

SNPXplex

Lot : 37.E-06 – document définitif – Annule et remplace

ADN de validation : Coriell 2-6-7-11-14-17

Blanc	<input checked="" type="checkbox"/> Absence de contamination	<input type="checkbox"/> Présence de contamination
Profils	<input checked="" type="checkbox"/> sans aucune ambiguïté <input type="checkbox"/> profils ambigus Lesquels : <ul style="list-style-type: none"> - Présence d'une bosse (interférence non spécifique) vers 97 bp dans les spectres obtenus sur séquenceur capillaire de type ABI 3730 et vers 102 bp dans les spectres obtenus sur séquenceur capillaire de type ABI 3500. Aucune bosse de ce type n'est observée sur les spectres obtenus sur séquenceur capillaire SeqStudio. Des investigations sont en cours pour adresser ce problème. En attendant, cela peut générer des étiquetages faussés dans la zone du SNP1 (01_C ou 01_T) chez certains patients et selon le type de séquenceur utilisé : Cf détails supplémentaires en fin du présent document. 	
Amplifications non-spécifiques	<ul style="list-style-type: none"> • SNP5-C visible sur HMZ T • SNP7-C visible sur HMZ T • SNP14-G visible sur HMZ A • SNP15-A visible sur HMZ G 	<input checked="" type="checkbox"/> acceptable <input type="checkbox"/> non acceptable <input checked="" type="checkbox"/> acceptable <input type="checkbox"/> non acceptable <input checked="" type="checkbox"/> acceptable <input type="checkbox"/> non acceptable <input checked="" type="checkbox"/> acceptable <input type="checkbox"/> non acceptable

Analyse comparative avec lot : 37.E-02

Commentaire(s) : Equilibre amélioré SNP2 T/C et SNP3 C/T.
 Déséquilibres équivalents 9_G < 9_A, 12_A > 12_G et 14_A > 14_G
 Déséquilibres moins bons 6_G < 6_A

Augmentations d'intensité	Baisse d'intensité	Conclusion
• 14_G, 15_G, 15_A, X, 16_C, 16_T	• 01_C, 02_T, 03_C, 04_A, 07_T	<input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant <input type="checkbox"/> non satisfaisant

SNPXplex

Analyse comparative avec lot : 37.E-05

Commentaire(s) : Equilibre amélioré SNP2 T/C et SNP3 C/T.
Déséquilibres équivalents 9_G < 9_A, 12_A > 12_G et 14_A > 14_G
Déséquilibres moins bons 6_G < 6_A

Augmentations d'intensité	Baisse d'intensité	Conclusion
• 14_G, 15_G, 15-A, X, 16_C, 16_T	• 01_C, 02-T, 03_C, 04_A, 07_T	<input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant <input type="checkbox"/> non satisfaisant

Points de surveillance :

Une interférence non spécifique, migrant différemment selon le séquenceur utilisé, est possible : 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 dans les courbes générées sur SeqStudio. Cf exemples de courbes et détails en fin de document.

Lot validé

Lot non validé

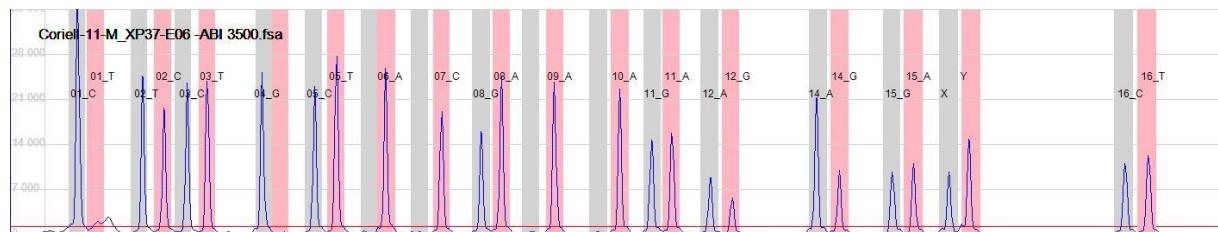
Date: Validation initiale du 16/07/2025. Révision du 09/09/2025.

Par : G. L'HERMITE, Kelly ZARKA

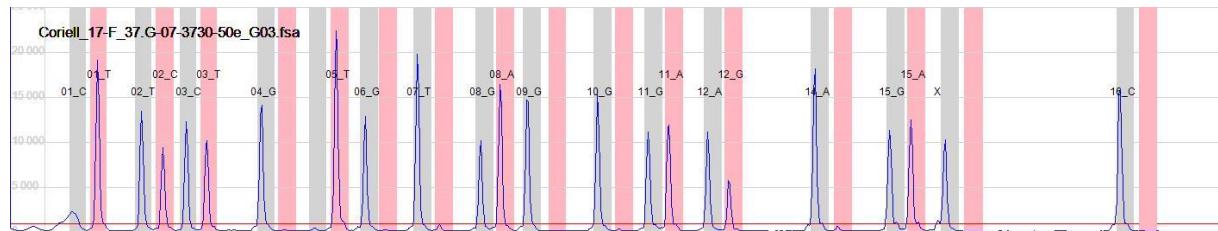
SNPplex

Annexe :

Exemple de courbe obtenue à dilution 1:50 sur un ABI 3500 (ADN 4)



Exemple de courbe similaire obtenue avec une dilution 1:30 sur un 3730XL (ADN 6)



La même courbe que ci-dessus obtenue sur un SeqStudio (ADN 6)

