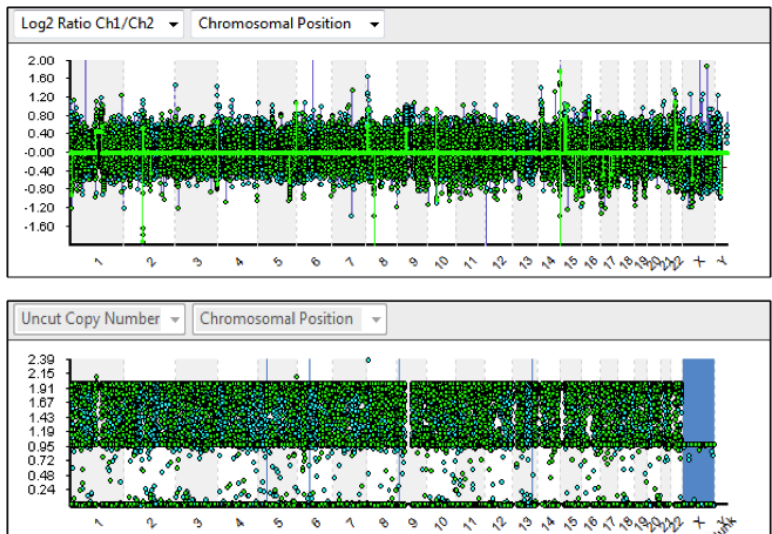


Figure 13: Fused Charts for Poor SNP Data



Poor Quality SNP Data

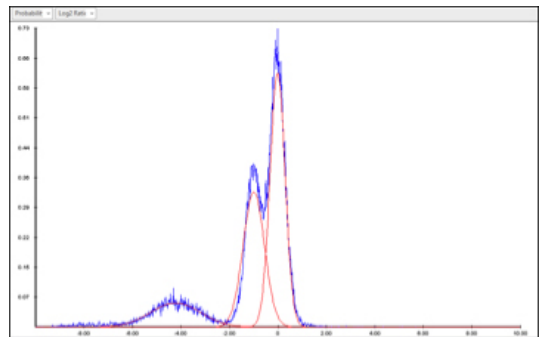
Both the fused chart and fused SNP copy-number chart (Figure 13) show noisy/borderline array results. In the SNP chart, there is good separation of SNP data points between 0 and 1 copy number, but not between 1 and 2.

The QC metrics in the report show a borderline percentage of high-confidence SNPs:

% High-confidence SNPs:	66.14
SNPs on array:	59,593
Reference SNPs:	36,436

Finally, viewing the SNP Histogram (Figure 14) shows clearly separated peaks that represent 0 and 1, but not 1 and 2 copies of SNPs. This result may indicate incomplete digestion of the DNA.

Figure 14: Histogram for Poor SNP Data



AAGAATGATAACAGTAAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAACAGTAAACACACTTCTGTTAAC
 AATCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTAAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAACAGTAAACACACTTCTGTTAAC
 AACGACGAAAAGAATGATAACAGTAAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCT
 TTTAAGGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGTAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATG
 AAAAGATTGATAACAGTAAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAAC
 AAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTAAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAGCAACG
 AACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGAAAAGAATGATAAC

AAAGAATGATAACAGTAAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC AACGTACCGTAAACGAACTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC
AATCAACGTACCGTAAACGAACTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC AACGTACCGTAAACGAACTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC
AACGACGAAAAGAATGATAACAGTAAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC AACGTACCGTAAACGAACTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC
TTAAGGTACCATTAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC AACGTACCGTAAACGAACTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC
AAAGAATGATAACAGTAAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC AACGTACCGTAAACGAACTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC
AAGATTACTTGATCCACTGATTC AACGTACCGTAAACGAACTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC AACGTACCGTAAACGAACTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC
AACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAGAGCTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC AACGTACCGTAAACGAACTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTC

