

# SNPXplex

<b>Lot : 30.D-03</b>							
ADN de validation : Coriell 2-6-7-11-14-17							
<b>Blanc</b>	<input checked="" type="checkbox"/> Absence de contamination <span style="float: right;"><input type="checkbox"/> Présence de contamination</span>						
<b>Profils</b>	<input checked="" type="checkbox"/> sans aucune ambiguïté <input type="checkbox"/> profils ambigus  Lesquels : ..... ..... ..... .....						
<b>Amplifications non-spécifiques</b>	<table style="width: 100%; border: none;"> <tr> <td style="width: 30%;">• 11G</td> <td style="width: 30%;"><input checked="" type="checkbox"/> acceptable</td> <td style="width: 30%;"><input type="checkbox"/> non acceptable</td> </tr> <tr> <td>• 15A</td> <td><input checked="" type="checkbox"/> acceptable</td> <td><input type="checkbox"/> non acceptable</td> </tr> </table>	• 11G	<input checked="" type="checkbox"/> acceptable	<input type="checkbox"/> non acceptable	• 15A	<input checked="" type="checkbox"/> acceptable	<input type="checkbox"/> non acceptable
• 11G	<input checked="" type="checkbox"/> acceptable	<input type="checkbox"/> non acceptable					
• 15A	<input checked="" type="checkbox"/> acceptable	<input type="checkbox"/> non acceptable					

<b>Analyse comparative avec lot : 26.D-01</b> (génotypes non comparés : SNP-3 T/T SNP-8 G/G SNP-12 A/A car absence de l'ADN 14 dans le lot 26.D-01)		
<b>Commentaire(s) :</b> Nette amélioration des intensités des 2 allèles SNP3 meilleur équilibre HTZ SNP11 déséquilibres HTZ accentués pour SNP12, SNP8 et SNP15		
<b>Augmentations d'intensité</b>	<b>Baisses d'intensité</b>	<b>Conclusion</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• 03C</li> <li>• 03T</li> <li>• 8A</li> <li>• 10G</li> <li>• 12A</li> <li>• 15A</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 6G</li> <li>• 7C</li> <li>• 11G</li> </ul>	<input checked="" type="checkbox"/> satisfaisant <input type="checkbox"/> non satisfaisant

# SNPXplex

<b>Analyse comparative avec lot : 27.C-03</b>		
<b>Commentaire(s) :</b> Nette amélioration des intensités des 2 allèles SNP3 déséquilibres HTZ accentués pour SNP8, SNP9, SNP12 et SNP15		
<b>Augmentations d'intensité</b>	<b>Baisses d'intensité</b>	<b>Conclusion</b>
<ul style="list-style-type: none"><li>• 3C</li><li>• 3T</li><li>• 6G</li><li>• 6A</li><li>• 8A</li><li>• 9A</li><li>• 12A</li><li>• 15A</li><li>• 16C</li><li>• 16T</li></ul>	<ul style="list-style-type: none"><li>• 7C</li></ul>	<input checked="" type="checkbox"/> <b>satisfaisant</b> <input type="checkbox"/> <b>non satisfaisant</b>

<b>Analyse comparative avec lot : 30.C-02</b>		
<b>Commentaire(s) :</b> déséquilibres HTZ un peu plus accentués pour SNP2 amélioration équilibres HTZ SNP6 et SNP14		
<b>Augmentations d'intensité</b>	<b>Baisses d'intensité</b>	<b>Conclusion</b>
<ul style="list-style-type: none"><li>• 2T</li><li>• 6G</li><li>• 6A</li><li>• 8A</li><li>• 9G</li><li>• 12A</li><li>• 14G</li><li>• 15A</li><li>• 15G</li><li>• 16C</li><li>• 16T</li></ul>	<ul style="list-style-type: none"><li>• 7C</li></ul>	<input checked="" type="checkbox"/> <b>satisfaisant</b> <input type="checkbox"/> <b>non satisfaisant</b>

### **Conclusion :**

Les génotypes qui manquaient à cause de l'absence de l'ADN 14 dans le lot-test 26.D (SNP-3 T/T SNP-8 G/G SNP-12 A/A) sont corrects avec ce nouveau Mastermix « D »

Rebonds en n-1 sur X et Y vus depuis lot 28

Pic non-spécifique 118pb ou 121pb (déjà vu dans le lot 27.C-03) d'intensité négligeable

Baisse intensité SNP7-C à suivre

**Lot validé**

**Lot non validé**

**Date:** 02/10/2024

**Par :** Sandrine Noël