

SNPXplex

Lot : 38.E-02								
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							
Amplifications non-spécifiques	<table border="0"> <tr> <td>• 5C visible sur 5T</td> <td><input checked="" type="checkbox"/> acceptable</td> <td><input type="checkbox"/> non acceptable</td> </tr> <tr> <td>• 14G visible sur 14A</td> <td><input checked="" type="checkbox"/> acceptable</td> <td><input type="checkbox"/> non acceptable</td> </tr> </table>		• 5C visible sur 5T	<input checked="" type="checkbox"/> acceptable	<input type="checkbox"/> non acceptable	• 14G visible sur 14A	<input checked="" type="checkbox"/> acceptable	<input type="checkbox"/> non acceptable
• 5C visible sur 5T	<input checked="" type="checkbox"/> acceptable	<input type="checkbox"/> non acceptable						
• 14G visible sur 14A	<input checked="" type="checkbox"/> acceptable	<input type="checkbox"/> non acceptable						

Analyse comparative avec lot : 34.D-02		
Commentaire(s) : Meilleur équilibre des HTZ SNP-02 SNP-03 SNP-06 SNP-15 HTZ SNP-12 même déséquilibre mais pics plus intenses Déséquilibre HTZ SNP-09 et SNP-14 inchangés		
Augmentations d'intensité	Baisses d'intensité	Conclusion
<ul style="list-style-type: none"> • 02-C • 03-T • 06-G • 12-A • 12-G • 15-G 	<ul style="list-style-type: none"> • 03-C • 06-A • 15-A 	<input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant <input type="checkbox"/> non satisfaisant

Analyse comparative avec lot : 37.E-03		
Commentaire(s) : Meilleur équilibre des HTZ SNP-02 et SNP-03 Déséquilibre HTZ SNP-09 , SNP-12 et SNP-14 inchangés		
Augmentations d'intensité	Baisses d'intensité	Conclusion
<ul style="list-style-type: none"> • 02-C • 03-T 	<ul style="list-style-type: none"> • 02-T • 03-C • 15-G • 15-A 	<input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant <input type="checkbox"/> non satisfaisant

SNPXplex

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).
- Déséquilibre des profils HTZ pour le SNP-09

☒ **Lot validé**

☐ **Lot non validé**

Date: 12/08/2025

Par : Sandrine Noël