

CD19	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	
	clone refait en nov: clone C OK	non attendu					
	protéine 100% homologie						
CD20	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	
	3 clones envoyés au séquençage: isoforme (bizarre pour rate), reclonage en cours	non attendu					
Dclre1b	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	
	clone B OK	clone A OK	clone A OK	clone A OK	clone A OK	clone A OK	
	reclonage en nov: même forme retrouvée dans toutes les conditions: correspondant au BC avec 1 mutation d'1NT en 242 (C<T); cependant j'aurais dû prendre comme ref la forme plus longue NM_001025687 1626NT contre 930Nt pour le BC. Voir si nécessaire de cloner cette forme						
Dclre1c	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	
	clone C OK	clone A OK	clone A OK	2 clones envoyés: délétion	2 clones envoyés: délétion	clone refait en dec : clone B Ok	
	protéine 100% homologie	protéine 100% homologie	protéine 100% homologie		1 mutation d'1aa homologie 99,86%		
Dntt	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	
	clone B OK	de nombreux essais mais non concluants					
	mutation d'1aa						
Gfap	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	
	non attendu	clone A OK	clone A OK	clone A OK	clone A OK	clone A OK	
même forme retrouvée OK: protéine 100% homologie							
Lig4	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	
	clone C OK	de nombreux essais mais non concluants			forme tronquée: amorce Fwd se met plus loin dans la séquence		gene sans intron: à partir de cDNA non digéré DNase
	protéine 100% homologie						
Nhej1	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	
	forme bizarre avec délétion en tout début de séquence reclonage en cours	clone A OK	clone B OK	clone A OK	clone C OK	clone A OK	
		même forme retrouvée OK protéine 100% homologie					
	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	

Rag1	clone A Ok	de nombreux essais mais non concluants			clone B Ok		gene sans intron: à partir de cDNA non digéré DNase
	même forme que CTX: mutation 1aa				même forme que rate: mutation 1aa		
Rag2	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	gene sans intron: à partir de cDNA non digéré DNase
	clone B: mutation engendrant un stop précoce confirmé en séq int, <u>autre clone fait et envoyé au seq</u>	clone C Ok			clone B Ok		
		protéine 100% homologie			protéine 100% homologie		
Xrcc4	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	
	Ok avec 3 mutations au niv prot par rapport à ref prot, même forme que dans DiT24h	avec une délétion engendrant un stop	même forme que la rate: Ok avec 3 mutations au niv prot par rapport à ref prot, même forme que dans DiT24h	Ok seulement 1 mutation au niveau protéique par rapport à ref prot, même forme que SP et CTX	Ok seulement 1 mutation au niveau protéique par rapport à ref prot même forme que DiT48h et CTX	Ok seulement 1 mutation au niveau protéique par rapport à ref prot même forme que DiT48h et SP	
Xrcc5	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	
	clone B	clone B	clone C	clone A	clone B	clone B	
	Ok avec mutation d'1aa en 639 C<R			délétion en début de séquence	Ok avec mutation d'1aa en 639 C<R		
Xrcc6	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	
	clone B Ok	clone A Ok			clone A Ok	clone A Ok	
	protéine 100% homologie	protéine 100% homologie	mauvais séquençage ou pas envoyé en interne		protéine 100% homologie	un "N" subsiste au séquençage sinon 100% d'homologie	
Pol L	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	
	Délétion engendrant stops précoces	protéine 100% homologie	fome tronquée		protéine 100% homologie		
Pol M	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	
	clone A refait en dec Ok	clone E Ok	clone B refait en dec Ok	mauvais	clone E Ok	mauvais	
	protéine 100% homologie	protéine 100% homologie	protéine presque 100% homologie (juste 1"N" subsiste)		protéine 100% homologie		

	Rag 1			
clone envoyé	rate clone A	CTX clone A	clone envoyé	rate clone B
vecteur	FlagBirA	FlagBirA	vecteur	FlagBirA
date séquençage	25/11/2020 + 21/12/2020		date séquençage	11/26/2020
séquençage Fwd	891NT	868NT	séquençage Fwd	846NT
séquençage Rev	1011NT	829NT	séquençage Rev	943NT
taille du CDS	3123NT		taille du CDS	
séquençage couvrant entre les sites de restriction	oui avec amorces internes mais séquençage Rev avec N	oui avec amorces internes	séquençage couvrant entre les sites de restriction	oui mais N au milieu
CDS	NM_053468		CDS	
séquençage par rapport CDS	100% de la séquence est couverte à 99,55% d'identité	100% de la séquence est couverte à 98,87% d'identité	séquençage par rapport CDS	100% de la séquence est couverte à 99,18% d'identité
remarque séquençage NT	quelques mutations	quelques mutations	remarque séquençage NT	mutation T<G en 1414 confirmée en séquençage interne
ref prot	NP_445920		ref prot	
séquençage par rapport ref prot	100% de la séquence couverte à 99,04% d'homologie, en 509 A>V	100% de la séquence couverte avec 99,90% d'homologie, en 509 A>V	séquençage par rapport ref prot	100% de la séquence couverte avec 99,62% d'homologie: mais stop précoce
conclusion	OK avec même mutation d'1aa		conclusion	mauvais: stop précoce

Rag2				
DiT0 clone A	DiT0 clone C	CTX clone A	CTX clone B	clone envoyé
FlagBirA		FlagBirA	FlagBirA	vecteur
25/11/2020+ 21/12/2020	25/11/2020+ 21/12/2020	04/12/2020 + 21/12/2020	04/12/2020 + 21/12/2020	date séquençage
949NT		873NT	963NT	séquençage Fwd
reséquençage		1050NT	1082NT	séquençage Rev
	1584NT			taille du CDS
oui	oui	oui	oui	séquençage couvrant entre les sites de restriction
NM_001100528				CDS
100% de la séquence est couverte à 99,81% d'identité	100% de la séquence est couverte à 99,94% d'identité	100% de la séquence est couverte à 99,75% d'identité	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	séquençage par rapport CDS
en 576 T<A et 1143 A<G	441 :T<C	576 T<A et 1143 A<G		remarque séquençage NT
NP_001093998.1				ref prot
100% de la séquence couverte avec 99,43% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 99,62% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	séquençage par rapport ref prot
a l'air aussi OK mais meilleur séquençage cl B	OK	Ok mais 1 mutation en 391 T<I	OK	conclusion

Dntt			Lig4
rate clone A	rate clone B	clone envoyé	rate clone C
FlagBirA	FlagBirA	vecteur	FlagBirA
12/4/2020	12/21/2020	date séquençage	04/12/2020 + 21/12/2020
690NT	851NT	séquençage Fwd	935NT
991NT	1086NT	séquençage Rev	997NT
1532NT	1110NT	taille du CDS	2735NT
oui	oui avec séquençage interne	séquençage couvrant entre les sites de restriction	oui avec séquençage interne
NM_001012461		CDS	NM_001106095
milieu de séquence à séquencer avec amorce interne	100% de la séquence est couverte à 99,74% d'identité	séquençage par rapport CDS	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité
chute du séquençage ou mauvais clone: petit décalage en milieu de séquence	4 mutations d'1 NT	remarque séquençage NT	
NP_001012479.1		ref prot	NP_001099565.1
	100% de la séquence couverte avec 99,80 % d'homologie mutation d'1 aa en 146 P>L	séquençage par rapport ref prot	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie
autre clone envoyé	OK avec 1 mutation d'1aa	conclusion	OK

CDS9			CDS8						Glfp + glul fibillary acidic protide delta										Nha1> Nhl-protein communis																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																
clone enregistré	rate clone A	rate clone C	rate clone A	rate clone C	rate clone D	clone enregistré	DT2 clone A	DT2&LPS clone A	DT4&Mla clone A	SP clone A	CTX clone A	clone enregistré	rate clone A	rate clone B	DT2 clone A	DT2&LPS clone B	DT4&Mla clone A	SP clone C	CTX clone A																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																</

	Dichrois - DNMT1 homolog B; DNA cross-link repair 1B protein												
clone envoyé	rate clone B	rate clone B nouveau clone	DT0 clone C	DT0 clone A nouveau clone	DT24bLPS clone C	DT24bLPS clone A nouveau clone	DT48bMix clone A	SP clone B	SP clone A nouveau clone	CTX clone A	CTX clone A nouveau clone	clone envoyé	
vecteur	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A				vecteur	
date séquençage	10/26/2020	12/8/2020	10/26/2020	12/8/2020	10/26/2020	12/8/2020	10/26/2020	10/26/2020	10/26/2020	10/26/2020		date séquençage	
séquençage For	jusqu'à 867NT	9218NT	jusqu'à 581NT		la réaction de séquençage n'a pas fonctionné, renvoyée la 09/11, échec à nouveau	jusqu'à 747NT	jusqu'à 853NT		jusqu'à 747NT			séquençage For	jusqu'à 867NT
séquençage Rev	toute la séquence: 935NT	107NT	jusqu'à 581NT		jusqu'à 774NT	jusqu'à 747NT	jusqu'à 827NT		jusqu'à 747NT			séquençage Rev	104NT
taille du CDS					935NT							taille du CDS	20097nt
séquençage couvert entre les sites de restriction	oui	oui	oui		non	oui		oui avec le Rev		oui		séquençage couvert entre les sites de restriction	oui avec seq int
remarque	en position 241, C+T en position 241, C+T				séquence tronquée: 542NT au lieu de 550N; manque entre NT 197-545	séquence tronquée du mauvais séquençage: refaire le clonage	séquence tronquée: 747NT au lieu de 550, il manque 183NT au milieu entre NT 521-545 et en 241 C+T	séquence tronquée de 2NT en 525-536 et en 241 C+T	séquence tronquée: 747NT au lieu de 550, il manque 183NT au milieu entre NT 521-545 et en 241 C+T	longue séquence qui nécessite des amorces internes pour séquencer le milieu de séquence			
CDS						BC228939						CDS	NM_147145
séquençage par rapport CDS	100% de la séquence est couverte à 99,89% d'identité	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité mais tronquée	100% de la séquence est couverte à 99,89% d'identité	100% de la séquence est couverte à 99,89% d'identité	100% de la séquence est couverte à 99,89% d'identité	100% de la séquence est couverte à 99,89% d'identité	100% de la séquence est couverte à 99,89% d'identité	100% de la séquence est couverte à 99,89% d'identité	100% de la séquence est couverte à 99,89% d'identité	100% de la séquence est couverte à 99,89% d'identité	séquençage par rapport CDS	100% de la séquence est couverte à 99,17% d'identité
remarque séquençage NT	241 C+T recoude dans séquences DNMBEL	241 C+T	refaire clonage	241 C+T		241 C+T	100% de la séquence est couverte à 99,87% d'identité avec forme variant X3 qui a une séquence plus longue	241 C+T	Même séquence que pour 48bMix: 100% de la séquence est couverte à 99,87% d'identité avec forme variant X3 qui a une séquence plus longue	241 C+T		remarque séquençage NT	manque "9NT" vers 1500 confirmé avec le séquençage interne
ref prot					AAH98939.1							ref prot	NP_071486
séquençage par rapport ref prot	100% de la séquence couverte à 99,68% d'homologie	en 81 P+L 100% de la séquence couverte à 99,68% d'homologie	identique jusqu'à l'ax 66 puis stop précoces. 34% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	en 81 P+L 100% de la séquence couverte à 99,68% d'homologie	en 81 P+L 100% de la séquence couverte à 99,68% d'homologie	en 81 P+L 100% de la séquence couverte à 99,68% d'homologie	en 81 P+L 100% de la séquence couverte à 99,68% d'homologie	en 81 P+L 100% de la séquence couverte à 99,68% d'homologie	en 81 P+L 100% de la séquence couverte à 99,68% d'homologie	en 81 P+L 100% de la séquence couverte à 99,68% d'homologie	en 81 P+L 100% de la séquence couverte à 99,68% d'homologie	séquençage par rapport ref prot	100% de la séquence couverte avec 99,41% d'homologie; manque 1 aa
conclusion	correspond au BC et AH mais l'axe du me basé sur le NAF_001010681.1 protéine NP_001010681.2 qui est plus longue		refaire clonage	correspond au BC et AH mais l'axe du me basé sur le NAF_001010681.1 protéine NP_001010681.2 qui est plus longue	refaire le clonage	correspond au BC et AH mais l'axe du me basé sur le NAF_001010681.1 protéine NP_001010681.2 qui est plus longue	correspond au BC et AH mais l'axe du me basé sur le NAF_001010681.1 protéine NP_001010681.2 qui est plus longue	refaire clonage	correspond au BC et AH mais l'axe du me basé sur le NAF_001010681.1 protéine NP_001010681.2 qui est plus longue	correspond au BC et AH mais l'axe du me basé sur le NAF_001010681.1 protéine NP_001010681.2 qui est plus longue	correspond au BC et AH mais l'axe du me basé sur le NAF_001010681.1 protéine NP_001010681.2 qui est plus longue	conclusion	rate clone C OK

	Dichrois-Lentil, DNMT1-like protein; DNA cross-link repair 1C Protein												
clone envoyé	rate clone A	rate clone C	DT0 clone A	DT24bLPS clone A	DT48bMix clone C	nouveau clone DT48bMix A	SP clone A	SP clone B	Nouveau clone SP clone B	CTX clone B	CTX clone C	Nouveau clone CTX clone A	Nouveau clone CTX clone B
vecteur	FlagB/A		FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A	FlagB/A
date séquençage	09/11/2020 + 25/11/2020	11/25/2020	01/11/2020 + 25/11/2020	01/11/2020 + 25/11/2020	01/11/2020 + 25/11/2020	01/11/2020 + 25/11/2020	01/11/2020 + 25/11/2020	11/24/2020	12/8/2020	09/11/2020 + 25/11/2020	11/25/2020	12/8/2020	12/08/2020 + 24/12/2020
séquençage For	jusqu'à 867NT	902NT	jusqu'à 865NT	jusqu'à 873NT	jusqu'à 859NT		jusqu'à 844NT			jusqu'à 832NT		858NT	
séquençage Rev	104NT	1039NT	jusqu'à 598NT	jusqu'à 598NT	jusqu'à 931NT		jusqu'à 901NT			jusqu'à 870NT		668NT	
taille du CDS							20097nt						
séquençage couvert entre les sites de restriction	oui avec seq int	oui avec seq int	oui avec seq int	oui avec seq int	oui avec seq int	oui avec seq int	oui avec seq int	oui avec seq int	oui avec seq int	oui avec seq int	oui avec seq int	oui avec seq int	oui avec seq int
remarque	séquence couverte	séquence couverte	séquence couverte	séquence couverte	séquence couverte: délétion entre NT 354 et 404	délétion en début de séquence	séquence couverte: nombreuses délétions	séquence couverte: nombreuses délétions	délétions	séquence couverte: nombreuses délétions	délétion vers 1500 de 9NT	délétion en début de séquence	4 mutations
CDS							NM_147145						
séquençage par rapport CDS	100% de la séquence est couverte à 99,17% d'identité	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	100% de la séquence est couverte à 99,27% d'identité	100% de la séquence est couverte à 99,27% d'identité	100% de la séquence est couverte à 99,21% d'identité	
remarque séquençage NT	manque "9NT" vers 1500 confirmé avec le séquençage interne				délétion entre NT 354 et 404					3 délétions entre NT163-404, NT1517-1518, NT1544 et 1555	délétion vers 1500 de 9NT mais pas de décalage du cadre de lecture		100% de la séquence couverte avec 99,83% d'homologie
ref prot							NP_071486						
séquençage par rapport ref prot	100% de la séquence couverte avec 99,41% d'homologie; manque 1 aa	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie
conclusion	rate clone C OK	DT0 clone A OK	DT24bLPS clone A OK	DT48bMix clone C			clones à séquencer faits le 24/11					en 625 S+P sinon ok	

	pol L					Pol M									
clone envoyé	rate clone D	DiT0 clone D	DiT24hLPS clone D	CTX clone D	clone envoyé	rate clone E	rate clone fait dec	DiT0 clone E	DiT24hLPS clone A	DiT24hLPS clone B fait dec	DiT48hMix clone E	DiT48h fait dec	SP clone E	CTX clone E	CTX fait en dec
vecteur	pCR4Blunt	pCR4Blunt	pCR4Blunt	pCR4Blunt	vecteur	pCR4Blunt	pCR4Blunt	pCR4Blunt	pCR4Blunt	pCR4Blunt	pCR4Blunt	pCR4Blunt	pCR4Blunt	pCR4Blunt	pCR4Blunt
date séquençage	05/08/2020 (envoyé par Alice) + 25/11 interne				date séquençage	05/08/2020 (envoyé par Alice)	12/4/2020	05/08/2020 (envoyé par Alice)	10/28/2020	12/4/2020	05/08/2020 (envoyé par Alice)	12/4/2020	05/08/2020 (envoyé par Alice)	05/08/2020 (envoyé par Alice)	12/4/2020
séquençage Fwd	jusqu'à 1013NT	jusqu'à 976NT	jusqu'à 1024NT	jusqu'à 884NT	séquençage Fwd	jusqu'à 795NT	962NT	jusqu'à 976NT	jusqu'à 1024NT	934NT	jusqu'à 973NT		jusqu'à 990NT	jusqu'à 859NT	
séquençage Rev	jusqu'à 986NT	jusqu'à 928NT	jusqu'à 943NT	jusqu'à 985NT	séquençage Rev	jusqu'à 693NT	962NT	jusqu'à 928NT	jusqu'à 943NT	953NT	jusqu'à 764NT		jusqu'à 796NT	jusqu'à 894NT	
taille du CDS	1722NT				taille du CDS	1488NT									
séquençage couvrant entre les sites de restriction	oui avec séquençage interne	oui avec séquençage interne	oui avec séquençage interne	oui avec séquençage interne	séquençage couvrant entre les sites de restriction	oui mais 1587NT	oui	oui avec seq interne	non	oui presque	non	comme clone précédent	oui	non	comme clone précédent
remarque	délétion entre NT 705 à 886	en 625 C<T	deux importantes délétions	en 625 C<T	remarque	intron 8-9 (et le seul) présent ?			pas début de séquence: hybridation à partir de NT 190			pas début de séquence: hybridation à partir de NT 190			
CDS	NM_001014168				CDS	NM_001011912									
séquençage par rapport CDS	100% de la séquence est couverte à 99,94% d'identité		100% de la séquence est couverte à 99,94% d'identité mais tronquée		séquençage par rapport CDS	94% de la séquence est couverte à 98,41% d'identité	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	98% de la séquence est couverte à 99,08% d'identité	100% de la séquence est couverte à 99,93% d'identité	98% de la séquence est couverte à 99,08% d'identité		100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	98% de la séquence est couverte à 100% d'identité	
remarque séquençage NT					remarque séquençage NT					Avec forme X1 XM_006251211 100% de la séquence est couverte à 100% d'identité		Avec forme X1 XM_006251211 100% de la séquence est couverte à 100% d'identité		Avec forme X2 XM_006251212 100% de la séquence est couverte à 100% d'identité	
ref prot	NP_001014190				ref prot	NP_001011912									
séquençage par rapport ref prot	protéine tronquée avec stops précoces	100% de la séquence couverte à 100% d'homologie	protéine tronquée	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	séquençage par rapport ref prot	100% de la séquence couverte avec 90,89% d'homologie	100% de la séquence couverte à 100% d'homologie	100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie	99% de la séquence couverte avec seulement 98,41% d'homologie, 100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie fomr X1 XP_006251273	100% de la séquence couverte à 99,80% d'homologie (juste 1N)	99% de la séquence couverte avec seulement 98,41% d'homologie, 100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie fomr X1 XP_006251273		100% de la séquence couverte avec t 100% d'homologie	99% de la séquence couverte avec 99,31% d'homologie, 100% de la séquence couverte avec 100% d'homologie fomr X2 XP_006251274	
conclusion	voir si qutre clone	parfait	mauvais	parfait	conclusion	voir si autre clone à envoyer sinon refaire PCR	parfait	parfait	l'amorce s'est hybridée plus loin à la pCR:voir si autre clone à envoyer sinon refaire PCR		l'amorce s'est hybridée plus loin à la pCR:voir si autre clone à envoyer sinon refaire PCR		parfait	l'amorce s'est hybridée plus loin à la pCR:voir si autre clone à envoyer sinon refaire PCR	
						nouv clone à envoyer au séquençage du 01/12									

	rate	DiT0	DiT24h	DiT48h	SP	CTX	Eau
CD19	PCR faite avec nouvelles amorces, sous cloner la rate						
CD20	refaire ligation dans FB refait	non retrouvé comme attendu					
Dclre1b	ligation dans FlagBirA, transformation le 16/09						
Dclre1c	refaire PCR plus chaud avec nouveaux cDNA (venant de nouvelles cellules)						
Dntt	refaire PCR avec amorces correspondant à la séquence RNA seq (plus courte que seq de ref sur laquelle le design de mes primers a été basée)						
Gfap	non retrouvé comme attendu	dans Flag BirA à séquencer	dans Flag BirA à séquencer	dans Flag BirA à séquencer	refaire ligation dans FB refait	refaire ligation dans FB refait	
Lig4	refaire PCR avec nouveaux cDNA (venant de nouvelles cellules)						
Nhej1	dans pCR4Blunt, à séquencer	refaire ligation dans FB refait					
Prkdc	faire avec pfu, cycle à part car très gros						
Rag1				refaire PCR avec nouveaux cDNA (venant de nouvelles cellules)			
Rag2	refaire	refaire	dans pCR4Blunt séquençage semble OK	refaire PCR avec nouveaux cDNA (venant de nouvelles cellules)			
Xrcc4	dans FlagBirA séquençage OK						
Xrcc5	refaire ligation dans FB refait	dans FlagBirA séquençage semble OK	dans FlagBirA séquençage semble OK	dans FlagBirA séquençage semble OK	dans FlagBirA séquençage semble OK	dans FlagBirA séquençage semble OK	
Xrcc6	refaire ligation dans FB refait	refaire ligation dans FB refait	dans Flag BirA à séquencer	dans FlagBirA séquençage semble OK	dans Flag BirA à séquencer	dans Flag BirA à séquencer	
PolL	dans pCR4Blunt séquençage semble OK	dans pCR4Blunt séquençage semble OK	dans pCR4Blunt séquençage semble OK	refaire ligation dans FB refait	dans Flag BirA à séquencer	dans pCR4Blunt séquençage semble OK	

PoIM	séquençage?	séquençage?	dans pCR4Blunt à séquencer	séquençage?	séquençage?	séquençage?	
-------------	-------------	-------------	-------------------------------	-------------	-------------	-------------	--

	PCR rate: pour mettre au point conditions	PCR 7 conditions			
		rate	DiT0	DiT24h	DiT48h
CD19	faite mais sur une partie de la séquence: recommander des amorces				
CD20	faite	OK	/	/	/
Dclre1b	faite	OK	OK	OK	OK
Dclre1c	faite	OK	OK	OK	OK mais plusieurs bandes
Dntt	à faire	/	/	/	/
Gfap	faite	/	OK	OK	OK
Lig4	faite	OK	OK	OK	/
Nhej1	faite	OK	OK	OK	OK
Prkdc	à faire				
Rag1	faite	OK	OK	OK	/
Rag2	faite	OK	OK	OK	/
Xrcc4	faite	OK	OK	OK	OK
Xrcc5	faite	OK	OK	OK	OK
Xrcc6	faite	OK	OK	OK	OK
PolL	faite	OK	OK	OK	OK
PolM	faite	OK	OK	OK	OK

			"Beau gel publi"	Extraction	Purification
SP	CTX	Eau			
			/	/	/
/	/	/	à faire	faite (rate)	faite
OK	OK	/	à faire	à faire	à faire
OK mais plusieurs bandes	OK mais plusieurs bandes	/	à faire	à faire	à faire
/	/	/			
OK	OK	/	à faire	faite (DiT0, DiT24, DiT48, SP et CTX)	à faire
/	/	/	à faire	faite (rate, DiT0, DiT24)	faite (rate, DiT0, DiT24)
OK	OK	/	à re-faire (pb PM)	faite	à faire
/	/	/	à faire	faite (rate, DiT0, DiT24)	faite (rate, DiT0, DiT24)
/	/	/	à faire	faite (rate, DiT0, DiT24)	faite (rate, DiT0, DiT24)
OK	OK	/	fait	faite (les 6 conditions)	faite (les 6 conditions)
OK	OK	/	fait	faite (les 6 conditions)	faite (les 6 conditions)
OK	OK	/	à faire	faite (les 6 conditions)	faite (les 6 conditions)
OK	OK	/	fait	faite (les 6 conditions)	faite (les 6 conditions)
OK	OK	/	fait	faite (les 6 conditions)	faite (les 6 conditions)

Clonage	Plasmide	Séquencage
/	/	/
fait	pCR4Blunt	à envoyer
à re-faire	pCR4Blunt	
à re-faire	pCR4Blunt	
fait pour DiT0 et DiT24 à refaire pour rate	pCR4Blunt	à envoyer pour DiT0 et DiT24h
fait (6 conditions)	FlagBirA	à envoyer
fait (sauf rate)	FlagBirA	à envoyer
fait pour DiT48h (les autres n'ont pas poussé)	pCR4Blunt	à envoyer pour DiT48h
fait (sauf DiT48h et SP)	pCR4Blunt	à envoyer
fait (sauf DiT24h)	pCR4Blunt	à envoyer