

# SNPXplex

<b>Lot : 39.E-02</b>			
ADN de validation : Coriell 2-6-7-11-14-17			
<b>Blanc</b>	<input checked="" type="checkbox"/> Absence de contamination <input type="checkbox"/> Présence de contamination		
<b>Profils</b>	<input checked="" type="checkbox"/> sans aucune ambiguïté <input type="checkbox"/> profils ambigus Lesquels : Légers épaulements observés à la base des pics SNP14, SNP15 et Y.		
<b>Amplifications non-spécifiques</b>	• SNP5-C visible sur HMZ T • SNP12-G visible sur HMZ A • SNP14-G visible sur HMZ A	<input checked="" type="checkbox"/> acceptable <input checked="" type="checkbox"/> acceptable <input checked="" type="checkbox"/> acceptable	<input type="checkbox"/> non acceptable <input type="checkbox"/> non acceptable <input type="checkbox"/> non acceptable

<b>Analyse comparative avec lot : 38.E-02</b>		
<b>Commentaire(s) :</b> Equilibre amélioré SNP2 T/C, SNP3 C/T, SNP6 G/A. Déséquilibres équivalents 9_G < 9_A, 12_A > 12_G, 14_A > 14_G		
<b>Augmentations d'intensité</b>	<b>Baisses d'intensité</b>	<b>Conclusion</b>
• 15_G, 15_A	• 03_C, 03_T	<input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant <input type="checkbox"/> non satisfaisant

<b>Analyse comparative avec lot : 37.E-06</b>		
<b>Commentaire(s) :</b> Equilibre amélioré SNP2 T/C, SNP3 C/T, SNP6 G/A, SNP12 A/G. Déséquilibres équivalents 9_G < 9_A, 14_A > 14_G Déséquilibres moins bons 6_G < 6_A		
<b>Augmentations d'intensité</b>	<b>Baisses d'intensité</b>	<b>Conclusion</b>
• 15_G, 15_A	• 03_C, 03_T	<input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant <input type="checkbox"/> non satisfaisant

# SNPXplex

<b>Analyse comparative avec lot : 37.E-02</b>		
<b>Commentaire(s) :</b> Equilibre amélioré SNP2 T/C, SNP3 C/T, SNP6 G/A, SNP8 G/A. Déséquilibres équivalents 9_G < 9_A, 12_A > 12_G, 14_A > 14_G		
<b>Augmentations d'intensité</b>	<b>Baisses d'intensité</b>	<b>Conclusion</b>
•	• 03_C	<input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant <input type="checkbox"/> non satisfaisant

## 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.
- Niveau des pics SNP3\_C et SNP3\_T (plus faible qu'habituel)
- Amplification non spécifique au niveau du SNP14\_G à surveiller
- Déséquilibre 9\_G < 9\_A

☒ **Lot validé**

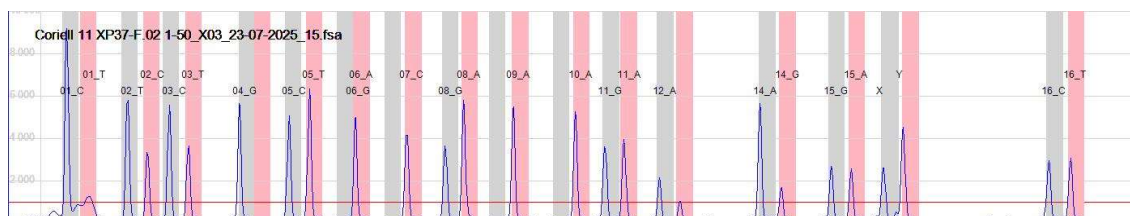
☐ **Lot non validé**

**Date: 26/08/2025**

**Par : G. L'HERMITE**

## 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 :



# SNPXplex

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 :

