



CERBALAB
генетическая лаборатория

Биоинформатика

АНАЛИЗ	Код исследования		Цена		Срок исполнения	Биологический материал
	старый	новый	розница	опт		
БИОИНФОРМАТИКА						
ВЕРИФИКАЦИЯ ПО СЭНГЕРУ ПОСЛЕ NGS MP-18						
Поиск выявленной в данной семье одной мутации у родственника (после NGS в нашей лаборатории) (1-2 человека)	BC1	MP-1801	3000	3000	14	Венозная кровь Р-р ЭДТА (фиолетовая пробирка)
Поиск выявленной в данной семье одной мутации у родственника (после NGS в нашей лаборатории) (Дополнительно к услуге BC1 за каждого следующего человека)	BC1a	MP-1802	1500	1500	28	
Поиск выявленной в данной семье одной мутации у родственника (после NGS, данные из любой лаборатории) (1-2 человека)	BC2	MP-1803	5000	5000	28	
Поиск выявленной в данной семье одной мутации у родственника (после NGS, данные из любой лаборатории) (Дополнительно к услуге BC2 за каждого следующего человека)	BC2a	MP-1804	2500	2500	28	
Пренатальная ДНК-диагностика 1 мутации в семье (после NGS в нашей лаборатории) (1-3 человека)	BC3	MP-1805	5000	5000	14	
Пренатальная ДНК-диагностика 1 мутации в семье (после NGS данные из любой лаборатории) (1-3 человека)	BC4	MP-1806	8000	8000	28	
Биоинформатический анализ данных Лабораторией клинической биоинформатики ClinBio под руководством Федора Коновалова						
Экспертный анализ данных секвенирования полного экзома, клинического экзома или геномной панели Лабораторией клинической биоинформатики ClinBio под руководством Федора Коновалова. Для исследования необходимы данные в формате FASTQ, а также обезличенная клиническая информация. Анализ качества	БИ1	MP-1807	7500	7500	14-21	

данных включен (Не включает в себя клиническую интерпретацию врачом клиническим генетиком.						
Панель «Клинический экзом» с биоинформатической обработкой данных секвенирования экспертного уровня Лабораторией клинической биоинформатики ClinBio под руководством Федора Коновалова.	C17+БИ1	MP-1808	38900	38900	90-120	
Биоинформатика и клиническая интерпретация данных секвенирования в нашей лаборатории						
Биоинформатическая обработка и клиническая интерпретация данных секвенирования в формате FASTQ, полученных методами MPS (NGS) в других лабораториях.	БИ+ИТ	MP-1809	7500	7500	21	
Клиническая интерпретация данных секвенирования после биоинформатической обработки врачом клиническим генетиком.	ИТ	MP-1810	2000	2000	10-14	

