

# SNPXplex

<b>Lot : 47.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="margin-left: 200px;"><input type="checkbox"/> Présence de contamination</span>
<b>Profils</b>	<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
<b>Amplifications non-spécifiques</b>	<div style="display: flex; justify-content: space-around;"> <span><input type="checkbox"/> acceptable</span> <span><input type="checkbox"/> non acceptable</span> </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around;"> <span><input type="checkbox"/> acceptable</span> <span><input type="checkbox"/> non acceptable</span> </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around;"> <span><input type="checkbox"/> acceptable</span> <span><input type="checkbox"/> non acceptable</span> </div>
<b>Déséquilibres d'allèle (&gt; 30%)</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 06_G &lt; 06_A</li> <li>• 09_G &lt; 09_A</li> <li>• 12_A &gt; 12_G</li> <li>• 14_A &gt; 14_G</li> </ul>

<b>Analyse comparative avec lot : 46.I-02</b>		
<b>Commentaire(s) :</b> Déséquilibres équivalents : 06_G < 06_A, 09_G < 09_A, 12_A > 12_G, 14_A > 14_G Déséquilibres moins bons :		
<b>Augmentations d'intensité</b>	<b>Baisses d'intensité</b>	<b>Conclusion</b>
• 06_A, 08_A, 12_A, 12_G, 15_A	• 10_G, 15_G	<input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant <input type="checkbox"/> non satisfaisant

<b>Analyse comparative avec lot : 48.I-02</b>		
<b>Commentaire(s) :</b> Déséquilibres équivalents : 06_G < 06_A, 09_G < 09_A, 12_A > 12_G, 14_A > 14_G Déséquilibres moins bons :		
<b>Augmentations d'intensité</b>	<b>Baisses d'intensité</b>	<b>Conclusion</b>
• 03_T, 04_G, 04_A, 06_G, 06_A, 08_A, 09_G, 11_A, 12_A, 12_G	• 01_C, 02_T, 03_C, 03_T, 05_C, 06_G, 07_T, 07_C, 08_G, 10_G, 15_G, 15_A, X, 16_C, 16_T	<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.**

**Lot validé**

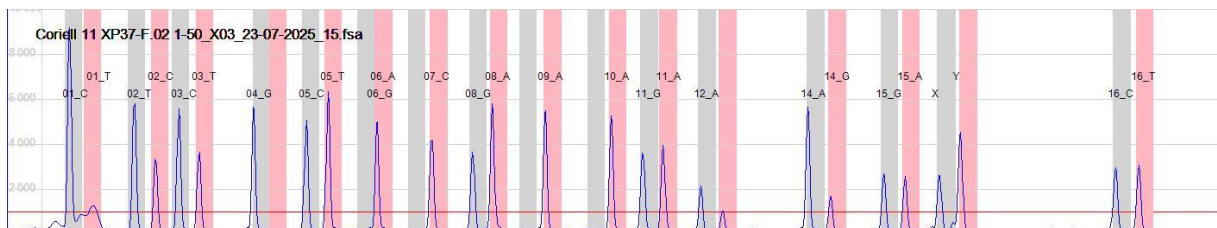
**Lot non validé**

**Date: 06/05/2026**

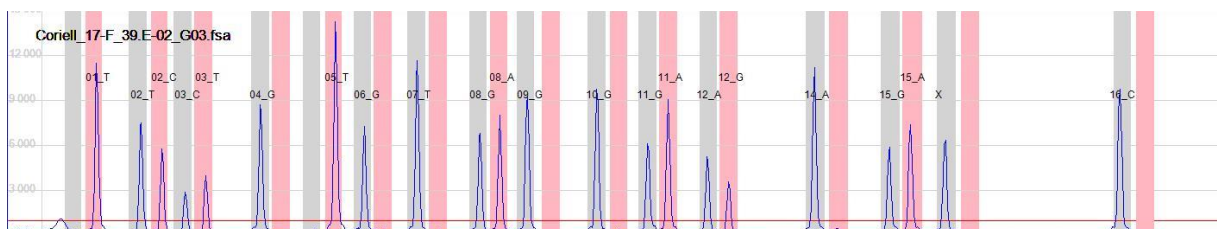
**Par : G. L'HERMITE et K. ZARKA**

## 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

