

# SNPXplex

<b>Lot : 44.G-06</b>	
ADN de validation : Coriell 2-6-7-11-14-17	
<b>Blanc</b>	<input checked="" type="checkbox"/> Absence de contamination <span style="margin-left: 200px;"><input type="checkbox"/> Présence de contamination</span>
<b>Profils</b>	<input checked="" type="checkbox"/> sans aucune ambiguïté <input type="checkbox"/> profils ambigus  Lesquels : Légers épaulements observés à la base des pics SNP5, SNP 8, SNP11, SNP14, SNP15, X, Y et SNP16
<b>Amplifications non-spécifiques</b>	<div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <span><input type="checkbox"/> acceptable</span> <span><input type="checkbox"/> non acceptable</span> </div> <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <span><input type="checkbox"/> acceptable</span> <span><input type="checkbox"/> non acceptable</span> </div> <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <span><input type="checkbox"/> acceptable</span> <span><input type="checkbox"/> non acceptable</span> </div>
<b>Déséquilibres d'allèle (&gt; 30%)</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>03_C &lt; 03_T</li> <li>06_G &lt; 06_A</li> <li>09_G &lt; 09_A</li> <li>12_A &gt; 12_G</li> <li>14_A &gt;&gt; 14_G</li> </ul>

<b>Analyse comparative avec lot : 44.G-05</b>		
<b>Commentaire(s) :</b> Déséquilibres équivalents : 03_C < 03_T, 06_G < 06_A, 07_T < 07_C, 08_G < 08_A, 09_G < 09_A, 11_G < 11_A, 12_A > 12_G, 14_A > 14_G Déséquilibres moins bons :		
<b>Augmentations d'intensité</b>	<b>Baisses d'intensité</b>	<b>Conclusion</b>
•	• 10_G, 12_A, 15_A	<input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant <input type="checkbox"/> non satisfaisant

<b>Points de surveillance :</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>- <b>Interférence non spécifique possible, migrant différemment selon le séquenceur utilisé : cet artefact se situe au niveau du SNP1-C (~97pb) sur Applied Biosystems® 3730XL DNA Analyzer (Thermo Fisher), et au niveau du SNP1-T (~102pb) sur Applied Biosystems® 3500 DNA Analyzer (Thermo Fisher). Cette interférence n'apparaît pas sur les courbes obtenues sur SeqStudio.</b></li> <li>- <b>Déséquilibre 3_C &lt; 3_T et 14_A &gt;&gt; 14_G</b></li> </ul>
---

# SNPXplex

Lot validé

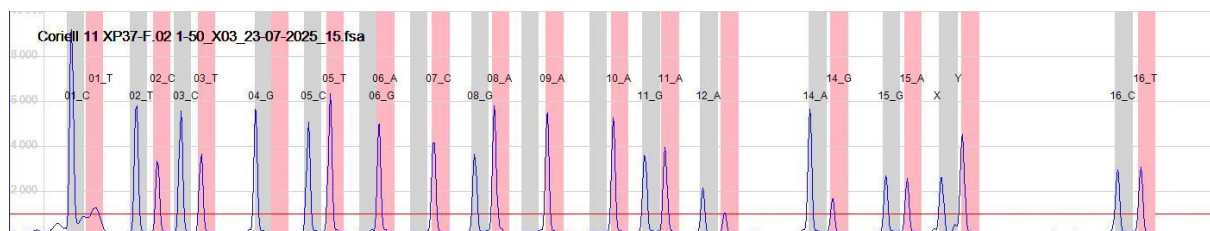
Lot non validé

Date: 23/02/2026

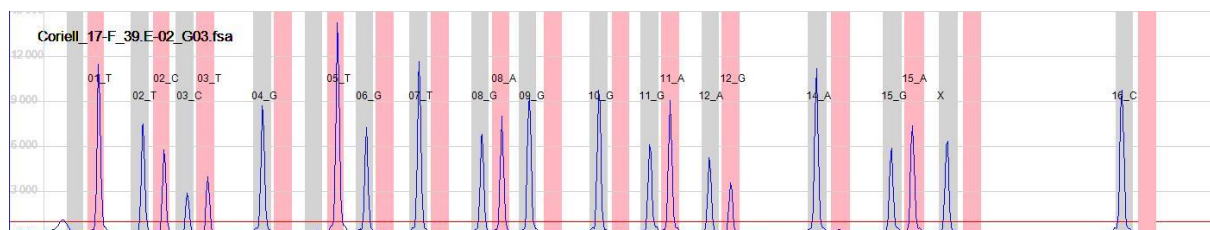
Par : G. L'HERMITE et K. ZARKA

## Annexe :

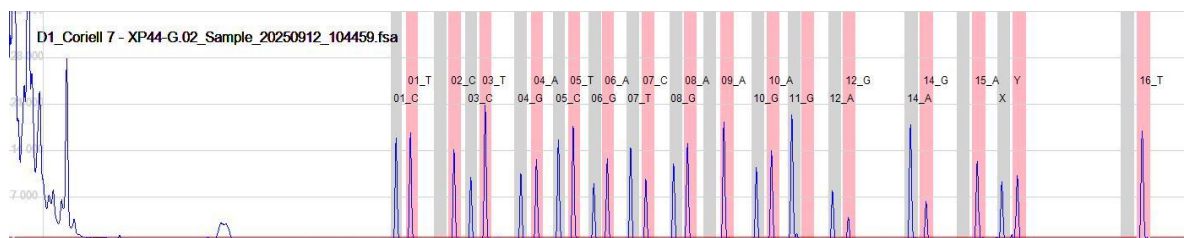
Exemple de courbe obtenue avec un ABI 3500 montrant la présence d'une interférence localisée au niveau du SNP1\_T et pouvant conduire à un étiquetage faussé chez les Hétérozygotes 01\_C :



Exemple de courbe obtenue avec un ABI 3730XL montrant la présence d'une interférence localisée au niveau du SNP1\_C et pouvant conduire à un étiquetage faussé chez les Hétérozygotes 01\_T :



Cette interférence se situe dans la zone des 65 bp dans les spectres obtenus sur SeqStudio avec du polymère POP1 :



# SNPXplex