

SNP Xplex

Lot : 44.G-03

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 : Légers épaulements observés à la base des pics SNP5, SNP 8, SNP11, SNP14, SNP15, X, Y et SNP16		
Amplifications non-spécifiques	<ul style="list-style-type: none"> SNP7-C visible sur HMZ T 	<input checked="" type="checkbox"/> acceptable <input type="checkbox"/> acceptable <input type="checkbox"/> acceptable	<input type="checkbox"/> non acceptable <input type="checkbox"/> non acceptable <input type="checkbox"/> non acceptable
Déséquilibres d'allèle (> 30%)	<ul style="list-style-type: none"> 03_C < 03_T 06_G < 06_A 09_G < 09_A 12_A > 12_G 14_A > 14_G 		

Analyse comparative avec lot : 44.G-02

Commentaire(s) :

Déséquilibres équivalents : 07_T < 07_C

Déséquilibres moins bons : 03_C < 03_T, 06_G < 06_A, 09_G < 09_A, 12_A < 12_G, 14_A < 14_G

Augmentations d'intensité	Baisse d'intensité	Conclusion
<ul style="list-style-type: none"> 03_C, 03_T, 04_G, 04_A, 07_C, 09_G, 09_A, 14_G 	<ul style="list-style-type: none"> 02_T, 05_C, 05_T, 06_G, 07_T, 14_A, 14_G, 15_G, 15_A 	<input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant <input type="checkbox"/> non satisfaisant

Analyse comparative avec lot : 45.G-02

Commentaire(s) :

Équilibre amélioré SNP2 T/C

Déséquilibres équivalents : 07_T < 07_C

Déséquilibres moins bons : 03_C < 03_T, 06_G < 06_A, 09_G < 09_A, 12_A < 12_G, 14_A < 14_G

Augmentations d'intensité	Baisse d'intensité	Conclusion
<ul style="list-style-type: none"> 03_T, 07_C, 11_G, 11_A 	<ul style="list-style-type: none"> 02_T, 05_C, 06_A, 07_T, 08_G, 09_A, 10_G, 14_A, 14_G, 15_G, 15_A 	<input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant <input type="checkbox"/> non satisfaisant

SNPplex

Points de surveillance :

- 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'apparait pas sur les courbes obtenues sur SeqStudio.
- Déséquilibre 3_C < 3_T

Lot validé

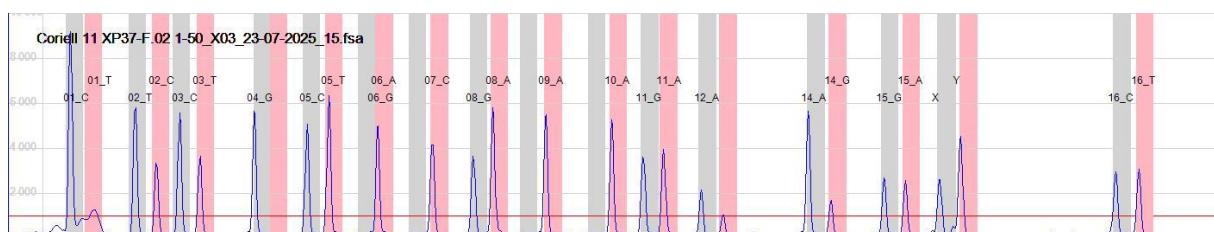
Lot non validé

Date: 27/11/2025

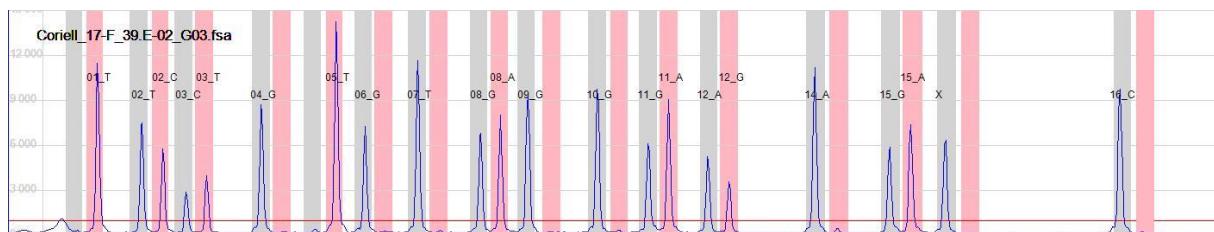
Par : G. L'HERMITE et K. ZARKA

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 :



SNPplex

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

