

على الرغم من كل التقنيات المتاحة ، ولكن كلاهما يتأثر بالسرية والأداء عندما يكون تم ، هذا إلى حد كبير نتيجة للزيادة السريعة في خطر توليد تضخيم زائف لمنتجات جميع التوليفات الزوجية من قليل النيوكليوتيدات. الهجينة قليلة النيوكليوتيد بشكل عام ليست محددة بما يكفي لاكتشاف التسلسلات الجينية الفريدة بشكل لا لبس فيه دون تسلسل هدف مضخم مسبقاً. يمكن أن يزيد بشكل كبير من عدد SNPs التي يمكن مسحها في وقت واحد. وتهجين قليل النيوكليوتيدات في عينات الحمض النووي المعقدة ، بالإضافة إلى طرق محسنة بشكل كبير لتسجيل مجموعات النيوكليوتيدات في عينات الحمض النووي الجينومي ، ستكون هناك أيضاً حاجة متزايدة للتقنيات التي مباشرة