

SNPXplex

Lot : 44.G-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 Lesquels : Légers épaulements observés à la base des pics SNP5, SNP11, SNP14, SNP15, X, Y et SNP16		
Amplifications non-spécifiques	• SNP3-T visible sur HMZ C	<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

Analyse comparative avec lot : 37.G-07		
Commentaire(s) : Equilibre amélioré SNP8 G/A Déséquilibres équivalents 06_G < 06_A, 07_T > 07_C, 11_G < 11_A, Déséquilibres moins bons 03_C < 03_T, 09_G < 09_A, 12_A > 12_G, 14_A > 14_G		
Augmentations d'intensité	Baisses d'intensité	Conclusion
• 03_T, 06_A, 06_G, 09_A, 10_A, 11_G, 11_A, 14_A	• 02_T, 03_C, 07_T, 07_C, 08_G, 08_A, 10_G, 12_A, 15_A, Y, 16_C, 16_T	<input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant <input type="checkbox"/> non satisfaisant

Analyse comparative avec lot : 37.G-08		
Commentaire(s) : Equilibre amélioré SNP2 T/C, SNP8 G/A Déséquilibres équivalents 06_G < 06_A, 07_T > 07_C, 11_G < 11_A, Déséquilibres moins bons 03_C < 03_T, 09_G < 09_A, 12_A > 12_G, 14_A > 14_G		
Augmentations d'intensité	Baisses d'intensité	Conclusion
• 03_T, 05_T, 06_G, 06_A, 09_A, 11_G, 11_A, 12_A	• 02_C, 03_C, 07_T, 07_C, 08_A, 10_A, 12_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 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.
- Déséquilibre 3_C < 3_T et 14_A > 14_G

☒ Lot validé

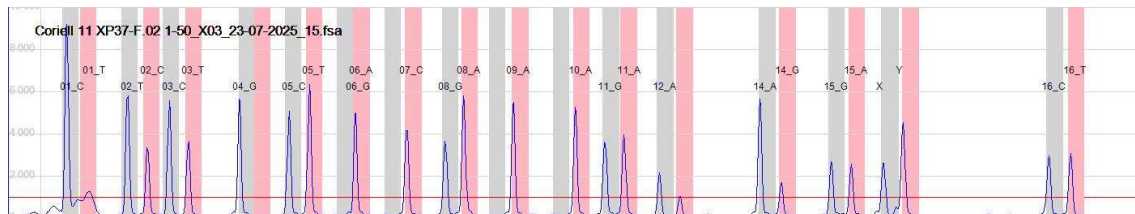
☐ Lot non validé

Date: 08/10/2025

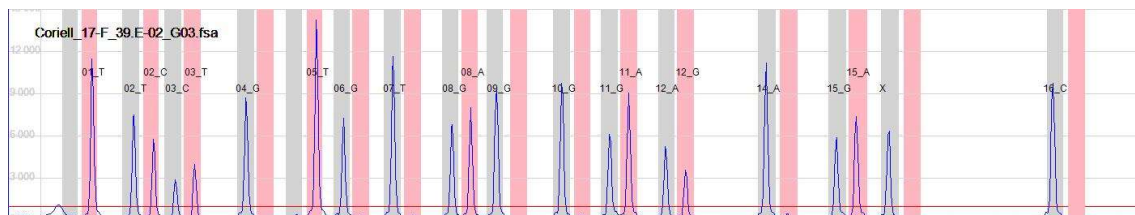
Par : G. L'HERMITE et K. ZARKA

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 :



SNPXplex

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

