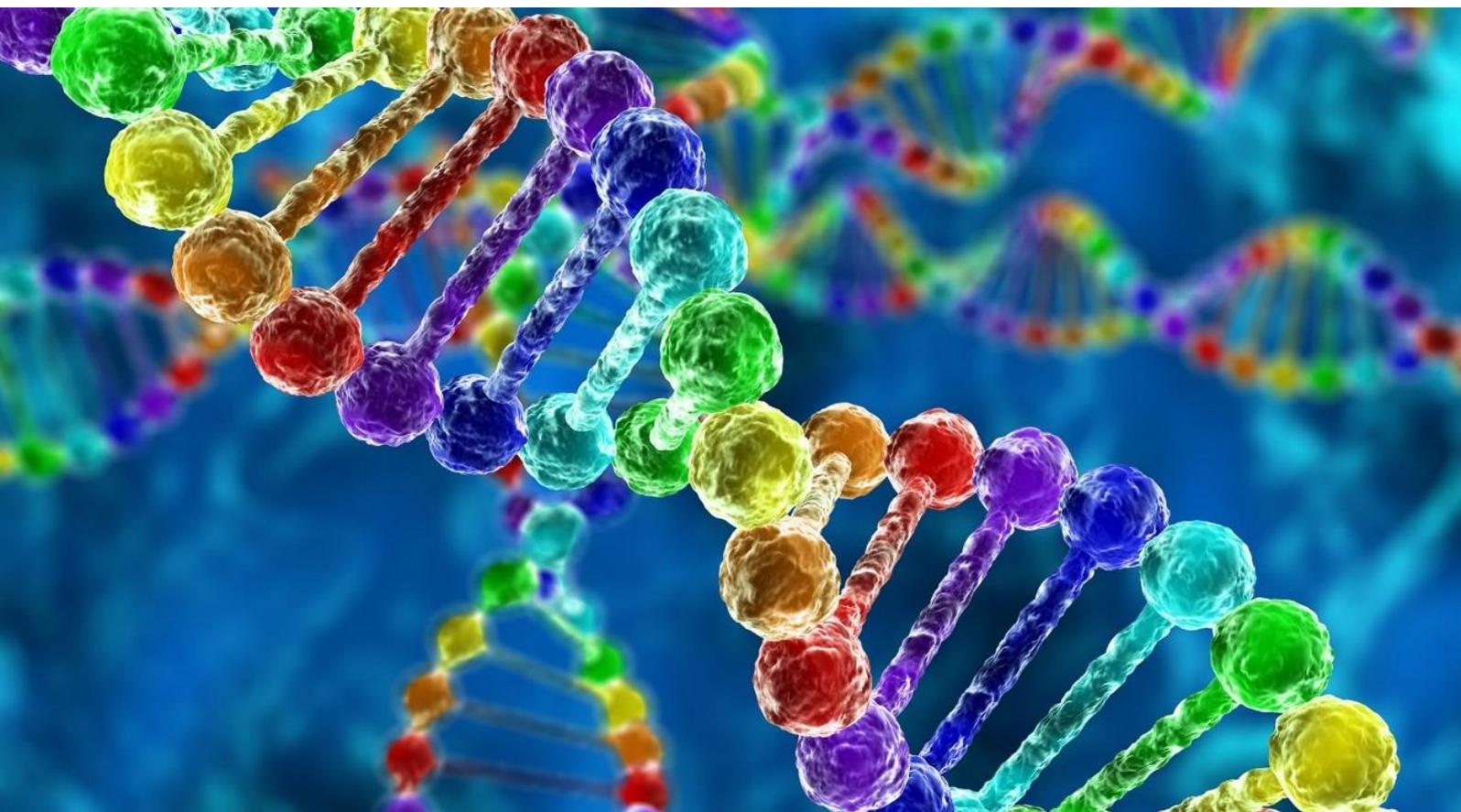


Программа школы
«Введение в приложения Нанофор 05:
биология и медицина»



2024 г.
«НПФ Синтол»

ПРОГРАММА

День 1. Начало – 10:30. Окончание – 18:00.

	Вводное слово
Обзор школы	Обзор программы школы.
Теория	Введение в приложения капиллярного электрофореза Секвенирование ДНК и фрагментный анализ ДНК в генетике растений, животных, микроорганизмов и медицинских приложениях.
Теория	Устройство прибора Нанофор 05. <i>Общая схема работы прибора. Устройство и принцип работы системы подачи полимера. Устройство капилляров. Система для проведения капиллярного электрофореза в термостатируемых условиях, электрокинетическая инъекция и система подачи образцов (позиционер). Оптическая система прибора.</i> Расходные материалы: капилляры, полимеры, буфер, совместимый пластик, антииспарители и др. Калибровка прибора. Принципы, лежащие в основе пространственной и спектральной калибровок прибора. Назначение калибровок. <i>Troubleshooting:</i> причины и механизмы возникновения pull-up пиков.
Практика	Демонстрация устройства прибора Нанофор 05: насос, термостат, позиционер, оптическая система, капилляры, сборка планшеты, расходные материалы. Обслуживание прибора. Профилактические мероприятия. <i>Ежедневные/еженедельные/ежемесячные.</i>
Теория	Введение в программное обеспечение для управления прибором Нанофор 05. <i>Обзор программы «Нанофор 05». Задание калибровок прибора. Программы – помощники (обслуживание прибора). Способы задания эксперимента (секвенирование, фрагментный анализ). Мониторинг текущего состояния прибора. Просмотр сырых данных в реальном времени.</i>

<p>Теория</p>	<p>Введение в химию фрагментного анализа ДНК, принципы анализа данных. <i>Что такое фрагментный анализ? Типы фрагментного анализа, рабочий процесс ФА. Получение меченых фрагментов. Принцип ФА. Стандарты молекулярных масс. Принцип мультиплексирования меченых фрагментов в одном капилляре. Панели, маркеры, бины. Относительная подвижность фрагментов, определение, следствия. Оптимизация условий ПЦР. Оптимизация условий капиллярного электрофореза, решение проблем (количество образца, формамид, электрокинетическая инъекция, механизм образования pull-up пиков и спайков при проведении ФА).</i></p>
<p>Практика</p>	<p>Запуск прибора Нанофор 05. Фрагментный анализ ДНК, на примере анализа синдрома Жильбера, анализа микросателлитной нестабильности (MSI) и анализа анеуплоидий.</p>
<p>Теория</p>	<p>Микросателлитный анализ. Общие принципы и приложения. Природа и происхождение микросателлитов. Артефакты микросателлитного анализа – статтеры и плюс А артефакт. Способы борьбы с плюс А артефактом. Рабочий процесс при микросателлитном анализе, рекомендации.</p>
<p>Демонстрация</p>	<p>Введение в программное обеспечение GeneMarker® software. Загрузка образцов. Анализ. Навигация. Панели. Сравнение образцов и проектов. Краткий обзор основных приложений (Microsatellites (SSR, STR, VNTR), Kinship Analysis & Database Search, Phylogeny, Clustering, Dendrograms, AFLP, t-RFLP, TILLING® & EcoTilling, MLVA, MLPA®, MS-MLPA, Microsatellite Instability (MSI), Repeat Expansion Disorders, Fragile X, Trisomy, Loss of Heterozygosity (LOH), Cystic Fibrosis, Haplotype Analysis, SBE/SNaPshot®).</p>

День 2. Начало – 10:30. Окончание – 18:00.

Теория, демонстрация	Анализ синдрома Жильбера методом фрагментного анализа ДНК. Теория. Демонстрация полученных данных на программном обеспечении GeneMarker® software .
Теория, демонстрация	Приложения микросателлитного анализа в медицинских исследованиях. Анализ микросателлитной нестабильности (MSI) . Демонстрация полученных данных Нанофор 05 на программе GeneMarker® software .
Теория, демонстрация	Приложения микросателлитного анализа в медицинских исследованиях. Анализ анеуплоидий методом qF PCR . Демонстрация полученных данных Нанофор 05 на программе GeneMarker® software .
Теория, демонстрация	Введение в идентификацию личности. Анализ данных Нанофор 05 на программном обеспечении GeneMarker® HID human identity software .
Теория	Приложения микросателлитного анализа в медицинских исследованиях. Анализ химеризма .
Теория, демонстрация	Приложения фрагментного анализа в медицинских исследованиях. Анализ CNV методом MLPA . Демонстрация данных Нанофор 05 на программном обеспечении GeneMarker® software . <i>Принцип и приложения.</i>
Теория	Другие приложения фрагментного анализа в медицинских исследованиях. <i>Анализ потери гетерозиготности (LOH). SNaPshot. Принцип метода. Рабочий процесс. Приложения. OLA. Принцип метода. Приложения.</i> Анализ метилирования ДНК. Анализ микроделеций Y-хромосомы методом фрагментного анализа ДНК. Анализ накопления тринуклеотидных повторов методом фрагментного анализа ДНК.
Практика	Запуск прибора Нанофор 05. Фрагментный анализ ДНК, на примере набора Gene Profile Cattle (Синтол)

Теория, демонстрация	Приложения микросателлитного анализа. Генетика животных. Принципы, области применения. Демонстрация данных Нанофор 05.
Теория, демонстрация	Приложения микросателлитного анализа. Генетика растений. Принципы, области применения. Демонстрация данных Нанофор 05.
Теория, демонстрация	Методы фингерпринга. Введение в химию и приложения ISSR, AFLP, tRFLP анализа. Генетика животных, растений, микроорганизмов.
Демонстрация	Анализ полученных при помощи набора Gene Profile Cattle (Синтол) данных на программном обеспечении <i>GeneMarker® software</i> .
Теория	Экзотические приложения фрагментного анализа. Подсчет количества ульев пчел на квадратный километр методом фрагментного анализа ДНК
Теория	Другие приложения фрагментного анализ. – Анализ точечных мутаций методом SNaPshot. – Анализ метилирования ДНК. Введение в химию, рабочий процесс и приложения.

День 3. Начало – 10:30. Окончание – 18:00.

Теория	<p>Приложения секвенирования ДНК по Сэнгеру в медицинских исследованиях. Анализ наследственных и соматических мутаций. Секвенирование участков генома патогенных микроорганизмов. Базы данных (dbSNP, ClinVar, COSMIC и др).</p>
Теория	<p>Приложения секвенирования ДНК по Сэнгеру в области генетики животных, растений и микроорганизмов. Анализ мутаций, связанных с хозяйственно полезными признаками. Идентификация организмов (Barcode of Life), идентификация микроорганизмов. Секвенирование участков генома патогенных микроорганизмов.</p>
Практика	<p>Запуск генетического анализатора Нанофор 05. Секвенирование ДНК</p>
Теория	<p>Введение в химию реакции секвенирования. <i>Принцип секвенирования ДНК методом Сэнгера. Сходства и отличия ПЦР и реакции секвенирования по Сэнгеру. Рабочий процесс (метод Сэнгера) при секвенировании плазмидной и геномной ДНК. Очистки ПЦР продукта: ExoSAP, колонки, из агарозного геля, на магнитных частицах. Как выбрать правильный способ очистки? Оценка количества и качества ПЦР продукта. Постановка реакции секвенирования. Отличия химии Big Dye Terminator 1.1 от Big Dye Terminator 3.1. Выбор праймера для секвенирования. Состав реакции секвенирования и условия термоциклирования. Контроли реакции секвенирования/Troubleshooting. Обзор методов очистки продукта реакции секвенирования, плюсы и минусы. Подготовка образца к загрузке в прибор. Рекомендации по хранению реактивов и продуктов реакции секвенирования.</i> <i>Troubleshooting: секвенирование ДНК, обзор часто встречающихся ошибок.</i></p>
Демонстрация	<p>Анализ полученных данных (секвенирование ДНК).</p>
Теория	<p>Обзор расходных материалов и реактивов компании «Синтол» для капиллярного электрофореза (секвенирование и фрагментный анализ ДНК).</p>
Демонстрация	<p>Введение в программное обеспечение Mutation Surveyor software для анализа данных Нанофор 05. Загрузка файлов. Загрузка сырых/обработанных файлов. Обработка сырых данных с помощью basecalling-алгоритма от SoftGenetics. Сравнение загруженных данных с референсом. Выравнивание на референс. Варианты загрузки и создания референсной последовательности. Сравнение загруженных данных с GeneBank-файлом. Онлайн/оффлайн загрузка GB-файла. Визуализация найденных мутаций в окне Graphical Analysis Display. Текстовая последовательность данных (GB-файл, референс, образец), визуализация</p>

	<p>аминокислотной последовательности для кодирующего региона, визуализация аннотаций из внешних баз данных (dbSNP, ClinVar, COSMIC), выравнивание референса и образца, визуализация найденных мутаций в специальном окне. Специальные параметры достоверности найденных мутаций (overlapping factor, dropping factor), принципы, лежащие в их основе. Возможность разделения цепей при анализе инсерций-делеций в режиме Detect heterozygous indels. Автоматическое генотипирование последовательности инсерции-делеции. Возможность визуализации перекрытия имеющимися данными области интереса в режиме Project Reviewer Report. Количественный анализ соматических мутаций в режиме Mutation Quantifier. Алгоритмы подсчета. Подсчет с использованием положительного контроля. Подсчет без использования положительного контроля. Анализ метилирования ДНК.</p>
	<p>Подведение итогов Школы</p>

Как до нас добраться: г. Владивосток, ул. Пальчевского, д. 17

Место проведения школы: ННЦМБ ДВО РАН

Контактная информация:

Леонид Климов

Руководитель по направлению развития бизнеса ООО «НПФ Синтол»

Телефон: +7-953-803-26-19

E-mail: l.klimov@syntol.ru