

## **Gene Profile Cattle**

**Набор реагентов для проведения микросателлитного анализа (генотипирования)  
крупного рогатого скота.**

**ИНСТРУКЦИЯ по применению**



## Содержание

1.	ОПИСАНИЕ НАБОРА И ОБЛАСТЬ ПРИМЕНЕНИЯ .....	4
1.1.	Описание набора .....	4
1.2.	Область применения .....	5
2.	ХАРАКТЕРИСТИКА НАБОРА.....	6
2.1.	Состав набора .....	6
2.2.	Количество анализируемых проб .....	6
2.3.	Условия хранения и транспортирования, срок годности.....	6
2.4.	Необходимые материалы, не входящие в набор и дополнительное оборудование .....	6
3.	ПРОВЕДЕНИЕ РЕАКЦИИ АМПЛИФИКАЦИИ .....	7
3.1.	Подготовка к проведению реакции амплификации.....	7
3.2.	Подготовка к проведению реакции амплификации из цельной крови.....	7
3.3.	Подготовка к проведению реакции амплификации из крови на FTA карте .....	8
3.4.	Подготовка к проведению реакции амплификации из ушного выщипа .....	9
3.5.	Проведение амплификации.....	9
4.	ПРОВЕДЕНИЕ КАПИЛЛЯРНОГО ЭЛЕКТРОФОРЕЗА НА НАНОФОР 05 .....	10
4.1.	Проведение спектральной калибровки .....	10
4.2.	Подготовка и загрузка продуктов амплификации .....	10
4.3.	Запуск фрагментного анализа .....	10
5.	ПРОВЕДЕНИЕ КАПИЛЛЯРНОГО ЭЛЕКТРОФОРЕЗА НА АВ3500/АВ3500XL.....	13
5.1.	Проведение спектральной калибровки .....	13
5.1.1.	Создание DyeSets .....	13
5.1.2.	Подготовка раствора спектрального калибратора.....	14
5.1.3.	Запуск спектральной калибровки.....	15
5.2.	Подготовка и загрузка продуктов амплификации .....	16
5.3.	Запуск фрагментного анализа .....	16
6.	АНАЛИЗ ДАННЫХ.....	18
6.1.	Анализ данных в программах GeneMarker и GeneMarker HID .....	18
6.1.1.	Импорт файлов для анализа данных.....	18
6.1.2.	Создание проекта анализа данных .....	19
6.1.3.	Анализ размерного стандарта .....	21
6.1.4.	Анализ положительного контрольного образца (ПКО) .....	22
6.1.5.	Внесение профиля ПКО в шаблон анализа. ....	26
6.1.6.	Анализ отрицательного контрольного образца (ОКО) .....	29
6.1.7.	Анализ образцов.....	29
6.1.8.	Исключение из анализа статтеров и артефактных пиков .....	29
6.2.	Анализ данных в Gene Mapper .....	30

6.2.1. Импорт файлов для анализа данных.....	30
6.2.2. Анализ данных.....	32
6.2.3. Анализ размерного стандарта .....	33
6.2.4. Анализ положительного контрольного образца (ПКО) .....	35
6.2.5. Анализ отрицательного контрольного образца (ОКО) .....	37
6.2.6. Анализ образца.....	37
7. ИНТЕРПРЕТАЦИЯ РЕЗУЛЬТАТОВ .....	38

## 1. ОПИСАНИЕ НАБОРА И ОБЛАСТЬ ПРИМЕНЕНИЯ

### 1.1. Описание набора

Набор реагентов «GeneProfile Cattle» предназначен для генетической идентификации и определения родства крупного рогатого скота (*Bos taurus*).

В основе работы набора лежит мультиплексная амплификация 16-ти STR-локусов с последующим анализом длин ПЦР-продуктов методом капиллярного электрофореза.

Все представленные в наборе STR-локусы являются динуклеотидными. Из них двенадцать рекомендованы Международным Обществом Генетики Животных (International Society of Animal Genetics - ISAG): BM1818, BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA023, SPS115, TGLA53, TGLA122, TGLA126, TGLA227. Три локуса рекомендованы Продовольственной и сельскохозяйственной организацией Объединенных Наций (Food and Agriculture Organization of the United Nations - FAO) для генетических исследований домашних животных: CSSM66, CSRM60, ILSTS006. Также, дополнительно включен высокополиморфный локус HAUT27.

Используемые в наборе праймеры мечены красителями, детектируемыми в каналах Blue, Green, Yellow, Red. Стандарт длин СД-240 детектируется в канале Orange. Использование пяти красителей позволяет одновременно детектировать 16 ампликонов и стандарт длин в одном капилляре.

Таблица 1. Характеристика STR локусов набора GeneProfile Cattle

Краситель	Локус	Хромосомная локализация	Структура повтора	Диапазон длин ампликонов, п.о.	Диапазон аллелей
FAM	TGLA227	D18S1	(TG) <sub>n</sub>	64-92	75-103
	BM2113	D2S26	(CA) <sub>n</sub>	106-128	121-143
	TGLA53	D16S3	(TG) <sub>6</sub> CG(TG) <sub>4</sub> (TA) <sub>n</sub>	140-177	154-190
	ETH10	D5S3	(AC) <sub>n</sub>	188-206	209-225
R6G	CSRM60	D10S5	(AC) <sub>n</sub>	79-104	88-114
	SPS115	D15	(CA) <sub>n</sub> TA(CA) <sub>6</sub>	113-127	248-262
	TGLA122	D21S6	(AC) <sub>n</sub> (AT) <sub>n</sub>	137-183	137-183
	BM1818	D23S21	(TG) <sub>n</sub>	197-223	256-280
TAMRA	HAUT27	D26S21	(AC) <sub>n</sub>	120-138	140-158
	CSSM66	D14S31	(AC) <sub>n</sub>	142-168	179-205
	BM1824	D1S34	(GT) <sub>n</sub>	178-200	178-190
	ETH3	D5S3	(AC) <sub>n</sub>	207-235	103-131
ROX	TGLA126	D20S1	(TG) <sub>n</sub>	77-93	109-125
	ETH225	D9S2	(TG) <sub>4</sub> CG(TG)(CA) <sub>n</sub>	99-117	140-158
	INRA023	D3S10	(AC) <sub>n</sub>	136-160	198-222
	ILSTS006	D7S8	(GT) <sub>n</sub>	173-191	284-302

Праймеры для ПЦР подобраны с учетом проведения амплификации всех 16 STR-локусов в одной пробирке. Размер амплифицируемых ПЦР продуктов находится в диапазоне от 64 до 236 пар нуклеотидов (с учетом всех известных аллелей). Разделение ампликонов, полученных в результате ПЦР, проводится методом капиллярного электрофореза с использованием автоматических генетических анализаторов (например Нанофор 05).

Для получения полного (по всем 16 STR-локусам) генотипа исследуемого образца достаточно 0,5 нанограмм (нг) не деградированной ДНК. Оптимальное количество ДНК в

реакцию — 5 нг. Диапазон концентраций ДНК для проведения амплификации от 0,5 до 10 нг в реакцию.

Максимальный объем вносимого в реакцию раствора ДНК составляет 5 мкл. Общий объем реакционной смеси – 25 мкл.

Возможно проведение прямой ПЦР:

- 1) С внесением 0,5 мкл цельной крови в приготовленную реакционную смесь.
- 2) С внесением 2 мкл растворенной в дидезокси Н<sub>2</sub>О крови (2 мкл крови + 100 мкл Н<sub>2</sub>О) в приготовленную реакционную смесь.
- 3) С внесением панча ФТА карты с кровью диаметром 1-1,2 мм в приготовленную реакционную смесь.
- 4) С внесением 1 мкл раствора, полученного при обработке ушного выщипа (время обработки 15 мин) с помощью реагента «ГенПреп» (Синтол, кат. № HG-504).

### **1.2.Область применения**

Набор может быть использован в лабораториях племенных хозяйств для генотипирования животных и установления родства.

## 2. ХАРАКТЕРИСТИКА НАБОРА

Компоненты набора являются одноразовыми.

### 2.1. Состав набора

№	Наименование	Состав	Объем, мкл	Количество, шт
1	РС	Реакционная смесь	1500	1
2	СП	Смесь специфических праймеров	500	1
3	ПКО ♂	Положительный контрольный образец – стабилизированный раствор ДНК коровы	5	1
4	СД-240	Стандарт длин – набор фрагментов известной длины (60, 80, 100, 140, 180, 220, 240)	100	1
5	Н <sub>2</sub> О	Деионизованная Н <sub>2</sub> О	1000	1

### 2.2. Количество анализируемых проб

Набор рассчитан на проведение 100 реакций, включая контрольные образцы.

### 2.3. Условия хранения и транспортирования, срок годности

В темноте

Температура хранения – от -18 до -20°C.

Транспортирование – при температуре -18 до -20°C.

Срок годности набора – 12 месяцев.

### 2.4. Необходимые материалы, не входящие в набор и дополнительное оборудование

1. Штатив для микропробирок 1,5 мл (“PM-96x1,5 /2,0“, кат. № СТ-17).
2. Пробирки 1,5 или 2,0 мл.
3. Штатив для 96-ти луночных ПЦР планшет или стрипов. (“ПЦР-96“, кат. № СТ-12).
4. Дозатор переменного объема на 1000, 200, 20 и 10 мкл.
5. Наконечники с аэрозольным барьером для дозатора переменного объема на 1000, 200, 20 и 10 мкл.
6. 96-ти луночные ПЦР планшеты или микропробирки в стрипах для ПЦР.
7. Пленка для 96-ти луночных ПЦР планшет или крышки к микропробиркам в стрипах.
8. Центрифуга-вортекс для пробирок объемом 1,5 или 2 мл (Циклотемп-901).
9. Центрифуга для 96-ти луночных ПЦР планшет.
10. Прибор для проведения ПЦР.
11. Полимер для проведения капиллярного электрофореза (ПДМА-4, ПДМА-6).
12. Буфер для проведения капиллярного электрофореза (ТАПС).
13. Деионизованный формамид.
14. Автоматический генетический анализатор (Нанофор 05).

### 3. ПРОВЕДЕНИЕ РЕАКЦИИ АМПЛИФИКАЦИИ

#### 3.1. Подготовка к проведению реакции амплификации

Для приготовления рабочей реакционной смеси рассчитать требуемое количество реагентов РС и СП исходя из таблицы и количества образцов:

Таблица 2. Расчет рабочей реакционной смеси

Реагент	мкл на реакцию
РС	15
СП	5
ДНК	1-5
H <sub>2</sub> O	до 25

**ВАЖНО!!!** С каждой серией исследуемых образцов необходимо амплифицировать один положительный контрольный образец (ПКО) и один отрицательный контрольный образец (ОКО).

Включите в расчеты приготовления рабочей реакционной смеси дополнительную реакцию для компенсации погрешности пипетирования.

1. Разморозить пробирки с РС и СП, перемешать на вортексе и кратковременно центрифугировать для сброса капель.
2. В отдельной чистой пробирке подходящего размера смешать необходимый объем РС и СП (согласно таблице), перемешать смесь на вортексе и центрифугировать для сброса капель.
3. Внести в пробирки для ПЦР (планшеты, стрипы) по **20 мкл** приготовленной рабочей реакционной смеси.
4. Используя наконечники с аэрозольным барьером, внести в пробирки (на стенку) от **1 до 5 мкл** исследуемого образца, при необходимости, общий объем довести до **25 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O.
5. В одну из пробирок (планшеты, стрипы) с приготовленной рабочей реакционной смесью внести **5 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O (отрицательный контрольный образец), в еще одну **1 мкл ПКО** (положительный контрольный образец) и **4 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O.
6. Закрыть ПЦР пробирки.
7. Перемешать содержимое микропробирок на вортексе и центрифугировать для сброса капель. Убедиться в отсутствии пузырей в пробирках.

#### 3.2. Подготовка к проведению реакции амплификации из цельной крови

Набор реагентов Gene Profile Cattle позволяет провести реакцию амплификации из цельной крови напрямую минуя стадию выделения ДНК.

##### Первый способ:

1. Разморозить пробирки с РС и СП, перемешать на вортексе и центрифугировать для сброса капель.
2. В отдельной чистой пробирке подходящего размера смешать необходимый объем РС и СП (согласно таблице 2), перемешать смесь на вортексе и центрифугировать для сброса капель.
3. Внести в пробирки для ПЦР (планшеты, стрипы) по **20 мкл** приготовленной рабочей реакционной смеси.
4. Внести в пробирку **5 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O.
5. Добавить **0,5 мкл** цельной крови.

6. В одну из пробирок ПЦР (планшеты, стрипы) внести **20 мкл** приготовленной рабочей реакционной смеси и **5 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O (отрицательный контрольный образец), в еще одну внести **20 мкл** приготовленной рабочей реакционной смеси и **1 мкл** ПКО (положительный контрольный образец) и **4 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O.
7. Внести в пробирки для ПЦР со смесью 0,3-0,5 мкл крови с 5 мкл H<sub>2</sub>O по **20 мкл** приготовленной рабочей реакционной смеси.
8. Перемешать содержимое микропробирок на вортексе и центрифугировать для сброса капель. Убедиться в отсутствии пузырей в пробирках.

#### **Второй способ:**

1. Внести в пробирку для ПЦР **100 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O.
2. Добавить **2 мкл** цельной крови.
3. Перемешать содержимое на вортексе и центрифугировать для сброса капель.
4. Разморозить пробирки с РС и СП, перемешать на вортексе и центрифугировать для сброса капель.
5. В отдельной чистой пробирке подходящего размера смешать необходимый объем РС и СП (согласно таблице 2), перемешать смесь на вортексе и центрифугировать для сброса капель.
6. Внести в пробирки для ПЦР (планшеты, стрипы) по **20 мкл** приготовленной рабочей реакционной смеси.
7. Внести в пробирку **3 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O.
  1. Используя наконечники с аэрозольным барьером, внести **2 мкл** раствора крови в деионизованной H<sub>2</sub>O.
  8. В одну из пробирок (планшеты, стрипы) с приготовленной рабочей реакционной смесью внести **5 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O (отрицательный контрольный образец), в еще одну **1 мкл** ПКО (положительный контрольный образец) и **4 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O.
  9. Закрыть ПЦР пробирки.
  10. Перемешать содержимое микропробирок на вортексе и центрифугировать для сброса капель. Убедиться в отсутствии пузырей в пробирках.

**ПРИМЕЧАНИЕ!!!** При использовании второго способа значительно снижается вероятность внесения избыточного количества крови в реакцию и повышается качество амплификации.

### **3.3. Подготовка к проведению реакции амплификации из крови на ФТА карте**

1. Разморозить пробирки с РС и СП, перемешать на вортексе и кратковременно центрифугировать для сброса капель.
2. В отдельной чистой пробирке подходящего размера смешать необходимый объем РС и СП (согласно таблице 2), перемешать смесь на вортексе и центрифугировать для сброса капель.
3. Внести в пробирки для ПЦР (планшеты, стрипы) по **20 мкл** приготовленной рабочей реакционной смеси.
4. Внести в пробирку **5 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O.
5. Внести в пробирку для ПЦР панч ФТА карты диаметром 1-1,2 мм.
6. Общий объем довести до **25 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O.
7. В одну из пробирок (планшеты, стрипы) с приготовленной рабочей реакционной смесью внести **5 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O (отрицательный контрольный образец), в еще одну **1 мкл** ПКО (положительный контрольный образец) и **4 мкл** деионизованной H<sub>2</sub>O.
8. Закрыть ПЦР пробирки.



9. Перемешать содержимое микропробирок на вортексе и центрифугировать для сброса капель. Убедиться в отсутствии пузырей в пробирках.

### 3.4. Подготовка к проведению реакции амплификации из ушного выщипа

1. В 2 мл пробирку поместить 5-10 мг навески ткани ушного выщипа.
2. Добавить 300 мкл реагента «ГенПреп» (кат. № HG-504) и провести обработку согласно инструкции.
3. Разморозить пробирки с РС и СП, перемешать на вортексе и кратковременно центрифугировать для сброса капель.
4. В отдельной чистой пробирке подходящего размера смешать необходимый объем РС и СП (согласно таблице в п.п. 3.1), перемешать смесь на вортексе и центрифугировать для сброса капель.
5. Внести в пробирки для ПЦР (планшеты, стрипы) по 20 мкл приготовленной рабочей реакционной смеси.
6. Используя наконечники с аэрозольным барьером, внести от 1 до 3 мкл раствора, полученного при обработке ушного выщипа.
7. Общий объем довести до 25 мкл деионизованной H<sub>2</sub>O.
8. В одну из пробирок (планшеты, стрипы) с приготовленной рабочей реакционной смесью внести 5 мкл деионизованной H<sub>2</sub>O (отрицательный контрольный образец), в еще одну 1 мкл ПКО (положительный контрольный образец) и 4 мкл деионизованной H<sub>2</sub>O.
9. Закрыть ПЦР пробирки.
10. Перемешать содержимое микропробирок на вортексе и центрифугировать для сброса капель. Убедиться в отсутствии пузырей в пробирках.

**ВАЖНО!!!** При обработке реагентом «ГенПреп» препарат ДНК не очищается от продуктов лизиса клеток. Что может привести к ингибированию амплификации. Поэтому, оптимальный объем раствора для внесения в ПЦР должен быть установлен в каждой лаборатории самостоятельно.

### 3.5. Проведение амплификации

Поместить пробирки в прибор для ПЦР. Убедиться, что крышки пробирок плотно закрыты и запустить программу амплификации на термоциклере:

Температура	Время	ДНК, кровь	Кровь на ФТА карте
95 <sup>0</sup> С	2 мин		
95 <sup>0</sup> С	5 сек	30 циклов	32 цикла
60 <sup>0</sup> С	1 мин		
72 <sup>0</sup> С	20 сек		
59 <sup>0</sup> С	10 мин		

ПЦР-продукты можно хранить неделю в защищенном от света месте при 2...8<sup>0</sup>С. В случае длительного хранения при -20<sup>0</sup>С.

#### 4. ПРОВЕДЕНИЕ КАПИЛЛЯРНОГО ЭЛЕКТРОФОРЕЗА НА НАНОФОР 05

Для получения полного STR-профиля проводится фрагментный анализ – электрофоретическое разделение продуктов амплификации, полученных с помощью набора Gene Profile Cattle.

Анализ продуктов амплификации на генетическом анализаторе возможен только после проведения спектральной калибровки с 5-цветным калибратором СК-5 (Синтол, кат. № СК-0501).

##### 4.1. Проведение спектральной калибровки

1. В отдельной пробирке смешать 80 мкл Ди-формамида и 4 мкл раствора СК-5, перемешать смесь на вортексе и центрифугировать для сброса капель.
2. Добавить по 10 мкл рабочего раствора в лунки одного ряда 96-луночного планшета (возможно нанесение в любой ряд планшета) или в стрипованные пробирки. При необходимости удалить пузыри со дна лунок (пробирок) кратким центрифугированием.
3. Установить 96-луночный планшет или стрипованные пробирки в прибор для капиллярного электрофореза.
4. Провести калибровку по стандартному протоколу для СК-5.

##### 4.2. Подготовка и загрузка продуктов амплификации

1. Приготовить смесь Ди-формамида и размерного стандарта СД-240 в следующем соотношении:

Компонент	Объем на одну лунку, мкл
Ди-формаמיד	10
Стандарт длины СД-240	1

**ПРИМЕЧАНИЕ!** При расчете объемов компонентов смеси, необходимых на весь анализ, следует учесть, что как минимум одна лунка плашки/стрипа при анализе каждой серии образцов должна содержать ПКО.

2. Перемешать на вортексе и кратковременно центрифугировать для сброса капель.
3. Добавить по 10 мкл смеси в каждую лунку плашки/стрипа.
4. Внести в смесь по 1 мкл ПЦР-продукта.
5. Закрыть плашку/стрип.
6. Перемешать на вортексе и кратковременно центрифугировать для сброса капель.
7. Денатурировать образцы 5 мин при 95°C.

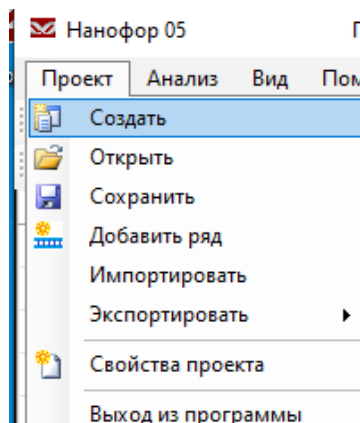
**ВАЖНО!!!** Инъекция образцов происходит из восьми лунок ряда одновременно. Не допускается запуск прибора, если в анализируемом ряду имеется хотя бы одна незаполненная лунка! В пустые лунки, не содержащие образцы, следует внести по 10 мкл формамида.

8. Собрать плашку и загрузить в генетический анализатор в соответствии с руководством пользователя.

##### 4.3. Запуск фрагментного анализа

Капиллярный электрофорез на генетическом анализаторе проводится в соответствии с руководством пользователя, предоставляемым производителем.

1. Открыть программу SeqPI, в верхнем меню нажать кнопку «Проект». В открывшейся вкладке выбрать «Создать».



2. В окне «Свойство проекта» необходимо заполнить поля «Оператор» и «Имя проекта», затем нажать кнопку «Принять».

3. В окне «Описание проекта» внести названия образцов (если в лунке нет образца, необходимо поставить знак «-»). Кликнуть два раза на ячейку в строке ПА под заполненным рядом и установить программу анализа.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	1											
B	2											
C	3											
D	-											
E	-											
F	-											
G	-											
H	-											
▶ ПА												

4. В случае если установлен модуль «**Syntol – GP Cattle**» использовать его. Если модуль не установлен использовать следующие значения: тип анализа – «**Фрагментный**», модуль управления – «**FA\_450**», набор красителей- «**СК-5**»

Рекомендуемые параметры электрофореза в зависимости от длины капилляров и типа полимера представлены в таблице:

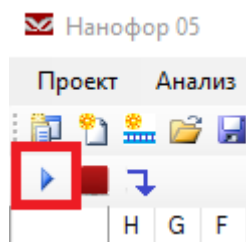
Длина капилляров	36 см		50 см	
Вид полимера	ПДМА-4	ПДМА-6	ПДМА-4	ПДМА-6
Напряжение ввода пробы [В]	1200			
Время ввода пробы [сек]	20			
Напряжение электрофореза [В]	15000			
Время электрофореза [сек]	1150	1500	2000	2700
Время исключения регистрации электрофореза [сек]	400	500	800	900

**ПРИМЕЧАНИЕ!** В зависимости от прибора значения параметров электрофореза могут отличаться.

5. Чтобы сохранить установленный модуль для дальнейшего использования, нажмите на кнопку с синей дискетой. В графе «**имя файла**» задайте «**Syntol – GP Cattle**» и нажмите «**Сохранить**». В дальнейшем для запуска будет достаточно выбрать модуль управления – «**Syntol – GP Cattle**».

6. В правом нижнем углу нажать кнопку «**Принять**».

7. Кликнуть по клавише запуска электрофореза.



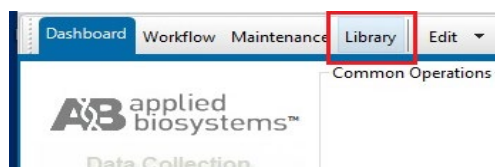
## 5. ПРОВЕДЕНИЕ КАПИЛЛЯРНОГО ЭЛЕКТРОФОРЕЗА НА АВ3500/АВ3500XL

### 5.1. Проведение спектральной калибровки

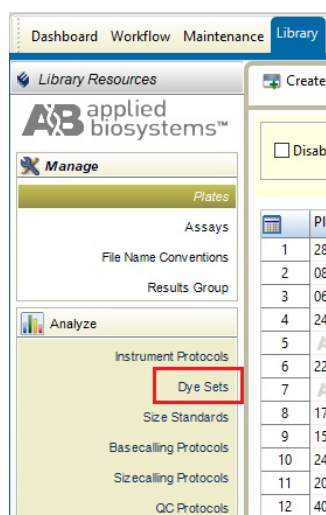
Анализ продуктов амплификации на генетическом анализаторе возможен только после проведения спектральной калибровки с 5-цветным калибратором **СК-5** (Синтол, кат. № СК-0501).

#### 5.1.1. Создание DyeSets

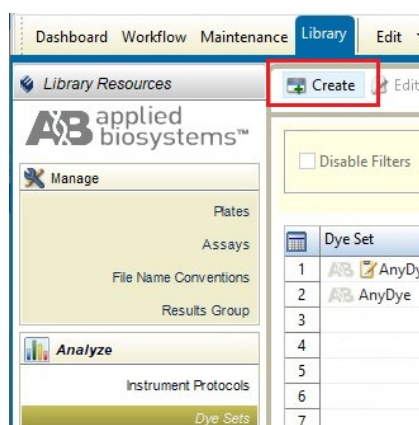
1. Открыть программу **Data Collection Software**.
2. Кликнуть по иконке «**Library**» в левом верхнем углу окна.



3. В разделе «**Analyze**» выбрать вкладку «**DyeSets**».



4. В верхней части нажать кнопку «**Create**».



5. В открывшемся окне в поле «**Dye Set Name**» написать **СК-5**, в поле «**Chemistry**» из выпадающего списка выбрать «**Matrix Standard**», а в поле «**Dye Set Template**» из выпадающего списка выбрать «**AnyDye Template**».

Create New Dye Set

**Setup a Dye Set**

✘ Dye Set Name is a required field. Provide a unique value.

\* Dye Set Name   Locked

\* Chemistry

\* Dye Set Template

Arrange Dyes

Dye Selection

Reduced Selection

Calibration Peak Order

**Parameters**

Notes

6. В таблице «**Arrange Dyes**» установить последовательность пиков, на вкладке «**Parameters**» установить диапазон пиков и время электрофореза.

Edit Dye Set CK-5

**Setup a Dye Set**

\* Dye Set Name CK-5  Locked

\* Chemistry Matrix Standard

\* Dye Set Template AnyDye Template

Arrange Dyes

Dye Selection	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Reduced Selection	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Calibration Peak Order	5	4	3	2	1

**Parameters**

The parameters will be used for instruments configured with 36cm capillary array and polymer POP4

Matrix Condition Number Upper Limit

Locate Start Point \* After Scan  \* Before Scan

\* Limit Scans To

Sensitivity

\* Minimum Quality Score

Notes

Applied Biosystems

**ПРИМЕЧАНИЕ!** Время электрофореза «Limit Scans To» зависит от длины капилляров и типа полимера.

7. Нажать кнопку «**Save**», для сохранения Dye Set CK-5.

### 5.1.2. Подготовка раствора спектрального калибратора

1. В отдельной пробирке смешать Ди-формамид и раствор СК-5 по протоколу:

	AB3500	AB3500XL
Ди-формамид	80 мкл	240 мкл
СК-5	4 мкл	12 мкл

2. Перемешать смесь на вортексе и центрифугировать для сброса капель.
3. Добавить по 10 мкл рабочего раствора в лунки:

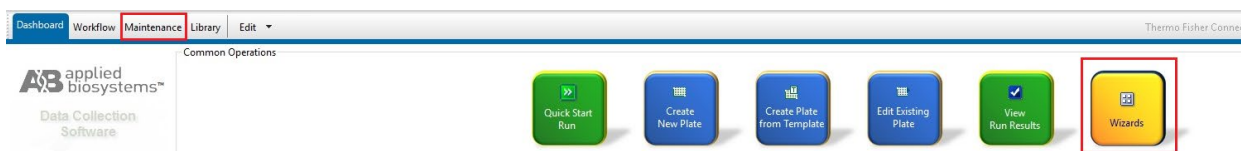
**ПРИМЕЧАНИЕ!** В случае 24-капиллярного генетического анализатора – внести раствор в три ряда 96-луночного планшета (возможно внесение в 1-3, 4-6, 7-9, 10-12 ряды планшета) или в стрипованные пробирки.

В случае 8-капиллярного генетического анализатора - внести раствор в ряд 96-луночного планшета или в стрипованные пробирки.

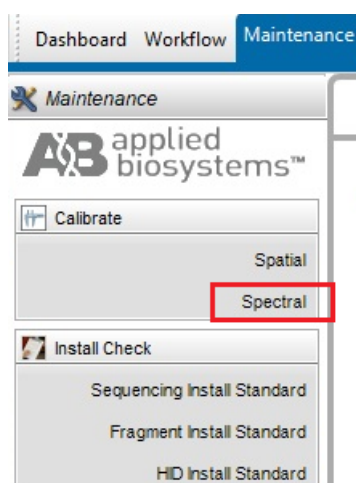
4. Установить 96-луночный планшет или стрипованные пробирки, с раствором калибратора СК-5, в прибор для капиллярного электрофореза.

### 5.1.3. Запуск спектральной калибровки

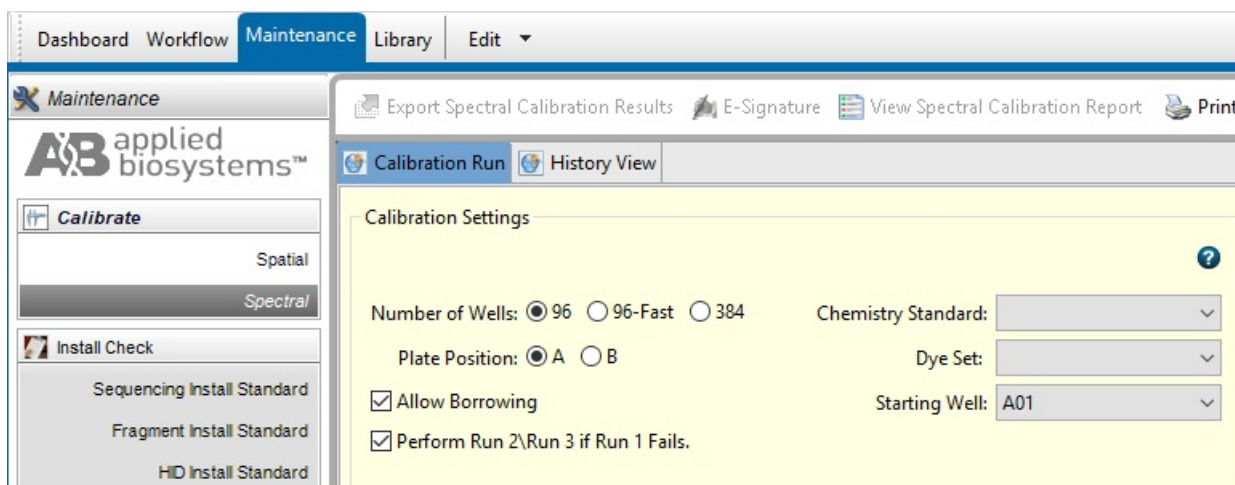
1. Открыть программу Data Collection Software. Кликнуть по кнопке «Maintenance» в верхней строке или «Wizard».



2. В открывшейся вкладке слева в разделе «Calibrate» выбрать «Spectral».



3. В открывшемся окне «Calibration Run», указать «Number of Wells» - количество лунок в используемом планшете, «Plate Position» - позицию планшета в приборе, в поле «Chemistry Standard» из выпадающего списка выбрать **Matrix Standard**, в поле «Dye Set» из выпадающего списка выбрать **СК-5**, а в поле «Starting Well» указать номер первого стрипа в планшете, который содержит смесь калибратора.



4. Нажать на кнопку «**Start Run**» для запуска спектральной калибровки.
5. После завершения калибровки нажать кнопку «**Accept**» в нижней части окна.

### 5.2. Подготовка и загрузка продуктов амплификации

9. Приготовить смесь Ди-формамида и размерного стандарта СД-240 в следующем соотношении:

Компонент	Объем на одну лунку, мкл
Ди-формаמיד	10
Стандарт длины СД-240	1

**ПРИМЕЧАНИЕ!** При расчете объемов компонентов смеси, необходимых на весь анализ, следует учесть, что как минимум одна лунка плашки/стрипа при анализе каждой серии образцов должна содержать ПКО.

10. Перемешать на вортексе и кратковременно центрифугировать для сброса капель.
11. Добавить по **10 мкл** смеси в каждую лунку плашки/стрипа.
12. Внести в смесь по 1 мкл ПЦР-продукта.
13. Закрыть плашку/стрип.
14. Перемешать на вортексе и кратковременно центрифугировать для сброса капель.
15. Денатурировать образцы 5 мин при 95°C.

**ВАЖНО!!!** Нанесение образцов происходит из восьми (AB3500) или двадцати четырех (AB3500 XL) лунок ряда одновременно. Не допускается запуск прибора, если в анализируемом ряду имеется хотя бы одна незаполненная лунка! В пустые лунки, не содержащие образцы, следует внести по 10 мкл формамида.

16. Собрать плашку и загрузить в генетический анализатор в соответствии с руководством пользователя.

### 5.3. Запуск фрагментного анализа

Капиллярный электрофорез на генетическом анализаторе проводится в соответствии с руководством пользователя, предоставляемым производителем.

Рекомендуемые параметры электрофореза:



Параметры	Рекомендуемое значение
Injection Voltage, [kVolts]	1.2
Injection Time, [sec.]	20
Run Voltage, [kVolts]	15

Время электрофореза - «**Run Time**» и время исключения регистрации электрофореза - «**Data Delay**», зависит от типа полимера и длины капилляров и настраивается пользователем в зависимости от используемой комбинации капилляров и полимера.

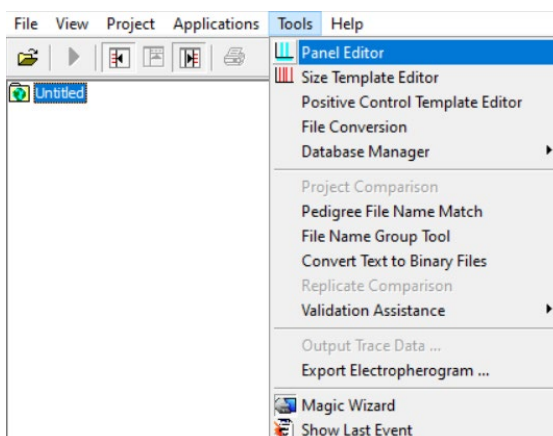
## 6. АНАЛИЗ ДАННЫХ

### 6.1. Анализ данных в программах GeneMarker и GeneMarker HID

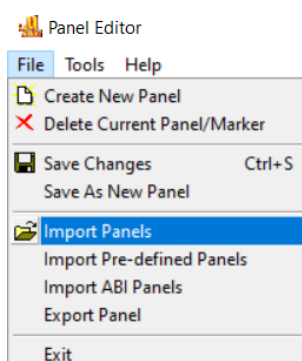
#### 6.1.1. Импорт файлов для анализа данных

При первом анализе данных необходимо импортировать файл панели, содержащий информацию о бинах и файл размерного стандарта. Файлы предоставляются производителем набора. Для этого:

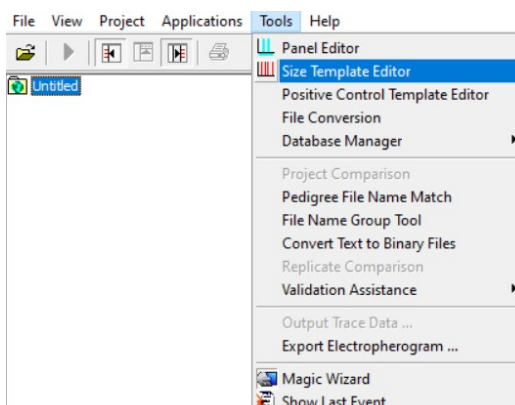
1. Запустить программу **GeneMarker/ GeneMarker HID**. В верхнем меню выбрать «**Tools**», в выпавшем списке «**Panel Editor**».



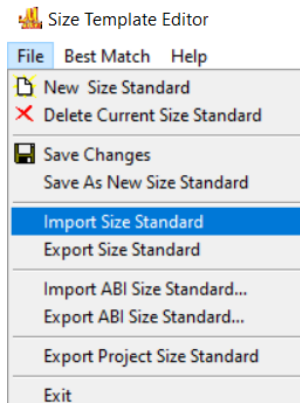
2. В открывшемся окне выбрать «**File**» в выпавшем списке «**Import Panels**».



3. Выбрать папку с файлом панели (Gr\_Cattle) и подгрузить его в программу **GeneMarker/ GeneMarker HID**.
4. Закрыть окно «**Panel Editor**».
5. Затем в верхнем меню выбрать «**Tools**», в выпавшем списке «**Size Template Editor**».



6. В открывшемся окне выбрать «**File**» в выпавшем списке «**Import Size Standard**».

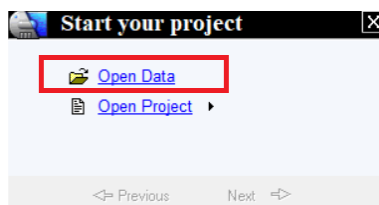


7. Выбрать папку с файлом размерного стандарта (СД-240) и подгрузить его в программу **GeneMarker/ GeneMarker HID**.

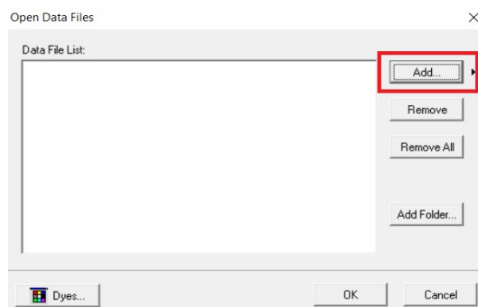
8. Закрыть окно «**Size Template Editor**».

### 6.1.2. Создание проекта анализа данных

1. В верхнем меню программы выбрать «**File**», в выпавшем списке «**Open Data**». Либо, заново запустить программу **GeneMarker/ GeneMarker HID**. Кликнуть по «**Open Data**» в окне «**Start your project**».



2. Нажать «**Add**» и загрузить нужные файлы.



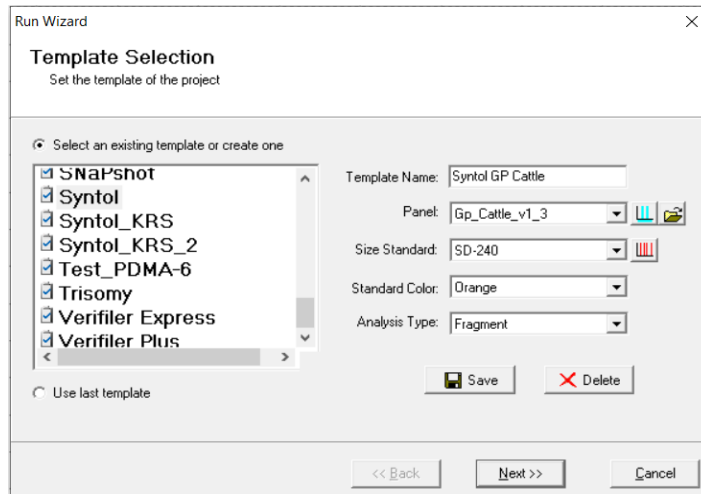
3. После добавления файлов нажать «**OK**».

4. Кликнуть по «**Run**» в окне «**Run**». Или запустить анализ нажав на клавишу «**Run Project**» в верхнем меню.

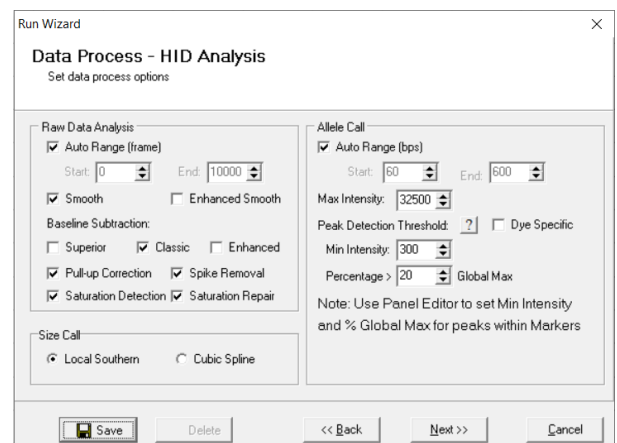
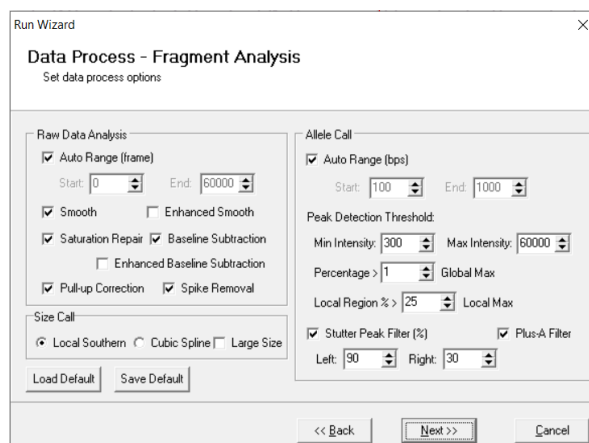


5. В открывшемся окне «**Run Wizard**» из списка шаблонов выбрать шаблон (template) для модификации, нажать на него левой кнопкой мыши. Для программы **GeneMarker** в графе

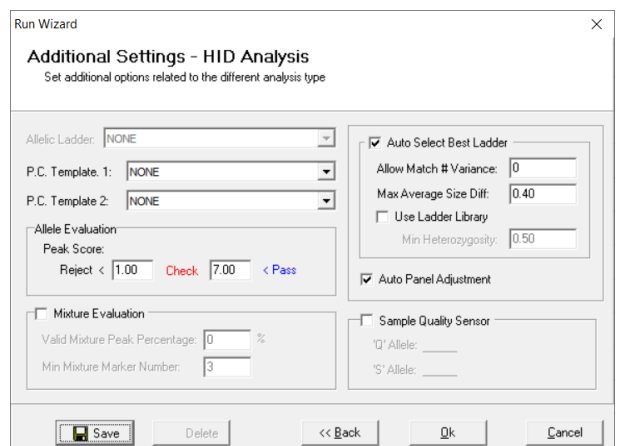
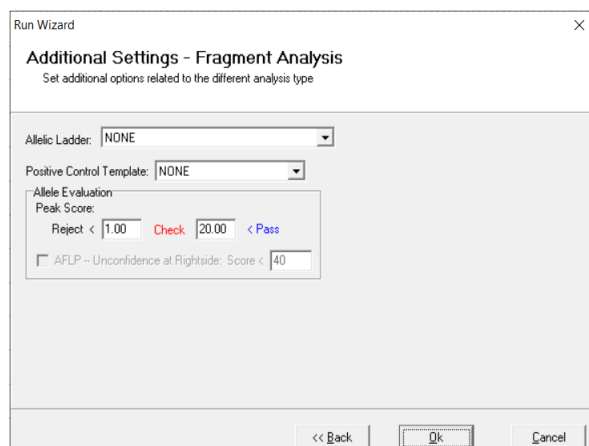
«Analysis Type» выбрать тип анализа «Fragment», в **GeneMarker HID** такой опции нет. В графе «Panel» выбрать панель «Gp\_Cattle», в графе «Size Standard» выбрать размерный стандарт «СД-240», указать цвет краски размерного стандарта и дать новое имя шаблону, например, «Syntol GP Cattle». Нажать «Next».



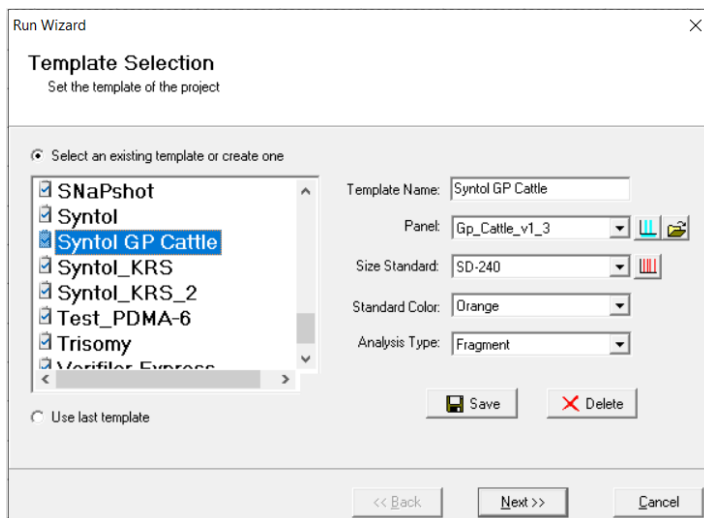
6. В следующем окне выбрать настройки в соответствии с указанными на скриншотах для **GeneMarker** слева и **GeneMarker HID** справа. Нажать «Next».



7. В следующем окне выбрать настройки в соответствии с указанными на скриншотах для **GeneMarker** слева и **GeneMarker HID** справа. Два раза нажать «Back» и вернуться к первому окну шаблона.



8. В открывшемся первом окне «**Run Wizard**» ещё раз проверить все настройки и нажать «**Save**». Теперь в списке шаблонов появился новый шаблон анализа для работы с набором **Gene Profile Cattle**, для последующих анализов можно выбирать его без дополнительных корректировок.



9. Для анализа текущего проекта нужно два раза нажать «**Next**», в последнем окне «**OK**».

### 6.1.3. Анализ размерного стандарта

1. Необходимо убедиться, что во всех образцах правильно подписан размерный стандарт. Для этого, в верхней панели нужно нажать на кнопку «**Size Calibration**».



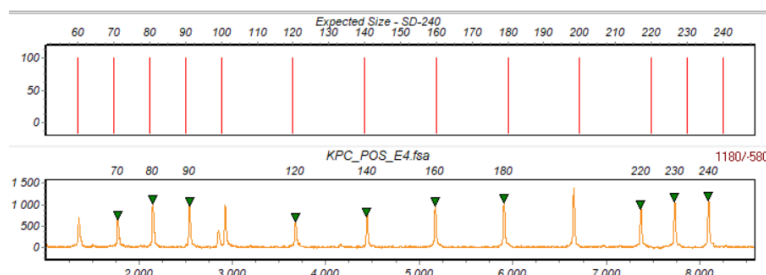
2. В открывшемся окне «**Calibration Charts**» проверить все образцы по списку и убедиться, что оценка качества размерного стандарта не ниже 96 баллов из 100. Если это верно для всех образцов, то дальнейшие действия не требуются, окно можно закрыть.

No.	Sample Name	Score
1	KPC_POS_A4.fsa	98
2	KPC_POS_B4.fsa	98
3	KPC_POS_C4.fsa	98
4	KPC_POS_D4.fsa	98
5	KPC_POS_E4.fsa	98
6	KPC_POS_F4.fsa	98
7	KPC_POS_G4.fsa	98
8	KPC_POS_H4.fsa	98

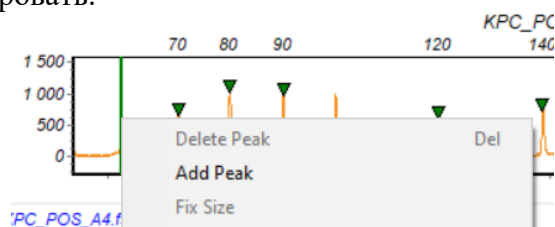
3. Если для каких-то образцов оценка качества размерного стандарта ниже 96 баллов, его нужно проверить, и, возможно, переподписать. Для этого, в списке образцов выбрать нужный образец нажатием левой кнопки мыши.

No.	Sample Name	Score
1	KPC_POS_A4.fsa	98
2	KPC_POS_B4.fsa	98
3	KPC_POS_C4.fsa	98
4	KPC_POS_D4.fsa	98
5	KPC_POS_E4.fsa	75
6	KPC_POS_F4.fsa	98
7	KPC_POS_G4.fsa	98
8	KPC_POS_H4.fsa	98

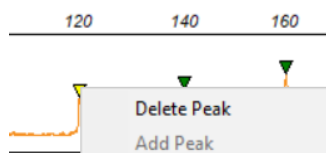
4. Справа верхний график – это виртуальный размерный стандарт, построенный программой для проверки, на него нужно ориентироваться визуально. График ниже – размерный стандарт выбранного образца. Нужно убедиться, что паттерн подписанных пиков нижнего графика совпадает с паттерном пиков верхнего графика. Подписанные пики имеют зелёные треугольники на вершинах.



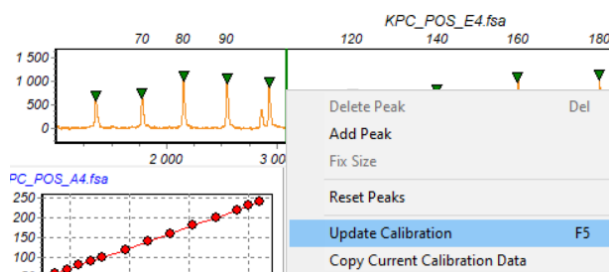
5. Если на каких-то пиках треугольников не хватает, нужно их проставить, нажав правой кнопкой мыши на нужный пик и выбрав в выпавшем меню «Add Peak». Для удобства график можно масштабировать.



6. Лишние пики можно удалить, нажав на них правой кнопкой мыши и выбрав «Delete Peak».

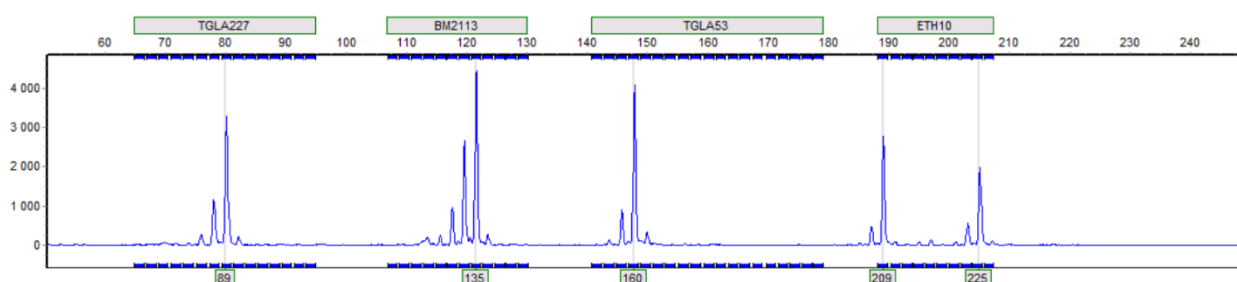


7. По окончании корректировки пиков стандарта выбранного образца, нужно правой кнопкой мыши нажать на свободное поле между пиками и в выпадающем меню выбрать «Update Calibration». Повторить процедуру для всех образцов, качество размерного стандарта которых ниже 96 баллов. Закрывать окно «Calibration Charts» и приступить к анализу ПКО.

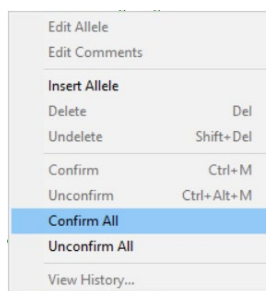


#### 6.1.4. Анализ положительного контрольного образца (ПКО)

1. Кликнуть два раза левой клавишей мыши по файлу с ПКО.
2. В верхнем меню выбрать канал «Blue» используя клавишу «Show Dye».
3. Убедиться, что всем пикам ПКО по каналу «Blue» присвоено верное значение аллеля. Подписи лишних пиков нужно удалить, выбрав их нажатием левой кнопки мыши, с помощью кнопки «DELETE».



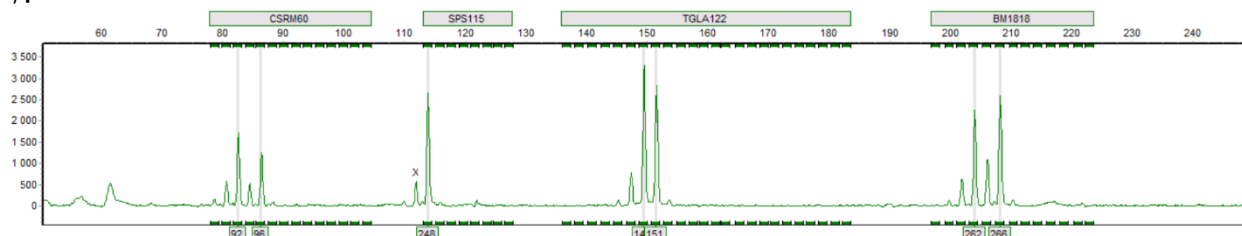
4. Если остались жёлтые или красные подписи пиков, при условии, что они верные, их нужно принять. Правой кнопкой мыши нажать на пустое поле графика, без пиков, и в выпавшем меню выбрать «**Confirm all**».



5. В верхнем меню выбрать канал «**Green**» используя клавишу «**Show Dye**».

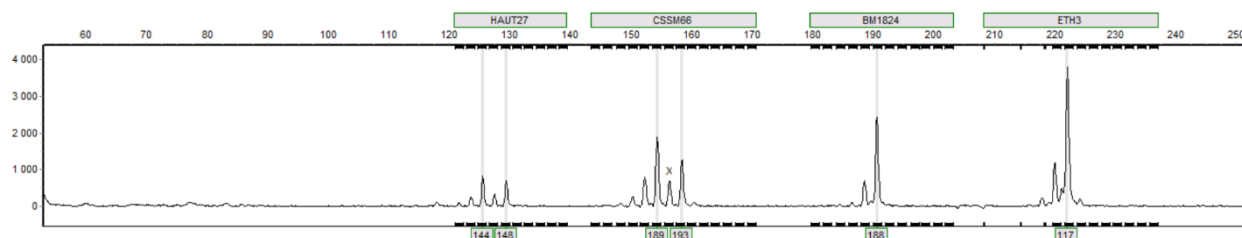
6. Убедиться, что всем пикам **ПКО** по каналу «**Green**» присвоено верное значение аллеля. Подписи лишних пиков нужно удалить, выбрав их нажатием левой кнопки мыши, с помощью кнопки «**DELETE**». Если остались жёлтые или красные подписи пиков, при условии, что они верные, их нужно принять.

7.



8. В верхнем меню выбрать канал «**Yellow**» используя клавишу «**Show Dye**».

9. Убедиться, что всем пикам **ПКО** по каналу «**Yellow**» присвоено верное значение аллеля. Подписи лишних пиков нужно удалить, выбрав их нажатием левой кнопки мыши, с помощью кнопки «**DELETE**». Если остались жёлтые или красные подписи пиков, при условии, что они верные, их нужно принять.



10. В верхнем меню выбрать канал «**Red**» используя клавишу «**Show Dye**».

11. Убедиться, что всем пикам **ПКО** по каналу «**Red**» присвоено верное значение аллеля. Подписи лишних пиков нужно удалить, выбрав их нажатием левой кнопки мыши, с

помощью кнопки «**DELETE**». Если остались жёлтые или красные подписи пиков, при условии, что они верные, их нужно принять.

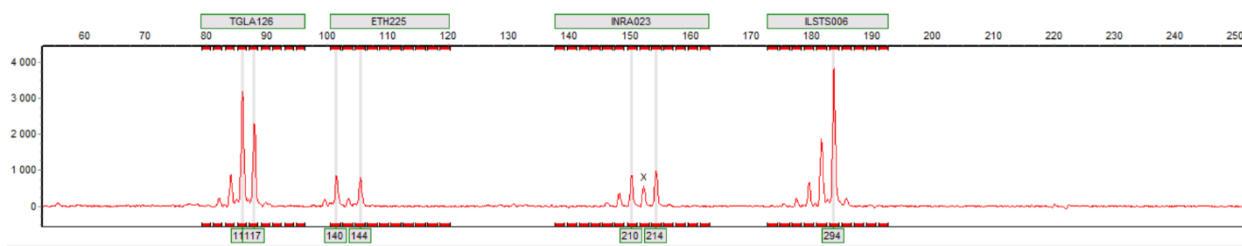
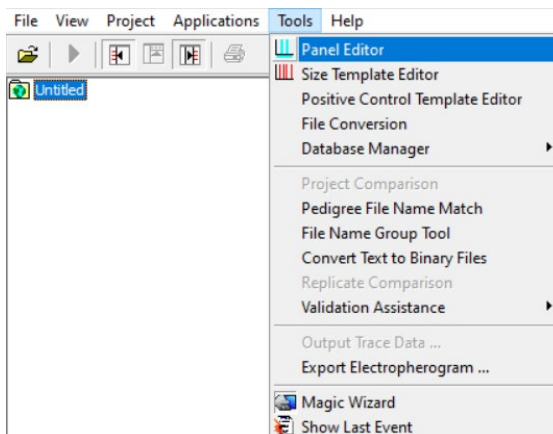


Таблица 3. Аллельное состояние положительного контрольного образца (ПКО)

Канал детекции	Локус	Хромосомная локализация	Аллельное состояние
FAM	TGLA227	D18S1	89
	BM2113	D2S26	135
	TGLA53	D16S3	160
	ETH10	D5S3	209/225
R6G	CSRM60	D10S5	92/96
	SPS115	D15	248
	TGLA122	D21S6	149/151
	BM1818	D23S21	262/266
TAMRA	HAUT27	D26S21	144/148
	CSSM66	D14S31	189/193
	BM1824	D1S34	188
	ETH3	D5S3	117
ROX	TGLA126	D20S1	115/117
	ETH225	D9S2	140/144
	INRA023	D3S10	210/214
	ILSTS006	D7S8	294

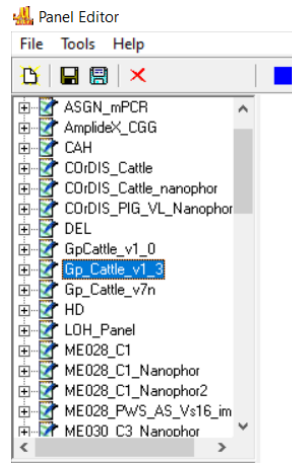
12. Если присвоенные значения аллелей не соответствует значениям в таблице, необходимо настроить панель.

13. Для настройки панели необходимо в верхнем меню выбрать «**Tools**», в выпавшем списке «**Panel Editor**».

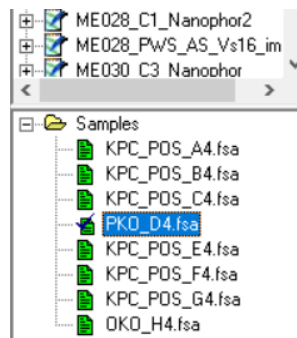




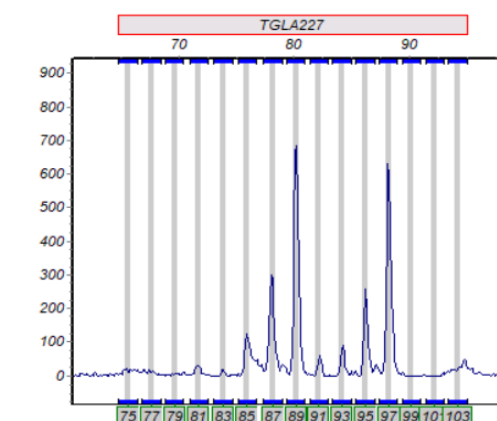
14. В списке панелей слева выбрать панель для редактирования. Если используете программу **GeneMarker HID**, то не выбирайте самую верхнюю панель. Нужная панель находится в общем списке по алфавитному порядку.



15. В списке образцов ниже выбрать только положительные контроли (ПКО). С лишних образцов снять галочки выделения нажав дважды левой кнопкой мыши.



16. В окне панели проверить все маркеры на правильность определения аллелей, и маркеры, в которых аллели ПКО определились неверно, сдвинуть до правильного положения. Для передвижения маркера нажать и удерживать клавишу «**Shift**», нажать и удерживать левой кнопкой мыши на название маркера на полосе сверху и мышью передвинуть маркер в нужное положение. Точно так же можно двигать и отдельные аллели внутри маркера. Между красками панели можно переключаться, нажимая на цветное обозначение краски в верхнем меню. В окне панели возможно такое же масштабирование, как и на графиках образцов в основном рабочем окне.



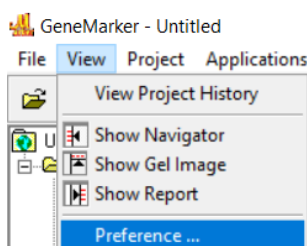
17. По окончании редактирования панели, необходимо её сохранить, нажав на значок сохранения в верхнем меню. Можно, также, охранить отредактированную панель под новым названием в меню «File» выбрав «Save As New Panel».

18. Далее, нужно закрыть окно «Panel Editor» и заново перезапустить анализ проекта, в стандартном шаблоне выбрав отредактированную панель вместо обычной.

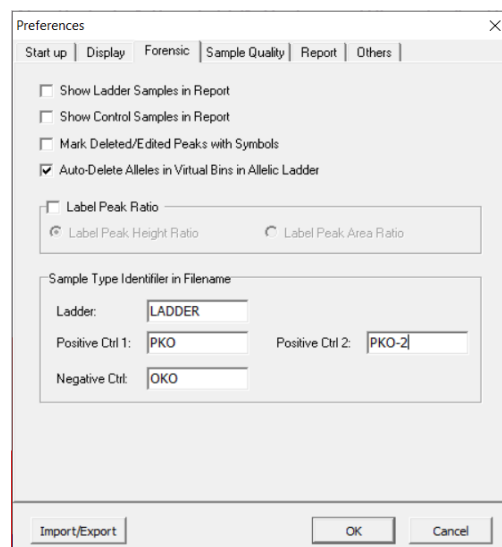
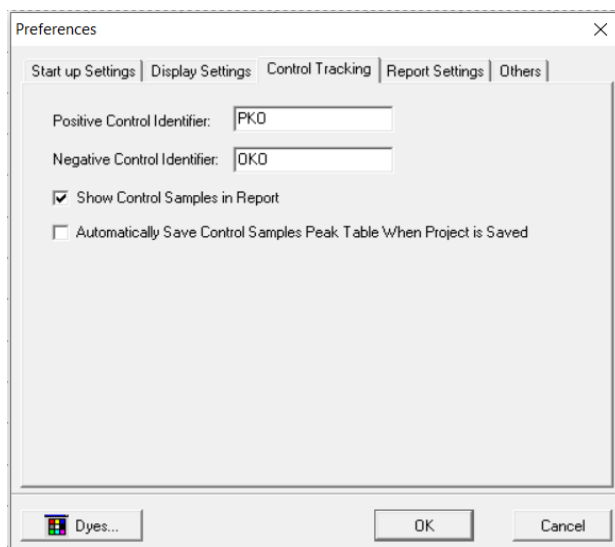
### 6.1.5. Внесение профиля ПКО в шаблон анализа.

1. Нужно определиться со стандартным названием для положительных контролей в лаборатории, например, «ПКО». Таким образом, все образцы ПКО в каждом проекте должны именоваться «ПКО». То же самое для отрицательных контролей.

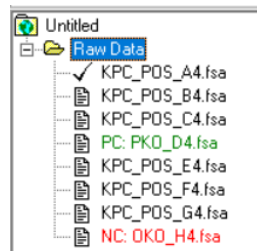
2. В верхнем меню выбрать «View», в выпавшем списке «Preferences».



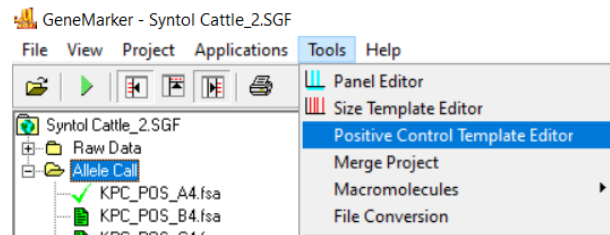
3. В открывшемся окне «Preferences» открыть вкладку «Control Tracking» для GeneMarker или вкладку «Forensic» для GeneMarker HID. В поле «Positive Control Identifier» ввести стандартное наименование для положительного контроля (ПКО), а в поле «Negative Control Identifier» – отрицательного контроля (ОКО). Нажать «OK».



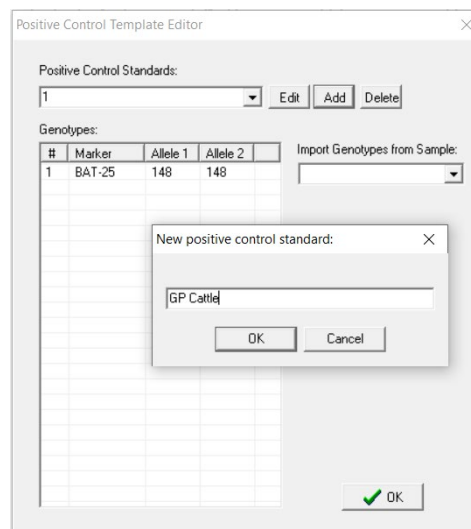
4. Теперь, программа будет определять ПКО и ОКО в проекте автоматически. Если загрузке каких-то образцов контроли не определились, нужно ещё раз проверить их стандартные наименования в окне «Preferences». Также, любому образцу в проекте можно принудительно назначить статус ПКО или ОКО, нажав на него в списке правой кнопкой мыши, в выпадающем меню нажав «Set Sample Type» и выбрав соответствующий тип образца.



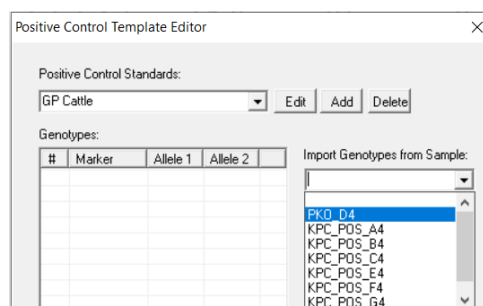
5. В верхнем меню программы выбрать «**Tools**», в выпавшем списке «**Positive Control Template Editor**».



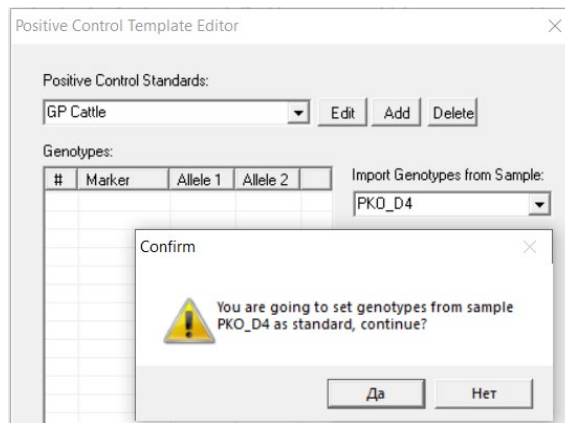
6. В открывшемся окне нажать кнопку «**Add**». В появившееся поле ввести название для текущего положительного контроля к конкретному набору. Удобнее всего их различать по названию наборов. Таким образом, для набора **Gene Profile Cattle** подходящим названием ПКО будет «**GP Cattle**», например. Нажать «**OK**».



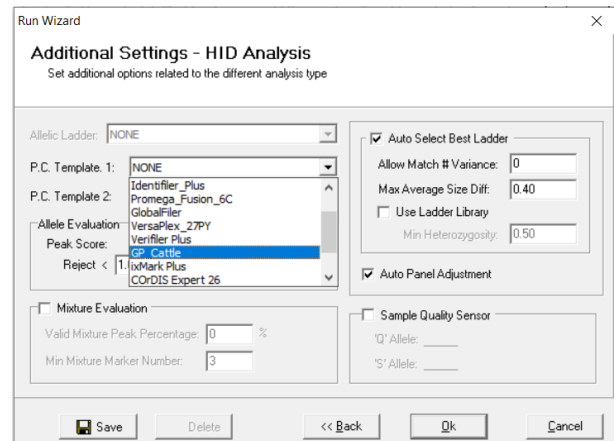
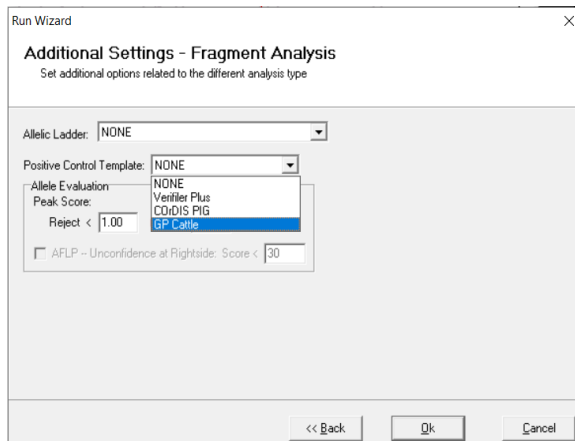
7. В строке «**Import Genotypes from Sample**» выбрать проверенный положительный контроль из текущего проекта.



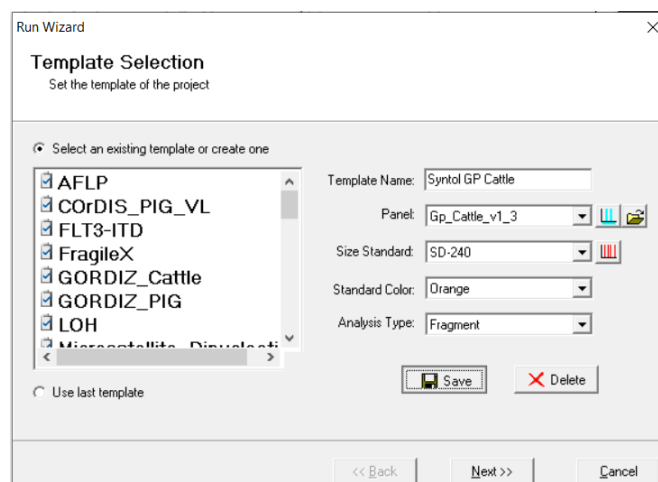
8. В открывшемся окне нажать «**Да**». Далее, нажать «**OK**» внизу окна.



9. Запустить анализ нажав на клавишу «**Run Project**» в верхнем меню. В открывшемся окне «**Run Wizard**» из списка выбрать нужный шаблон (**Syntol GP Cattle**), два раза нажать «**Next**». В графе «**Positive Control Template**»/ «**P. C. Template 1**» выбрать подходящий положительный контроль в соответствии с названием, которое было дано ему в пункте 6. Два раза нажать «**Back**» и вернуться к первому окну шаблона.



10. Нажать «**Save**». Теперь, при анализе по этому шаблону программа будет автоматически проверять получившийся генотип **ПКО**. Проанализировать проект снова, теперь с проверкой **ПКО**, можно два раза нажав «**Next**», в последнем окне «**OK**».



### 6.1.6. Анализ отрицательного контрольного образца (ОКО)

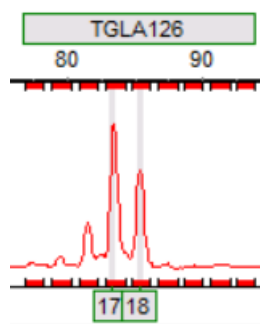
1. Кликнуть два раза левой клавишей мыши по файлу с **ОКО**.
2. Убедиться, что в диапазоне выхода целевых фрагментов отсутствуют какие-либо пики, кроме пиков размерного стандарта.

### 6.1.7. Анализ образцов

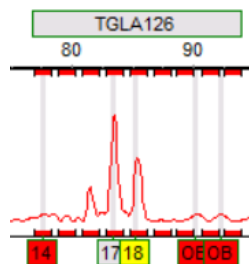
1. Кликнуть два раза левой клавишей мыши по файлу образца.
2. В верхнем меню выбрать анализируемый канал используя клавишу «**Show Dye**»
3. Убедиться, что всем пикам по анализируемому каналу присвоено значение аллеля.

### 6.1.8. Исключение из анализа статтеров и артефактных пиков

Микросателлитные локусы, представленные в наборе, несут динуклеотидные повторы, что приводит к образованию высоких статтеров (побочные продукты амплификации связанные с «проскальзыванием» полимеразы). Они могут достигать до 90% величины основного пика. А в случае наличия двух соседних аллелей в локусе, сигнал статтера длинной аллели суммируется с сигналом основного пика короткой аллели, что приводит к дисбалансу по высоте аллелей.

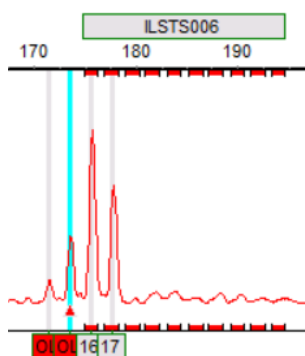


Также, возможно присутствие артефактных пиков, связанных с постановкой амплификации напрямую (минуя стадию выделения ДНК).

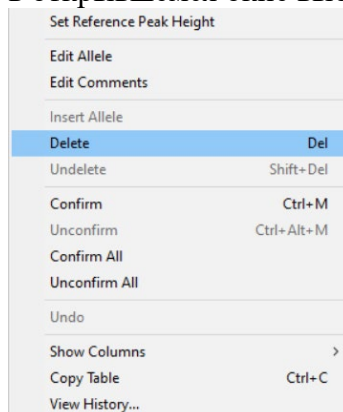


Для исключения из анализа статтеров и артефактных пиков нужно:

1. Навести курсор на пик статтера, выделить его, щелкнув левой клавишей мыши.



- Нажать правую кнопку мыши и в открывшемся окне выбрать «Delete».

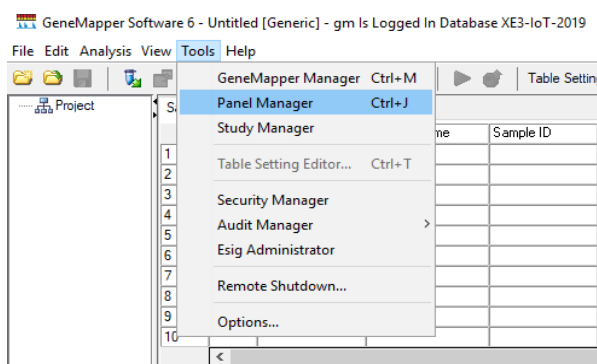


## 6.2. Анализ данных в Gene Mapper

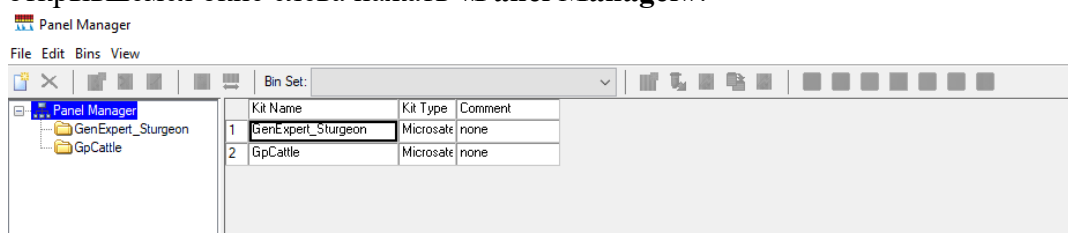
### 6.2.1. Импорт файлов для анализа данных

При первом анализе данных необходимо импортировать файлы панели, бинов, а также файл размерного стандарта. Файлы предоставляются производителем набора. Для этого:

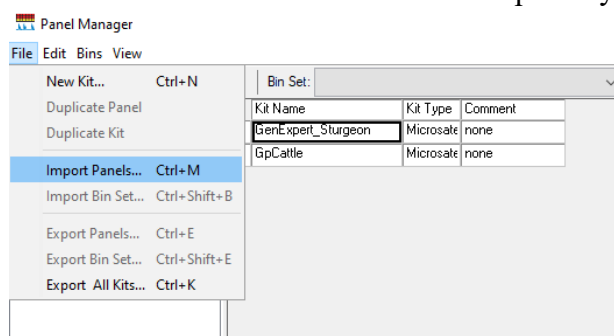
- Запустить программу **GeneMapper Software 6** в верхнем меню нажать «Tools» в выпавшем списке выбрать «Panel Manager».



- В открывшемся окне слева нажать «Panel Manager».



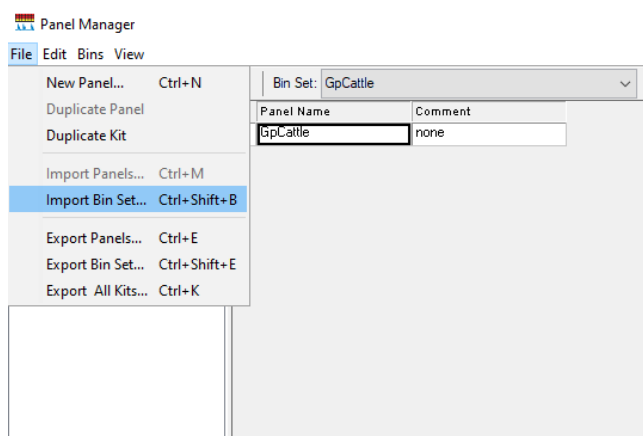
- В верхнем меню нажать «File» в выпавшем списке выбрать пункт «Import Panels».



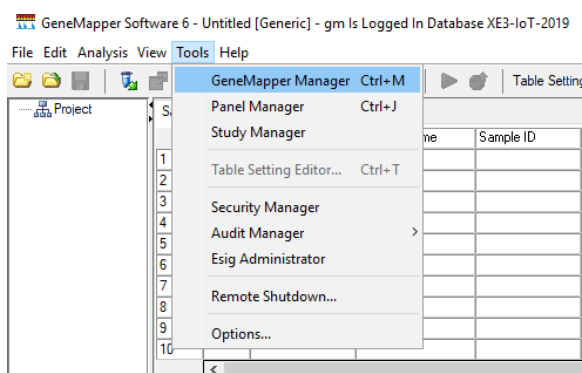
4. Выбрать папку с файлом панели (GpCattle) и подгрузить его в программу нажатием кнопки «**Import**».
5. Щелкнуть по папке GpCattle появившейся в списке «**Panel Manager**»



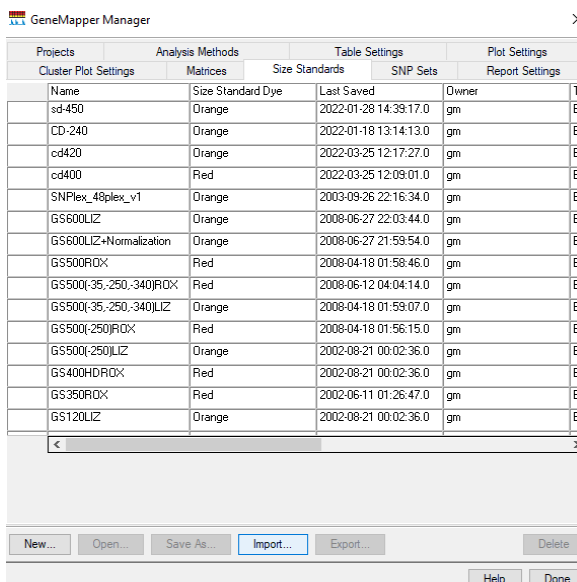
6. В верхнем меню нажать «**File**» в открывшемся списке выбрать пункт «**Import Bin Set**».



7. Выбрать папку с файлом бинов (GpCattle\_bins) и подгрузить его в программу нажатием кнопки «**Import**». Закрыть окно «**Panel Editor**».
8. В верхнем меню нажать «**Tools**» в открывшемся списке выбрать «**GeneMapper Manager**».

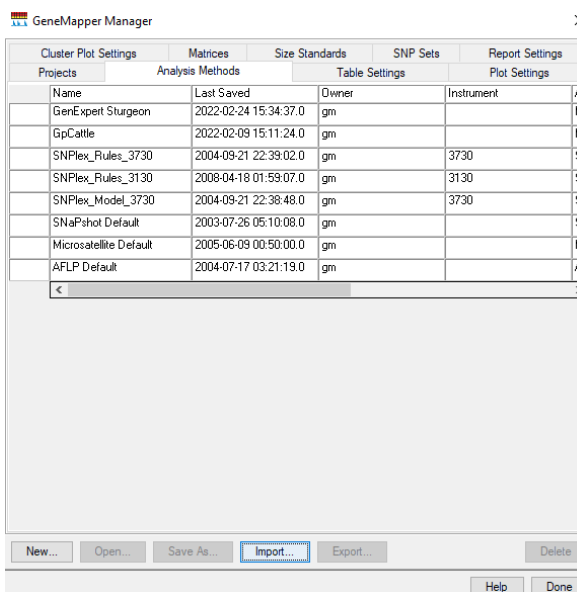


9. В верхней строке открывшегося окна перейти на вкладку «**Size Standards**» и нажать кнопку «**Import**».



10. Выбрать папку с файлом размерного стандарта (**CD-240**) и подгрузить его в программу нажатием кнопки **«Import»**.

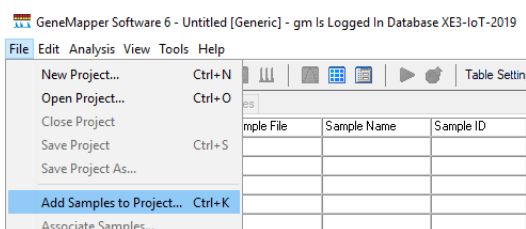
11. Перейти на вкладку **«Analysis Methods»** и нажать кнопку **«Import»**.



12. Выбрать папку с файлом метода (**GpCattle\_method**) и подгрузить его в программу нажатием кнопки **«Import»**. Закрыть окно **«GeneMapper Manager»**.

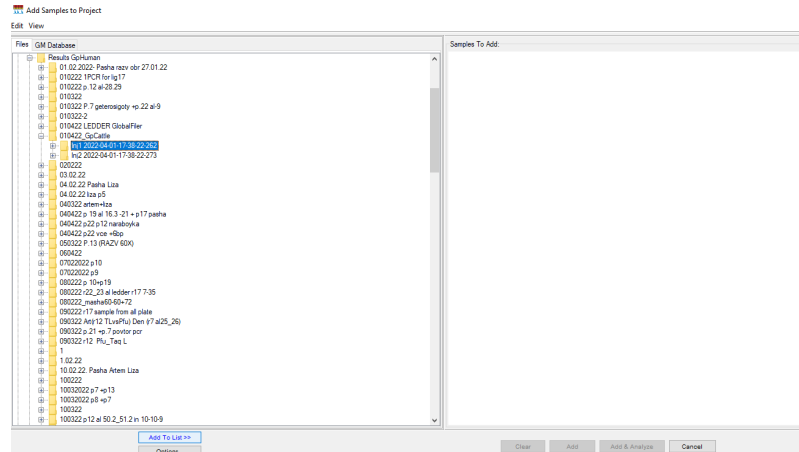
## 6.2.2. Анализ данных

1. В программе **GeneMapper Software 6** в верхнем меню выбрать **«File»**, в открывшемся списке выбрать **«Add Samples to Project»**.

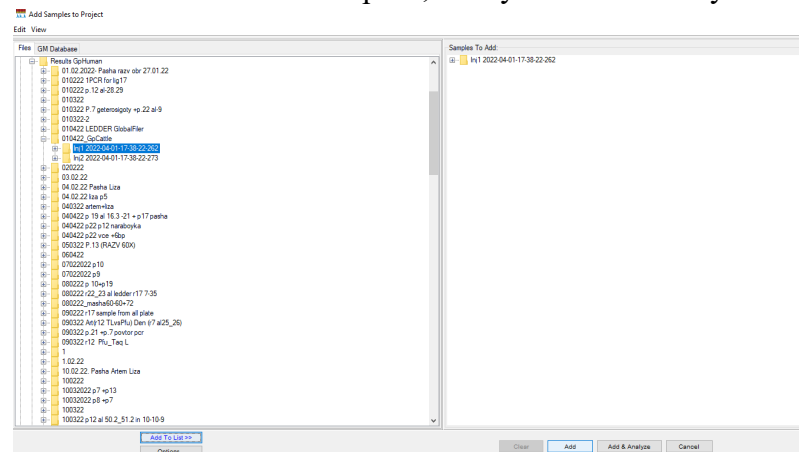




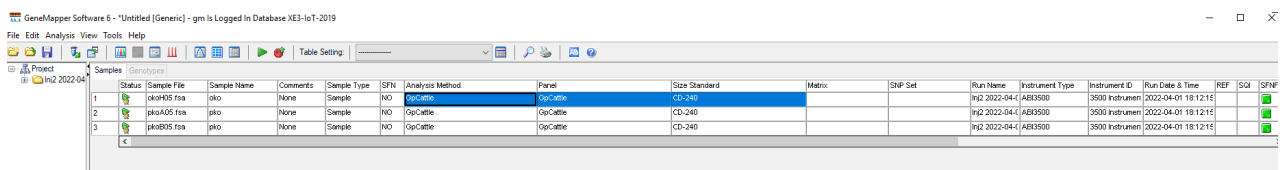
2. В открывшемся окне выбрать папку с файлами для анализа и нажать кнопку «Add to list» внизу под списком папок.



3. Выбранная папка появиться в окне справа, внизу нажать кнопку «Add».



4. Для образцов выбрать ранее импортированные в программу: «Panel» – GpCattle», «Size Standard» - CD-240, «Analysis Method» - GpCattle\_method.



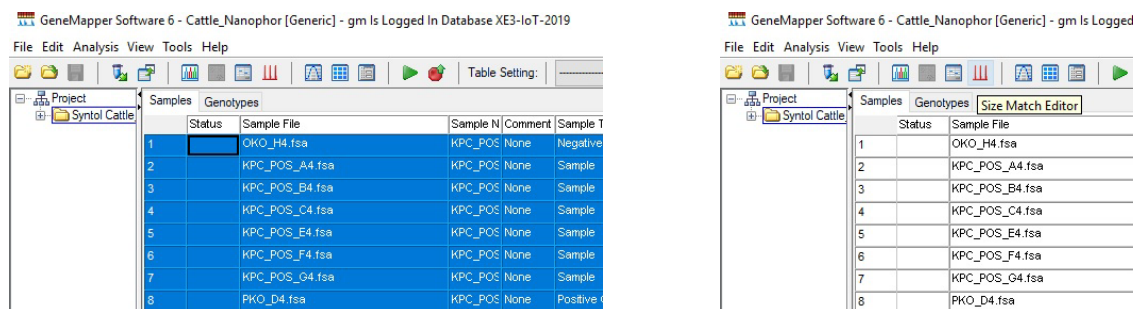
5. Запустить анализ.

### 6.2.3. Анализ размерного стандарта

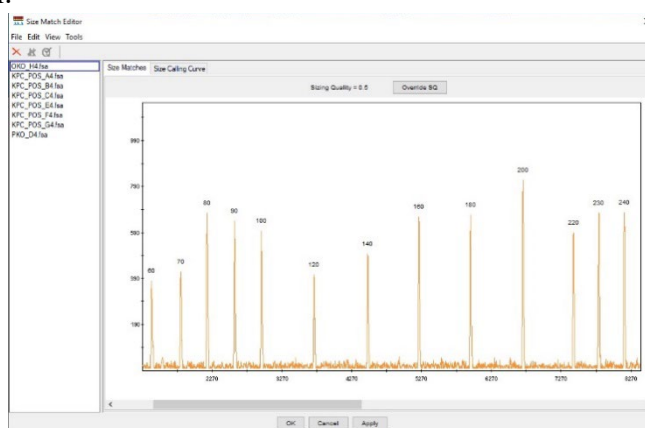
1. Необходимо убедиться, что во всех образцах правильно подписан размерный стандарт. Для этого, нужно проверить значения SQ для всех образцов в проекте. Если SQ – зелёный квадрат, то размерный стандарт этого образца подписан верно. Если SQ – жёлтый треугольник, или красный круг, то стандарт необходимо проверить.

Well	SE	SGO	ARNM	SFNF	MNF	SNF	SOS	SQ
A07				■	■	■	▲	●
B07				■	■	■	▲	●
C07				■	■	■	▲	●
D07				■	■	■	▲	●

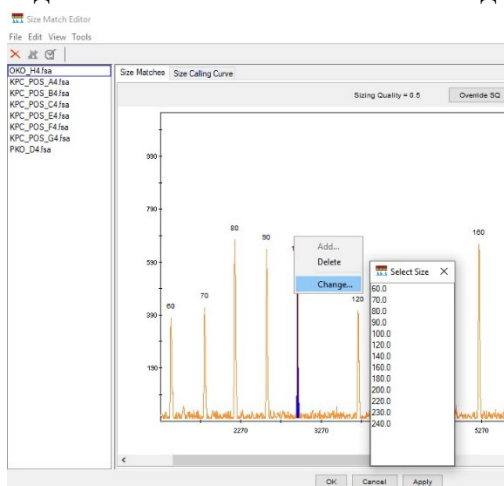
2. Для этого, нужно выделить все проверяемые образцы и в верхней панели нажать на кнопку «Size Match Editor».



3. В открывшемся окне из списка слева нужно поочерёдно выбирать образцы для проверки нажатием левой кнопки мыши. На графике справа будут отображаться их размерные стандарты.



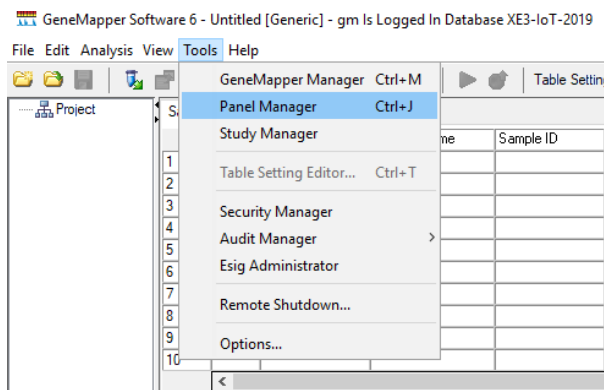
4. Неправильно подписанный пик можно удалить или переименовать, нажав на него правой кнопкой мыши. Неподписанный пик так же можно подписать.



5. По окончании редактирования размерного стандарта, нужно нажать кнопку внизу «Apply», затем, «OK». После проверки и исправления всех образцов, окно «Size Match Editor» можно закрыть. Далее, можно приступить к анализу ПКО.

#### 6.2.4. Анализ положительного контрольного образца (ПКО)

1. Открыть образец ПКО
2. В верхнем меню отключить все каналы, кроме синего. Убедиться в том, что всем пикам ПКО по данному каналу присвоено верное значение аллельного состояния (см. таблицу 3). Подписи лишних пиков нужно удалить, выбрав их нажатием левой кнопки мыши, с помощью кнопки «**DELETE**».
3. В верхнем меню отключить все каналы, кроме зеленого. Убедиться в том, что всем пикам ПКО по данному каналу присвоено верное значение аллельного состояния (см. таблицу 3). Подписи лишних пиков нужно удалить, выбрав их нажатием левой кнопки мыши, с помощью кнопки «**DELETE**».
4. В верхнем меню отключить все каналы, кроме желтого. Убедиться в том, что всем пикам ПКО по данному каналу присвоено верное значение аллельного состояния (см. таблицу 3). Подписи лишних пиков нужно удалить, выбрав их нажатием левой кнопки мыши, с помощью кнопки «**DELETE**».
5. В верхнем меню отключить все каналы, кроме красного. Убедиться в том, что всем пикам ПКО по данному каналу присвоено верное значение аллельного состояния (см. таблицу 3). Подписи лишних пиков нужно удалить, выбрав их нажатием левой кнопки мыши, с помощью кнопки «**DELETE**».
6. Если присвоенные значения аллелей не соответствует значениям в таблице, необходимо настроить панель.
7. Для настройки панели необходимо закрыть окно с образцом. В верхнем меню выбрать «**Tools**» в открывшемся списке выбрать «**Panel Manager**».



8. В открывшемся окне выбрать папку **GpCattle**. В ней открыть папку **GpCattle**, в результате отобразится список всех локусов.

The screenshot shows the Panel Manager window with a list of loci. The table below represents the data shown in the screenshot.

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
Unsorted	Marker Name	Eye Color	Min Size	Max Size	Control Alleles	Marker	Marker	Analysis Method	Comments	Ladder Alleles					
1	TGLA	Blue	61.72	93.62	2	0.0				none					
2	ETH10	Blue	186.25	205.96	2	0.0				none					
3	SRX112	Blue	185.0	128.38	2	0.0				none					
4	TGLA53	Blue	136.95	179.08	2	0.0				none					
5	CSRM60	Green	76.18	104.07	2	0.0				none					
6	SPS115	Green	112.01	127.99	2	0.0				none					
7	TGLA122	Green	136.2	166.76	2	0.0				none					
8	BM1818	Green	196.95	224.2	2	0.0				none					
9	HAIJ27	Yellow	120.0	138.34	2	0.0				none					
10	CSRM46	Yellow	142.28	170.0	2	0.0				none					
11	BM1824	Yellow	177.5	207.7	2	0.0				none					
12	ETH3	Yellow	206.35	237.6	2	0.0				none					
13	TGLA126	Red	78.23	96.33	2	0.0				none					
14	ETH25	Red	100.9	120.07	2	0.0				none					
15	HRH203	Red	136.28	162.43	2	0.0				none					
16	ILS1506	Red	171.02	191.8	2	0.0				none					

9. В верхнем меню нажать кнопку «**Add Reference Data**».

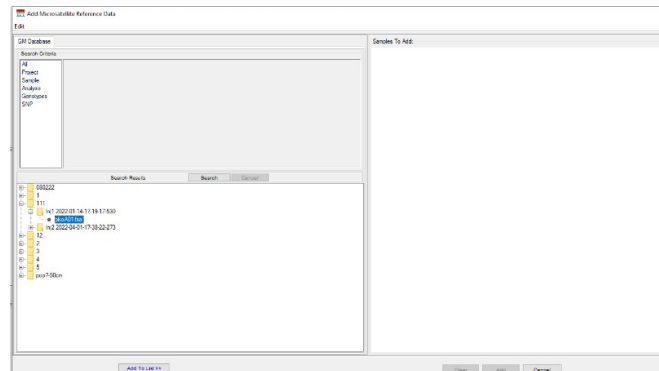
Panel Manager

File Edit Bins View

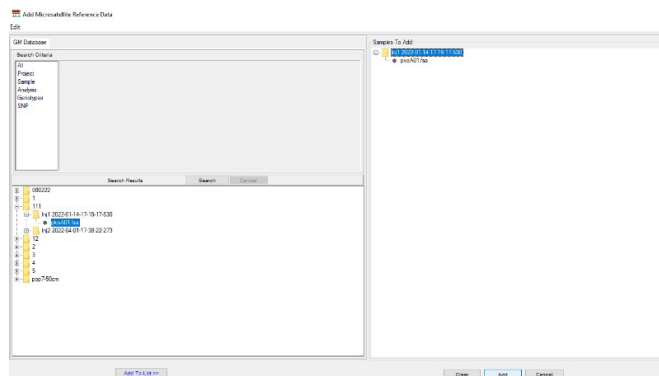
Bin Set: GpCattle

Universal	Marker Name	Dye Colo	Min Size	Max. Size	Control Alleles	Add Reference Data	Bin Method	Comments	Ladder Alleles
1	TGLA	Blue	61.72	93.62		2 0.0		none	
2	ETH10	Blue	106.25	205.96		2 0.0		none	
3	BM2113	Blue	105.0	129.38		2 0.0		none	
4	TGLA53	Blue	138.95	179.08		2 0.0		none	
5	CSRM60	Green	76.18	104.07		2 0.0		none	
6	SPS115	Green	112.01	127.59		2 0.0		none	

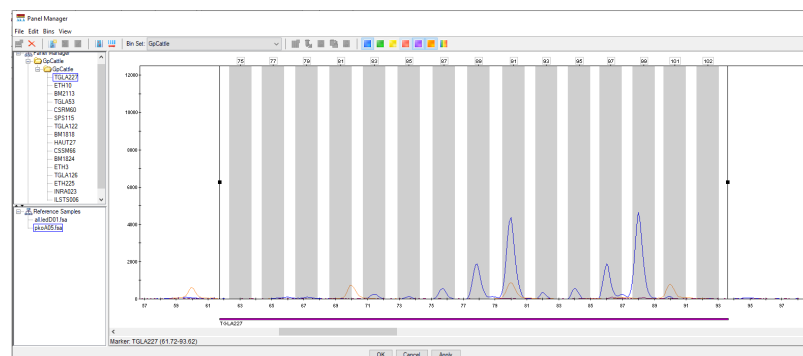
10. В открывшемся окне внизу слева выбрать папку с данными постановки, выбрать образец ПКО. Нажать «Add To List».



11. Справа появятся выбранные папка и файл. Внизу справа нажать кнопку «Add».

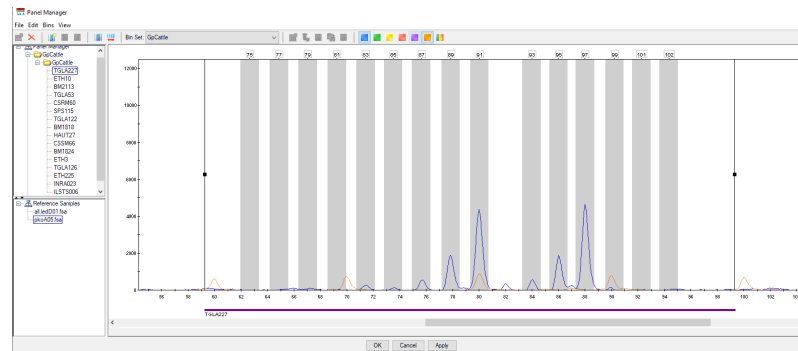


12. В предыдущем окне слева появятся выбранные референсные образцы. Выбрать из списка локус, который необходимо редактировать, внизу выбрать образец ПКО.

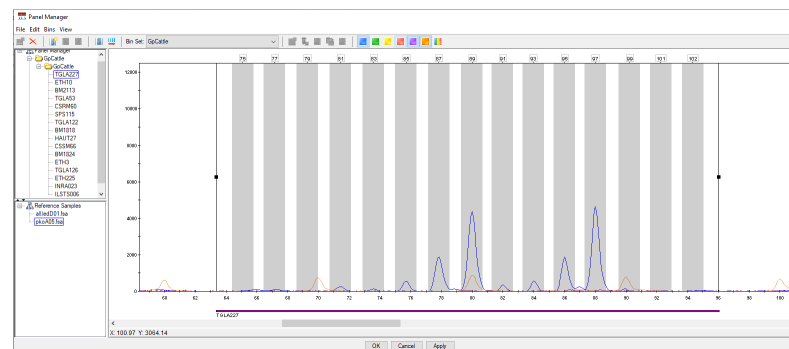


13. В открывшемся окне отключить все каналы, кроме редактируемого. Внизу нажать на горизонтальную линию диапазона локуса, для отображения границ локуса. Расширить

границы локуса и сдвинуть бины локуса, при этом диапазон промежутков между аллелями должен быть сохранен.



14. Проверить, что всем пикам ПКО были присвоены верные значения.



15. После настройки значений локуса нажать кнопку «Apply».

16. Повторить действия со всеми локусами, которым были неверно присвоены аллельные состояния.

17. Нажать кнопку «ОК».

### 6.2.5. Анализ отрицательного контрольного образца (ОКО)

1. Открыть образец ОКО.

2. Убедиться, что в диапазоне выхода целевых фрагментов отсутствуют какие-либо пики, кроме пиков размерного стандарта.

### 6.2.6. Анализ образца

1. Открыть образец.

2. В верхнем меню выбрать анализируемый канал.

3. Убедиться, что всем пикам анализируемого образца по данному каналу присвоено значение аллеля.

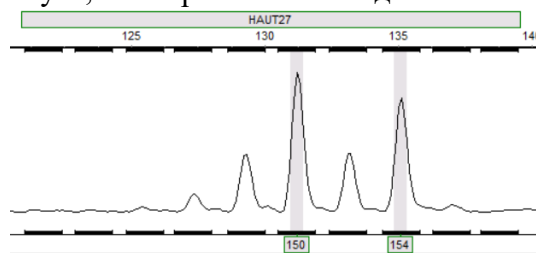
4. Повторить действие со всеми каналами.

## 7. ИНТЕРПРЕТАЦИЯ РЕЗУЛЬТАТОВ

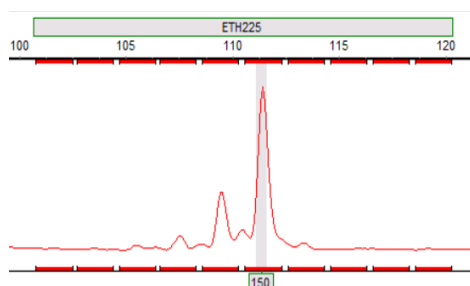
Аллельный статус исследуемого образца оценивается по каждому локусу отдельно.

При анализе каждого локуса необходимо учитывать следующие пункты:

- В пределах одного локуса возможно два варианта аллельного состояния, гомозиготный – один пик в локусе, и гетерозиготный – два пика в локусе.



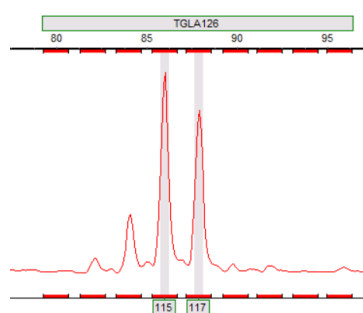
Гетерозиготный генотип 150/154 аллель в локусе HAUT27



Гомозиготный генотип 150 аллель в локусе ETH225

- Локусы, используемые в наборе GeneProfile Cattle динуклеотидны (аллели локуса отличаются на 2 нуклеотида), в следствии этого для каждой аллели характерны высокие статтеры – продукты амплификации, которые обусловлены «проскальзыванием» полимеразы при амплификации микросателлитных участков. Размер статтера будет отличаться от размера целевого аллеля на два нуклеотида. Уровень сигнала статтера обычно не превышает 50-70% аллеля.

- Если в локусе аллели отличаются на один повтор (2 нуклеотида) статтер более длинного аллеля накладывается на целевой пик короткого аллеля, тем самым увеличивая уровень его сигнала.



Гетерозиготный генотипа в локусе TGLA126 с наложением статтера аллели 117 на аллель 115

Для идентификации животного необходимо сравнить его заявленный генотип с генотипом, полученным в ходе исследования. Аллельное состояние по каждому локусу не должно отличаться:

Локус	Заявленный генотип	Генотип, полученный в ходе исследования
TGLA227	89/97	89/97
BM2113	133/139	133/139
TGLA53	160	160
ETH10	213/221	213/221
CSRM60	100/102	100/102
SPS115	248/254	248/254
TGLA122	143/147	143/147
BM1818	266/268	266/268
HAUT27	142/154	142/154
CSSM66	187/189	187/189
BM1824	180	180
ETH3	119/125	119/125
TGLA126	115/117	115/117
ETH225	140/146	140/146
INRA023	206	206
ILSTS006	288/290	288/290

Если хотя бы в одном из локусов аллельное состояние отличается – это другое животное:

Локус	Заявленный генотип	Генотип, полученный в ходе исследования
TGLA227	89/97	<b>75</b> /97
BM2113	133/139	133/139
TGLA53	160	160
ETH10	213/221	213/221
CSRM60	100/102	100/102
SPS115	248/254	248/254
TGLA122	143/147	143/147
BM1818	266/268	266/268
HAUT27	142/154	142/154
CSSM66	187/189	187/189
BM1824	180	180
ETH3	119/125	119/125
TGLA126	115/117	115/117
ETH225	140/146	140/146
INRA023	206	206
ILSTS006	288/290	288/290

Для подтверждения или опровержения родства сравнивают генотипы животных.

Если в каждом локусе генотипа **животного 1** одна из аллелей общая с **животным 2**, результат исследований свидетельствует о том, что между **животным 1** и **животным 2** родство подтверждено (родитель/теленки):

Локус	Животное 1, аллельное состояние	Животное 2, аллельное состояние
TGLA227	89/97	75/89
BM2113	133/139	139
TGLA53	160	154/160
ETH10	213/221	213/225
CSRM60	100/102	100/112
SPS115	248/254	254/262
TGLA122	143/147	137/147
BM1818	266/268	256/266
HAUT27	142/154	154
CSSM66	187/189	181/187
BM1824	180	180/190
ETH3	119/125	119
TGLA126	115/117	117/125
ETH225	140/146	140/158
INRA023	206	198/206
ILSTS006	288/290	290/302

Если хотя бы в одном из локусов нет общей аллели результат исследований свидетельствует о том, что между **животным 1** и **животным 2** родство не подтверждено:

Локус	Животное 1, аллельное состояние	Животное 2, аллельное состояние
TGLA227	89/97	75/89
BM2113	133/139	139
TGLA53	160	154/160
ETH10	213/221	213/225
CSRM60	<b>100/102</b>	<b>106/112</b>
SPS115	248/254	254/262
TGLA122	143/147	137/147
BM1818	266/268	256/266
HAUT27	142/154	154
CSSM66	187/189	181/187
BM1824	180	180/190
ETH3	119/125	119
TGLA126	115/117	117/125
ETH225	140/146	140/158
INRA023	206	198/206
ILSTS006	288/290	290/302