

# SNPXplex

|  |   |
|--|---|
| <b>Lot : 46.I-02</b>                       |   |
| ADN de validation : Coriell 2-6-7-11-14-17 |   |
| <b>Blanc</b>                               | <input checked="" type="checkbox"/> Absence de contamination <span style="float: right;"><input type="checkbox"/> Présence de contamination</span>  |
| <b>Profils</b>                             | <input checked="" type="checkbox"/> sans aucune ambiguïté<br><input type="checkbox"/> profils ambigus<br><br>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;"> <div><input type="checkbox"/> acceptable</div> <div><input type="checkbox"/> non acceptable</div> </div> <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <div><input type="checkbox"/> acceptable</div> <div><input type="checkbox"/> non acceptable</div> </div> <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <div><input type="checkbox"/> acceptable</div> <div><input type="checkbox"/> non acceptable</div> </div> |
| <b>Déséquilibres d'allèle (&gt; 30%)</b>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>• 09_G &lt; 09_A</li> <li>• 12_A &gt; 12_G</li> <li>• 14_A &gt; 14_G</li> <li>• 15_G &gt; 15_A</li> </ul>  |

|   |   |   |
|---|---|---|
| <b>Analyse comparative avec lot : 44.G-05</b>   |   |   |
| <b>Commentaire(s) :</b><br>Déséquilibres équivalents : 09_G < 09_A, 12_A > 12_G, 14_A > 14_G, 15_G > 15_A<br>Déséquilibres moins bons : |   |   |
| <b>Augmentations d'intensité</b>  | <b>Baisses d'intensité</b>                              | <b>Conclusion</b>   |
| • 02_C, 03_C, 04_G, 04_A, 06_G, 09_G, 09_A, 11_G, 12_G, 15_G  | • 01_C, 03_T, 05_C, 05_T, 06_A, 07_T, 08_A, 14_A, 15_A, | <input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant<br><input type="checkbox"/> non satisfaisant |

|   |  |   |
|---|--|---|
| <b>Analyse comparative avec lot : 44.G-06</b>   |  |   |
| <b>Commentaire(s) :</b><br>Déséquilibres équivalents : 09_G < 09_A, 12_A > 12_G, 14_A > 14_G, 15_G > 15_A<br>Déséquilibres moins bons : |  |   |
| <b>Augmentations d'intensité</b>  | <b>Baisses d'intensité</b>                       | <b>Conclusion</b>   |
| • 02_C, 03_C, 04_A, 04_G, 06_G, 08_G, 09_A, 09_G, 10_G, 11_A, 11_G, 12_A, 14_G, 15_G, 15_A, 16_C  | • 01_T, 03_T, 05_C, 06_A, 07_C, 07_T, 08_A, 14_A | <input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant<br><input type="checkbox"/> non satisfaisant |

# SNPXplex

## Points de surveillance :

- **Interférence non spécifique possible, migrant différemment selon le séquenceur utilisé : cet artéfact 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.**

**Lot validé**

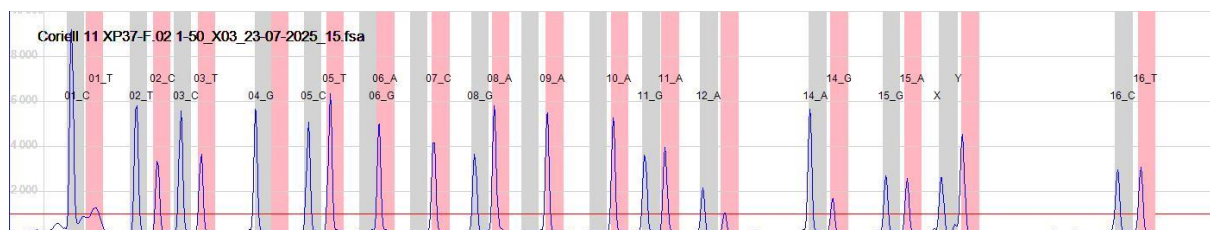
**Lot non validé**

**Date: 07/04/2026**

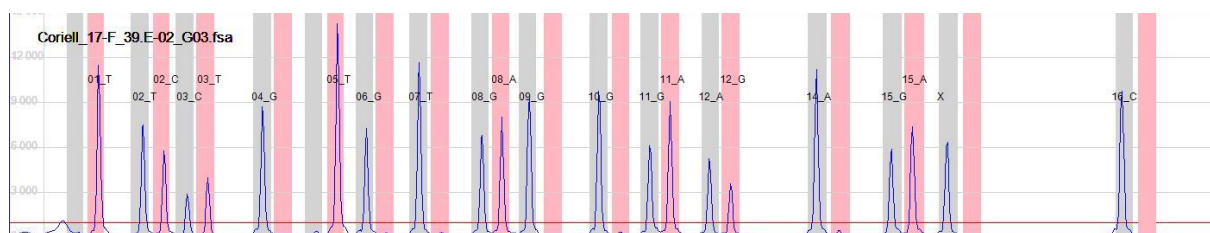
**Par : G. L'HERMITE et K. ZARKA**

## 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

