

SNPXplex

Lot : 48.I-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, SNP 8, SNP11, SNP14, SNP15, X, Y et SNP16
Amplifications non-spécifiques	<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>
Déséquilibres d'allèle (> 30%)	

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

Analyse comparative avec lot : 46.I-02		
Commentaire(s) : Déséquilibres équivalents : 06_G < 06_C, 09_G < 09_A, 12_A > 12_G, 14_A > 14_G Déséquilibres moins bons :		
Augmentations d'intensité	Baisses d'intensité	Conclusion
• 02_T, 05_C, 06_A, 06_G, 07_C, 07_T, 08_G, 10_G, 15_A, X	• 03_T, 04_A, 04_G, 05_C, 05_T, 09_A, 09_G, 10_G, 11_A, 11_G, 12_A, 12_G, 14_A, 14_G, 15_G	<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). Cette interférence n'apparaît pas sur les courbes obtenues sur SeqStudio.**

Lot validé

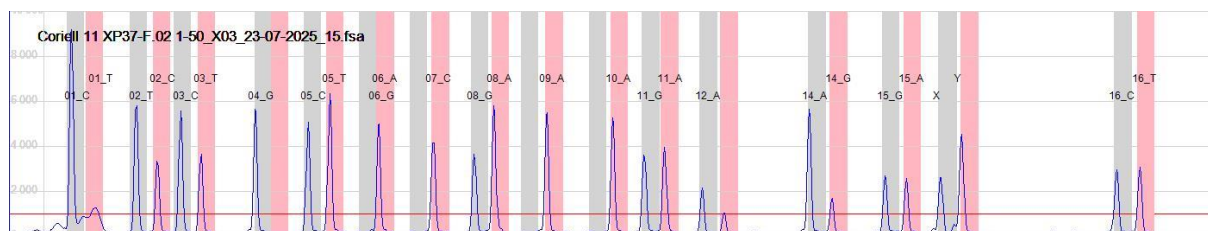
Lot non validé

Date: 22/04/2026

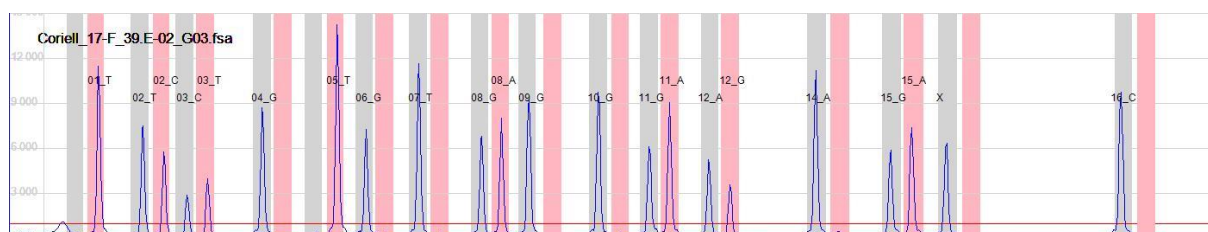
Par : G. L'HERMITE et K. ZARKA

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 :

