

SNPXplex

Lot : 50.I-02	
ADN de validation : Coriell K1, K2, K3, K4	
Blanc	☒ Absence de contamination ☐ Présence de contamination
Profils	☒ sans aucune ambiguïté ☐ profils ambigus Lesquels : Légers épaulements observés à la base des pics SNP5, SNP 8, SNP11, SNP14, SNP15, X, Y et SNP16
Amplifications non-spécifiques	☒ acceptable ☐ non acceptable ☐ acceptable ☐ non acceptable
Déséquilibres d'allèle (> 30%)	• 12_A >> 12_G • 14_A > 14_G

Analyse comparative inter-lot Commentaire(s) : Dans le cadre de la validation du lot 50.I-02, nous avons décidé de basculer sur un nouveau set de contrôles Coriell (K1, K2, K3, K4), présentant des profils génétiques différents des contrôles précédemment utilisés (Coriell 2, 6, 7, 11, 14 et 17). Ce nouveau panel a été sélectionné afin de couvrir l'ensemble des configurations génotypiques nécessaires à la validation du kit SNPXplex : pour chaque SNP, au moins un des contrôles présente un génotype homozygote allèle de référence, un génotype homozygote allèle alternatif ou un génotype hétérozygote, garantissant une évaluation complète du lot. Les profils obtenus pour K1 à K4 sont interprétables sans ambiguïté et ne présentent pas d'anomalies majeures. En l'absence de courbes de ces nouveaux Coriell sur les lots antérieurs, une comparaison inter-lot complète n'est pas réalisable pour ce lot. Le suivi comparatif reprendra dès le prochain lot, avec les mêmes contrôles K1 à K4. Comparaison partielle (déséquilibres observés) : Déséquilibres équivalents : 14_A > 14_G Déséquilibres moins bons : 12_A >> 12_G

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. - Déséquilibre marqué entre 12_A >> 12_G, avec un pic 12_G significativement plus faible
--

SNPXplex

☒ Lot validé

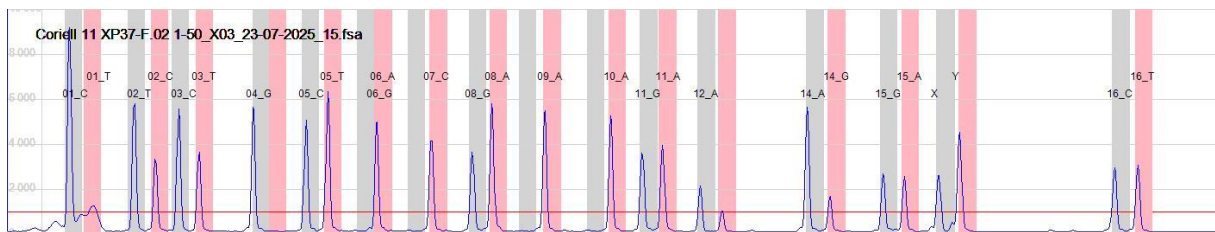
☐ Lot non validé

Date: 23/07/2026

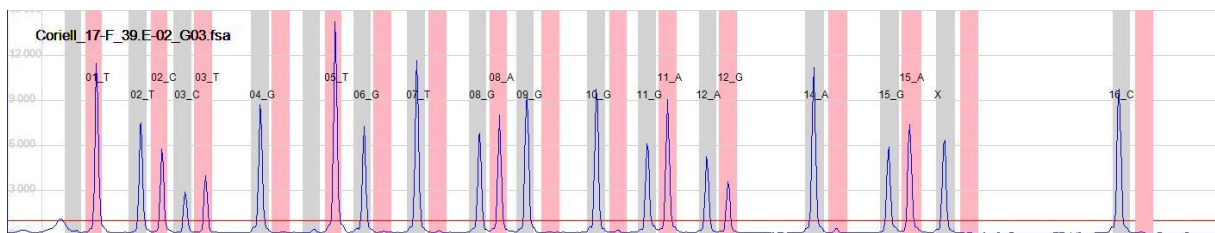
Par : G. L'HERMITE et K. ZARKA

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 :

