et fermer vos plaques et tubes à PCR

Les tubes d'échantillons et d'amorces doivent être identifiés avec le nom des puits correspondant sur le formulaire de soumission d'échantillons: A01, A02, A03, etc.

Les tubes à PCR en « strip » doivent être correctement fermés de façon à éviter l'évaporation qui pourrait nuire à vos résultats de séquençage. Pour cela, utiliser les bouchons en « strip » adéquats.



Pour 48 échantillons et plus, vous devez obligatoirement soumettre en plaques de 96 puits.



Identifier les plaques (et pas le couvercle ou le scellant) avec le même nom que celui sur votre formulaire de soumission d'échantillons.

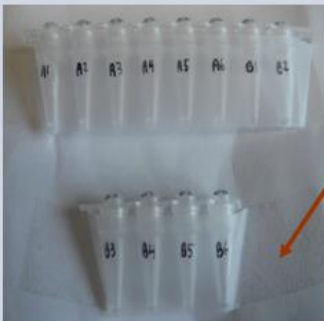
Les plaques doivent être correctement scellées de façon à éviter l'évaporation qui pourrait nuire à vos résultats de séquençage. Pour cela utiliser un scellant pour plaque suffisamment adhésif et qui résiste à la congélation que vous aurez pris soin de coller au niveau de chaque puits.

NB: Certains mix de Taq polymérase contiennent des additifs qui détruisent la colle des scellants à plaques, entraînant des fuites et de la contamination croisée. Il est donc recommandé dans ce cas de sceller les plaques à l'aide de bouchons en strip de 8 ou de 12 qui assurent l'étanchéité de chaque puits.

ATTENTION!

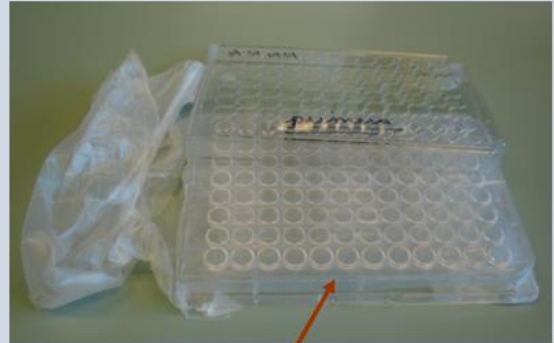
Ne pas utiliser de Parafilm, ni de ruban adhésif pour sceller ou grouper ensemble des plaques et/ou des tubes.

A NE PAS FAIRE

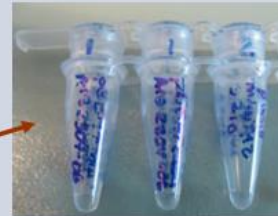


Tubes parfaitement identifiés et fermés, mais en les décollant de la feuille sur laquelle ils sont attachés l'écriture va s'effacer

Tubes identifiés de façon ILLISIBLE avec le nom complet de l'échantillon partiellement effacé



Le parafilm n'est pas suffisant pour empêcher l'évaporation et la contamination croisée.
Identifier le couvercle n'est pas suffisant car une fois retiré, la plaque ne porte aucun identifiant.



Formulaire de soumission d'échantillons

Compléter le formulaire de soumission d'échantillons tel que recommandé ci-après.

Formulaire de soumission d'échantillons pour séquençage - Plaque de 96 puits ou tubes - Service de séquençage
 Version 1.6f
 Type de service: Séquençage
 Type de projet: Séquençage

Instructions: Tout les champs sont obligatoires à l'exception des colonnes 'Information sur ADN' et 'Numéro de bon de commande'.
 Si le type d'ADN est 'Amorce', seules les informations dans les colonnes 'Nom d'échantillon' et 'Nom de projet' sont requises.
 Les noms ne doivent pas excéder 50 caractères et peuvent seulement contenir des caractères alphanumériques incluant les 3 caractères suivants: - (tiret), _ (souligné) et (point).

Concentrations et quantités requises par échantillon à séquençer

Plasmide / Phage	PCR non purifié	PCR purifié	BAC	Amorce
			10 µl minimum	10 µl minimum
			500 ng/µl minimum	5 µM

Amorces fournies par le Service de Séquençage: T7, T3, SP6, M13F, M13R, BGHreverse, T7 terminator

Numéro de bon de commande fourni par le service comptable de votre institution: PO12345

Nom de plaque ou d'ensemble de tubes: Inscrivez un nom unique pour chaque plaque ou ensemble de tubes. Exemple: 25.45.89

Tableau des Puits:

Puits	Nom d'échantillon	Amorce	Nom de projet	Type d'ADN	Taille du fragment	Paire de bases	Information sur ADN
A01	PCR1_P1	P1	exemple	PCR non purifié	500		
A02	PCR1_P2	P2	exemple	PCR non purifié	500		
A03	PCR1_P3	P3	exemple	PCR purifié	850		
A04	PCR2_P1	P1	exemple	PCR purifié	850		
A05	PCR2_P2	P2	exemple	PCR purifié	850		
A06	PCR2_P3	P3	exemple	PCR purifié	850		
A07	plasmide1_T7	T7	exemple	Plasmide	10000		
A08	plasmide1_T3	T3	exemple	Plasmide	10000		
A09	plasmide2_M13F	M13F	exemple	Plasmide	10000		
A10	plasmide2_M13R	M13R	exemple	Plasmide	10000		
B01	P1		exemple	Amorce			
B02	P2		exemple	Amorce			
B03	P3		exemple	Amorce			
C01	P1		exemple	Amorce			
C02	P2		exemple	Amorce			
C03	P3		exemple	Amorce			

Nom d'échantillon: Inscrivez un nom unique pour chaque échantillon pour que vous puissiez distinguer les séquences d'un même échantillon faites avec différentes amorces par exemple.

Amorce: Entrez un seul nom d'amorce par cellule.

Type d'ADN: Ne pas taper directement dans la cellule, vous devez utiliser le menu déroulant. Si le type d'ADN est 'Amorce', seuls les informations sous les colonnes de nom d'échantillon et de projet sont requis.

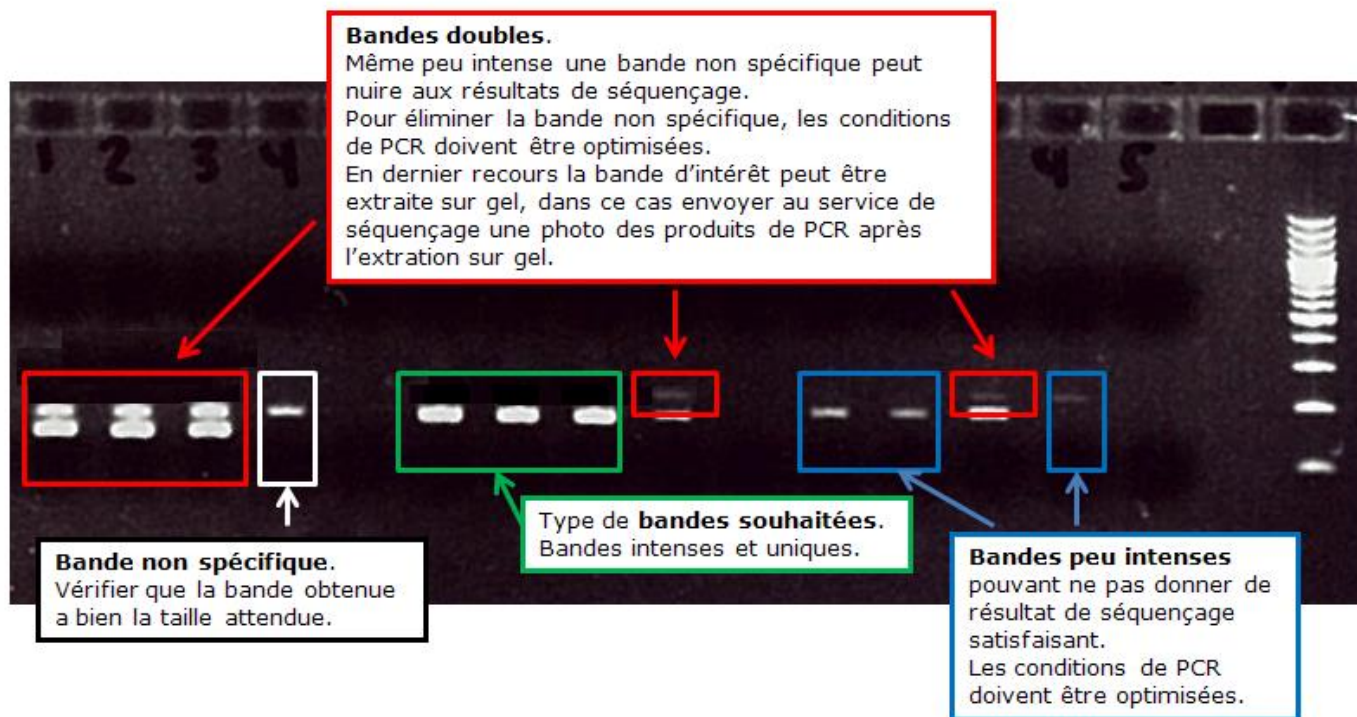
Taille du fragment: Si le type d'ADN est 'BAC' la taille du fragment devrait se situer entre 60 000 et 250 000 paires de bases. Indiquer la taille de vos fragments de PCR.

Nom de projet: Inscrivez le nom de projet que vous avez choisi lors de l'ouverture de votre compte.

Préparation des échantillons d'ADN

Volumes et quantités requis par échantillon à séquencer :

	Volume	Concentration
Produits de PCR non purifiés*	20 µl minimum	<p>Les amplifications PCR doivent être vérifiées par migration sur gel d'agarose et une copie de la photo du gel doit être envoyée au service de séquençage avec les échantillons.</p> <p>Les produits de PCR de moins de 250 pb donnent des séquences de moindre qualité en raison d'un phénomène de saturation (plus les fragments sont petits plus ils sont, en général, concentrés et plus le signal de la séquence obtenue est intense) et de compression des bases qui se produit au début et à la fin de toutes les séquences (phénomène relié à l'électrophorèse en capillaires des séquenceurs 3730xl d'ABI).</p> <p>Des produits de PCR de plus de 2000 pb pourraient être difficiles à séquencer, la concentration d'ADN devenant un facteur limitant. En effet plus un produit de PCR est long plus sa concentration doit être élevée pour obtenir un résultat de séquençage satisfaisant.</p>
Produits de PCR purifiés	7,5 µl minimum	



	Volume	Concentration
ADN plasmidique ou phage	7,5 µl minimum	100–500 ng/µl
Extrémités de BAC/PAC	20 µl minimum	500 ng/µl minimum

* La purification des produits de PCR pour enlever les dNTPs non-incorporés et les amorces résiduelles est incluse dans le service de séquençage.

- Pour les produits de PCR à purifier, il est de la responsabilité du client de s'assurer de fournir un produit de PCR ne comprenant qu'un seul produit d'amplification (une bande unique sur gel) car les fragments contaminants ne sont pas éliminés lors de la purification.
- Pour l'ADN plasmidique, attention de ne laisser aucune trace de phénol/chloroforme ou d'éthanol lors de l'extraction. Pour resuspendre l'ADN, il est recommandé d'utiliser du 10 mM Tris-HCl pH 8 ou de l'eau. Éviter absolument les solutions contenant de l'EDTA.
- Il est très important de vérifier la qualité et la concentration des échantillons, même si la plupart des kits commerciaux d'extraction d'ADN donnent de bons résultats lorsqu'ils sont utilisés selon les directives du fabricant. Le rapport DO260/DO280 doit être compris entre 1,9 et 1,7.

IMPORTANT!

Il est de la responsabilité du client de fournir des échantillons de bonne qualité et en quantité suffisante (Voir [Troubleshooting](#)).

Préparation des amorces

Volume et quantité requis par échantillon à séquencer:

	Volume	Concentration
Amorce	10 µl	5 µM

Le service de séquençage offre gratuitement les amorces universelles suivantes:

T7	5' - TAATACGACTCACTATAGGG - 3'
T3	5' - AATTAACCCTCACTAAAGGG - 3'
SP6	5' - TATTTAGGTGACACTATAG - 3'
M13 forward	5' - GTAAAACGACGGCCAGT - 3'
M13 reverse	5' - GGAAACAGCTATGACCATG - 3'
BGH reverse	5' - TAGAAGGCACAGTCGAGG - 3'
T7 terminateur	5' - GCTAGTTATTGCTCAGCGG - 3'
pGEXF	5' - GGGCTGGCAAGCCACGTTTGGTG - 3'
pGEXR	5' - CCGGGAGCTGCATGTGTCAGAGG - 3'
CMV-F	5' - CGC AAA TGG GCG GTA GGC GTG - 3'

Prendre en considération les éléments suivants lors du choix de l'amorce à utiliser pour le séquençage :

- Les séquences obtenues ne sont clairement lisibles que 30 à 60 bases après l'amorce.
- A partir d'échantillons de bonne qualité et en quantité suffisante, des séquences de bonne qualité de 800 pb peuvent être obtenues.
- Il est de la responsabilité du client de déterminer quelles sont les amorces requises pour le séquençage des échantillons.

Le design de l'amorce peut avoir un impact significatif sur la qualité des séquences :

- La taille de l'amorce devrait être entre 18 et 24 bases
- Le ratio G/C devrait être de 40 à 60%.
- La température d'hybridation de l'amorce doit être supérieure à 50°C.
- Le design d'amorces en amont de régions homo ou hétéropolymériques (répétition de A, C, G ou T) doit être évité car ces régions sont extrêmement difficiles à séquencer.

Note:

Le service de séquençage n'offre pas de service de synthèse d'amorces.

Le site suivant est recommandé pour le design des amorces : <http://frodo.wi.mit.edu/primer3/>

Soumission d'échantillons

Soumission électronique d'échantillons

Tous les échantillons à séquencer doivent être soumis via l'application Web **Nanug** pour laquelle le client aura obtenu un accès lors de l'ouverture de son compte de séquençage.

[PDF] [« Comment soumettre des échantillons »](#)

Envoi d'échantillons

IMPORTANT!

Tous les échantillons doivent obligatoirement être accompagnés du bordereau d'expédition obtenu lors de la soumission en ligne.

Le service de séquençage n'est pas responsable du délai d'acheminement, des échantillons réceptionnés dans un mauvais état (tubes « strip » ou plaques brisés, échantillons évaporés, *etc.*), ni du délai supplémentaire de traitement occasionné par des envois mal identifiés.

Tous les échantillons seront conservés à 4°C pour un maximum de 2 semaines après le séquençage. Les échantillons non-réclamés seront détruits après ce délai.

Adresse pour l'envoi des échantillons

L'adresse de livraison ainsi que des directives concernant l'acheminement de vos échantillons se trouvent sur le bordereau d'expédition.

Transmission des résultats

Les résultats de séquençage sont directement accessibles par l'application Web [Nanuq](#). Les chromatogrammes et les séquences textes peuvent y être visualisés (format FASTA ou GenBank) et être téléchargés localement.

Les séquences téléchargées peuvent être visualisées en utilisant une version gratuite de Chromas pour PC disponible sur internet : <http://www.technelysium.com.au/chromas.html>

Un message automatisé provenant de Nanuq est envoyé à la personne ayant effectué la soumission dès que les séquences sont disponibles.

Le délai de séquençage est normalement de 2 à 4 jours ouvrables suivant la réception des échantillons. Toutefois, la vitesse de traitement des échantillons peut varier en fonction de la demande. Il est indispensable de suivre les directives afin d'éviter tout délai dans le traitement de la demande.

Toutes les séquences seront conservées et accessibles par l'application Nanuq pour une durée minimale d'un an. Les séquences seront par la suite archivées mais resteront accessibles sur demande. Les fichiers peuvent également être retirés de Nanuq à la demande du client.

Troubleshooting et politique de re-séquençage

A partir d'échantillons de bonne qualité et en quantité suffisante, les séquences obtenues devraient être de bonne qualité jusqu'à 800 pb.

Les petits produits de PCR (moins de 250 pb) donnent des séquences de moindre qualité en raison d'un phénomène de saturation (plus les fragments sont petits plus les séquences obtenues sont intenses) et du phénomène de compression des bases qui se retrouve au début de toutes les séquences (phénomène relié à l'électrophorèse en capillaires des séquenceurs 3730xl d'ABI).

Pour en savoir davantage sur le « troubleshooting », consulter le tutoriel suivant :

[PDF] [Tutoriel d'interprétation des résultats et « troubleshooting »](#)

Note : En cas d'échec du séquençage, un nombre limité d'échantillons sera répété à la demande du client sans frais à des fins de test.

S'il est déterminé que les réactions n'ont pas fonctionné en raison d'un problème d'équipement, de la trousse de réaction de séquençage ou d'une erreur humaine, les réactions seront répétées sans frais.

Si les échecs sont dus à :

- Non respect des exigences
- Piètre qualité de l'ADN
- Piètre qualité de l'amorce
- Présence de structures secondaires
- Présence de régions homo ou hétéropolymériques
- Échantillons ayant subi un traitement particulier (ex. : ADN traité au bisulfite)

Les réactions mêmes échouées sont de la responsabilité du client et seront facturées.

Pour toutes questions concernant les résultats, contacter le [Service de séquençage](#).

Pour plus d'information

Bureau de gestion des clients

Téléphone : 514-398-7211

Courriel : infoservices@genomequebec.com

Service de séquençage Sanger

Téléphone : 514-345-4931, poste 3088

Courriel : sangersequencing@genomequebec.com