



## Центр геномных технологий Розничный прейскурат с 01.03.2026

| КОД  | НАИМЕНОВАНИЕ ИССЛЕДОВАНИЯ   | ЦЕНА РОЗНИЦА | СРОК (РАБ. ДНИ) |
|--|---|--------------|-----------------|
| <b>НЕИНВАЗИВНОЕ ПРЕНАТАЛЬНОЕ ТЕСТИРОВАНИЕ</b>                    |   |              |                 |
| PD-102   | <b>ПОЛНОГЕНОМНОЕ НЕИНВАЗИВНОЕ ПРЕНАТАЛЬНОЕ ТЕСТИРОВАНИЕ (НИПТ)</b><br>Требуется заполнение анкеты с предоставлением данных комбинированного скрининга!<br>Выполняется совместно с НИИ АГиР им. Д.О. Отта<br>Выявление рисков любых числовых хромосомных аномалий плода  | 25 000       | 14              |
| PD-103   | <b>ТАРГЕТНОЕ НЕИНВАЗИВНОЕ ПРЕНАТАЛЬНОЕ ТЕСТИРОВАНИЕ (НИПТ)</b><br>Требуется заполнение анкеты с предоставлением данных комбинированного скрининга!<br>Выполняется совместно с НИИ АГиР им. Д.О. Отта<br>Выявление рисков числовых аномалий 13, 18, 21, X, Y хромосом плода  | 23 000       | 14              |
| SB-001   | <b>NEW НИПТ Сербалаб Полногеномный (BGI)</b> Требуется заполнение анкеты с предоставлением данных комбинированного скрининга! Выявление рисков любых числовых хромосомных аномалий плода  | 25 000       | 8               |
| SB-002   | <b>NEW НИПТ Сербалаб Таргетный (BGI)</b> Требуется заполнение анкеты с предоставлением данных комбинированного скрининга! Выявление рисков числовых аномалий 13, 18, 21, X, Y хромосом плода  | 23 000       | 8               |
| SB-004   | <b>NEW НИПТ Сербалаб 21 без пола (BGI)</b> Требуется заполнение анкеты с предоставлением данных комбинированного скрининга! Выявление рисков числовых аномалий 21 хромосомы   | 16 000       | 8               |
| SB-005   | <b>NEW НИПТ Сербалаб 21 с полом (BGI)</b> Требуется заполнение анкеты с предоставлением данных комбинированного скрининга! Выявление рисков числовых аномалий 21 хромосомы и определением пола плода  | 17 000       | 8               |
| SB-006   | <b>NEW Неинвазивное выявление гена резус-фактора RHD плода</b> по крови матери  | 9 500        | 14              |
| SB-007   | <b>NEW</b> Добавление определения гена резус-фактора RHD плода по крови матери в любой НИПТ   | 8 500        | 8               |
| SB-008   | <b>NEW</b> Добавление определения делеции 7 экзона гена <i>SMN1</i> у матери, для оценки риска спинально-мышечной атрофии у будущего ребенка в любой НИПТ   | 2 900        | 8               |
| SB-009   | <b>NEW НИПТ по ОМС (ТОЛЬКО ЧЕРЕЗ ДОГОВОР С ОГАНИЗАЦИЕЙ).</b><br>Выявление рисков числовых аномалий 13, 18, 21 хромосом плода (только при оплате за счет фонда ОМС)  | 14 500       | 8               |
| <b>АНАЛИЗ ЗНАЧИМЫХ МУТАЦИЙ ЧАСТЫХ НАСЛЕДСТВЕННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ</b> |   |              |                 |
| MP-1600  | <b>Носительство частых мутаций для наиболее частых наследственных заболеваний: муковисцидоз, фенилкетонурия, болезнь Верднига-Гоффмана (спинально-мышечная атрофия), нейросенсорная тугоухость)</b><br>Комплексный анализ на носительство частых мутаций при наиболее частых наследственных заболеваниях.<br>· CFTR (delF-508 (экзон 10), 1660delG (экзон 10), 1677delTA ,(экзон 10), dell 507 (экзон 10), CFTRdel21kb) · PAH (R408W )<br>· SMN1(делеция 7 экзона),GJB2 (30delG, 167delT) | 13 860       | 28              |
| MP-1601  | <b>Хорея Гентингтона</b><br>Анализ числа CAG повторов в гене IT15 (HTT)   | 5 390        | 28              |

|         |   |        |    |
|---------|---|--------|----|
| MP-1602 | <b>Адреногенитальный синдром (врожденный дефицит 21- гидроксилазы). Без определения копий гена.</b> Анализ значимых мутаций в гене CYP21A2:<br>rs9378251 P31L (экзон 1);<br>rs6467 I2splice (интрон 2);<br>rs387906510 del8bp (экзон 3);<br>rs7755898 Q319X (экзон 8);<br>rs6445 P454S (экзон 10);  | 6 600  | 21 |
| MP-1628 | <b>NEW! Адреногенитальный синдром (врожденный дефицит 21- гидроксилазы). С определением копий гена.</b> Анализ значимых мутаций в гене CYP21A2:<br>delA2 , P31L (экзон 1), I2splice (интрон 2), del8bp (экзон 3), I173N (экзон 4), V238E (экзон 6), V282L (экзон 7), Q319X (экзон 8), R357W (экзон 8), R357Q (экзон 8), P454S (экзон 10).   | 14 300 | 28 |
| MP-1603 | <b>ПРЕНАТАЛЬНАЯ ДИАГНОСТИКА. Адреногенитальный синдром (врожденный дефицит 21-гидроксилазы)-2 человека</b><br>Анализ значимых мутаций в гене CYP21A2:<br>•rs9378251 – P31L, экзон 1<br>•rs6467 – I2splice, интрон 2<br>•rs387906510 – del8bp, экзон 3<br>•rs7755898 – Q319X, экзон 8<br>•rs6445 – P454S, экзон 10   | 14 300 | 14 |
| MP-1604 | <b>Муковисцидоз (24 мутации) Анализ значимых мутаций в гене CFTR:</b> delF-508, 1660delG, 677delTA, dell 507, CFTRdel21kb, 2143delT, 2113delA, 2118del4, 2141insA, 2183AA>G,delE672, 2176insC, 2183AA-G, 2183delAA, 2184delA, 2184insA, 394 del TT, R334W, R347P, G551d, R553x, G542x, W1282X, W1282C, W1282G, N1303K   | 6 270  | 28 |
| MP-1605 | <b>Муковисцидоз (мажорные)</b><br>Анализ значимых мутаций в гене CFTR: delF-508, 1677delTA, dell 507, 1660delG, CFTRdel21kb   | 2 420  | 21 |
| MP-1606 | <b>Муковисцидоз (35 мутаций)</b><br>Анализ значимых мутаций в гене CFTR : F508del, I507del, CFTRdele2,3, E92K, 3849+10kb C>T, 1677delTA, N1303K, W1282X, L138ins, G542X, 394delTT, R334W, W1282R, S1196X, 2143delT, 1367del5, 2183AA-G, R1066C, W1310X, 712-1G>T, 621+1G>T, R553X, L1335P, 4015delA, R1162X, 3120+1G>A, 2184insA, 2184delA, 2113delA, 2118del4, 2176insC, 2183delAA, R347P, G551D, W1282G | 11 110 | 21 |
| MP-1608 | <b>Фенилкетонурия, 4 маркера</b><br>Анализ значимых мутаций R408W, R261Q, R252W, R261X  | 4 400  | 21 |
| MP-1609 | <b>Фенилкетонурия, 8 маркеров</b><br>Анализ мутаций R408W, R261Q, R261X, R252W, IVS10-11G>A, IVS12+1G>A, IVS4+5G>T, R158Q и P281L   | 6 270  | 28 |
| MP-1610 | <b>Фенилкетонурия</b><br>Анализ R408W   | 1 650  | 21 |
| MP-1613 | <b>Мышечная дистрофия Дюшенна/Беккера</b><br>Поиск делеций в гене дистрофина методом MLPA   | 18 150 | 21 |
| MP-1614 | <b>Миотоническая дистрофия</b><br>Анализ значимых мутаций в гене DMPK   | 4 840  | 28 |
| MP-1615 | <b>Синдром Мартина-Белл</b><br>Анализ повторов CGG в гене FMR1  | 4 180  | 38 |
| MP-1616 | <b>Спинальная мышечная атрофия (болезнь Верднига-Гоффмана)</b><br>Анализ делеций 7 экзона гена SMN1   | 5 500  | 14 |
| MP-1617 | <b>Спинальная мышечная атрофия (болезнь Верднига-Гоффмана)</b><br>Определение количества копий гена SMN2  | 9 680  | 28 |
| MP-1618 | <b>Гемофилия А</b><br>Косвенная ДНК-диагностика семьи при гемофилии А (3-4 человека)  | 8 250  | 14 |
| MP-1619 | <b>Гемофилия В</b><br>Косвенная ДНК-диагностика семьи при гемофилии В (3-4 человека)  | 8 250  | 14 |
| MP-1620 | <b>Нейросенсорная тугоухость</b><br>Анализ мутаций в GJB2 гене 35 delG , 167delT в гене GJB2  | 4 180  | 21 |

|   |   |         |    |
|---|---|---------|----|
| MP-1621   | <b>Галактоземия (2 мутации)</b><br>Анализ мутаций в гене <i>GALT</i> : Q188R, K285N   | 4 180   | 21 |
| MP-1622   | <b>Галактоземия (4 мутации)</b><br>Анализ мутаций Q188R, K285N, N314D, 940A>G   | 5 390   | 21 |
| MP-1623   | <b>Синдром Жильбера</b><br>Исследование промоторной области гена <i>UGT1A1</i>  | 3 410   | 14 |
| MP-1624   | <b>Болезнь Вильсона-Коновалова</b><br>Анализ 5 наиболее частых мутаций в гене <i>ATP7B</i> : с.2304 del, с.3207 C>A, с.3190 C>A, с.3402 del, с.3649_3654 del                                | 5 390   | 14 |
| MP-1625   | <b>Гемохроматоз (3 мутации)</b><br>Анализ частых мутаций в гене <i>HFE</i> : 187C>G, 845 G>A, 193 A>T   | 3 850   | 14 |
| 22.189  | <b>Анализ случайной/неслучайной инактивации X-хромосомы</b>   | 6 820   | 14 |
| <b>ЦИТОГЕНЕТИКА</b>   |   |         |    |
| E-901   | <b>Кариотипирование</b> одного человека по лимфоцитам периферической крови  | 6 000   | 15 |
| E-908   | <b>СITO!</b> Кариотипирование одного человека по лимфоцитам периферической крови  | 6 500   | 10 |
| E-902   | <b>Молекулярно-генетический анализ межклеточного и межканевого мозаицизма</b> половых хромосом методом FISH по лимфоцитам периферической крови  | 7 700   | 28 |
| E-903   | <b>Идентификация маркерной хромосомы методом FISH</b>   | 7 700   | 28 |
| E-904   | <b>Уточнение точек разрывов при транслокациях, инверсиях и других хромосомных перестройках</b> методом FISH   | 7 000   | 28 |
| E-905   | <b>Диагностика Микроделеционных синдромов</b> Прадера-Вилли, Ангельмана, Ди Джорджи и др. методом FISH Цена указана за 1 синдром  | 6 700   | 28 |
| E-911   | <b>Кариотипирование</b> абортивного материала   | 6 000   | 28 |
| <b>ХРОМОСОМНЫЙ МИКРОМАТРИЧНЫЙ АНАЛИЗ</b>                      |   |         |    |
| E-907   | <b>ХРОМОСОМНЫЙ МИКРОМАТРИЧНЫЙ АНАЛИЗ, СТАНДАРТНЫЙ (ARRAY-CGH)</b><br>С использованием матрицы со средней плотностью 750 тыс. маркеров. Разрешающая способность от 150 тыс. пар нуклеотидов. | 31 900  | 10 |
| E-910   | <b>ХРОМОСОМНЫЙ МИКРОМАТРИЧНЫЙ АНАЛИЗ АБОРТИВНОГО МАТЕРИАЛА (метод array-CGH)</b><br>С использованием матрицы со средней плотностью 750 тыс. маркеров  | 27 500  | 10 |
| E-912   | <b>ХРОМОСОМНЫЙ МИКРОМАТРИЧНЫЙ АНАЛИЗ, РАСШИРЕННЫЙ (метод array-CGH)</b><br>Разрешающая способность от 50 тыс. пар нуклеотидов (в отдельных регионах от 10 000 п. н.)                        | 50 500  | 20 |
| E-920   | <b>МОЛЕКУЛЯРНОЕ КАРИОТИПИРОВАНИЕ АБОРТИВНОГО МАТЕРИАЛА (метод NGS )</b>   | 27 500  | 14 |
| <b>ПРЕИМПЛАНТАЦИОННОЕ ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ТЕСТИРОВАНИЕ</b>           |   |         |    |
| PD-1003   | <b>Преимплантационное генетическое тестирование хромосомных аномалий методом NGS (VeriSeq PGS, Illumina)</b>  | 29 000  | 21 |
| PD-1004   | <b>Преимплантационное генетическое тестирование хромосомных аномалий методом array-CGH (Agilent)</b>  | 29 000  | 21 |
| PD-1010   | <b>NEW</b> Предварительная стадия подготовки к преимплантационному генетическому тестированию на моногенное заболевание (ПГТ-М), включающий консультацию врача-генетика                     | 103 000 | 90 |
| PD-1009   | <b>NEW</b> ПГТ-М для выявления одного моногенного заболевания (исследуется 1 эмбрион).  | 25 000  | 30 |
| PD-1008   | <b>NEW</b> ПГТ-М анализ одного дополнительного эмбриона   | 83 490  | 30 |
| <b>КОМПЛЕКСНЫЕ ПАНЕЛИ ПРИ ЭКО И ПЛАНИРОВАНИИ БЕРЕМЕННОСТИ</b> |   |         |    |

|                                  |  |        |    |
|----------------------------------|--|--------|----|
| D-01                             | <b>ОБСЛЕДОВАНИЕ ДОНОРОВ-МУЖЧИН</b><br>1.NGS панель «Моногенные заболевания» (исследование кодирующих участков 99-ти генов, связанных с 97-ю наследственными синдромами и заболеваниями, полный список генов и заболевания находится в Приложении 2);<br>2.Адреногенитальный синдром (врожденный дефицит 21- гидроксилазы) анализ значимых мутаций delA2, P30L (ex 1), i2splice (in 2), del8bp (ex 3), I172N (ex 4), V237E (ex 6), V281L (ex 7), Q318X (ex 8), R356W (ex 8), P453S;<br>3.Спинальная мышечная атрофия (болезнь Верднига- Гоффмана): анализ делеций (исследование 7 экзона гена SMN1);<br>4.Определение делеции локусов AZFa, AZFb, AZFc, исследование гена SRY: sY84, sY86, sY127, sY134, sY254, sY255, SRY. | 36 300 | 28 |
| D-02                             | <b>ОБСЛЕДОВАНИЕ ДОНОРОВ-ЖЕНЩИН</b><br>1.NGS панель «Моногенные заболевания» (исследование кодирующих участков 99-ти генов, связанных с 97-ю наследственными синдромами и заболеваниями, полный список генов и заболевания находится в Приложении 2);;<br>2.Адреногенитальный синдром (врожденный дефицит 21- гидроксилазы): анализ значимых мутаций delA2, P30L (ex 1), i2splice (in 2), del8bp (ex 3), I172N (ex 4), V237E (ex 6), V281L (ex 7), Q318X (ex 8), R356W (ex 8), P453S;<br>3.Спинальная мышечная атрофия (болезнь Верднига-Гоффмана): анализ делеций (исследование 7 экзона гена SMN1);<br>4.Синдром Мартина-Белл: анализ CGG повторов в гене FMR1.   | 36 300 | 28 |
| CG-1911                          | <b>СПЕЦПАНЕЛЬ ДЛЯ ДОНОРОВ</b><br>1.Комплексное обследование (1 человек) на носительство наиболее частых наследственных заболеваний ( муковисцидоз, фенилкетонурия, галактоземия, спинальная амиотрофия, адреногенитальный синдром, нейросенсорная тугоухость). Анализ 17 мажорных мутаций мутаций в генах CFTR, PAH, GALT, SMN1, CYP21A2, GJB2<br>2.Кариотипирование   | 26 180 | 28 |
| <b>МЕТАГЕНОМНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ</b> |  |        |    |
| MB-400                           | <b>МИКРОБИОМ 16S ТОЛЬКО СЫРЫЕ ДАННЫЕ</b><br>Исследование микробиома (бактерии+ археи) методом секвенирования 16spPHK любого биоматериала - только сырые данные. Xlsx   | 9 900  | 10 |
| MB-401                           | <b>МИКРОБИОМ 16S С ИНТЕРПРЕТАЦИЕЙ</b><br>Исследование микробиома (бактерии+ археи) методом секвенирования 16spPHK любого биоматериала с интерпретацией   | 13 200 | 14 |
| MB-402                           | <b>МИКРОБИОМ 16S С ИНТЕРПРЕТАЦИЕЙ И РЕКОМЕНДАЦИЕЙ ПО ПРОБИОТИЧЕСКОЙ КОРРЕКЦИИ</b><br>Исследование микробиома (бактерии+ археи) методом секвенирования 16spPHK любого биоматериала с интерпретацией   | 16 400 | 16 |
| MB-500                           | <b>МИКОМ 18S ТОЛЬКО СЫРЫЕ ДАННЫЕ</b><br>Исследование микома (грибы+одноклеточные простейшие) методом секвенирования 18spPHK любого биоматериала - только сырые данные. xlsx  | 9 900  | 10 |
| MB-501                           | <b>МИКОМ 18S С ИНТЕРПРЕТАЦИЕЙ</b><br>Исследование микома (грибы+одноклеточные простейшие) методом секвенирования 18spPHK любого биоматериала -с интерпретацией   | 13 200 | 14 |
| MB-600                           | <b>МИКРОБИОМ 16S + МИКОМ 18S ТОЛЬКО СЫРЫЕ ДАННЫЕ</b><br>Исследование микробиома (бактерии+ археи) и микома (грибы+одноклеточные простейшие) методом секвенирования 16spPHK,18spPHK любого биоматериала - только сырые данные. xlsx   | 19 800 | 10 |
| MB-601                           | <b>МИКРОБИОМ 16S + МИКОМ 18S С ИНТЕРПРЕТАЦИЕЙ</b><br>Исследование микробиома (бактерии+ археи) и микома (грибы одноклеточные простейшие) методом секвенирования 16spPHK,18spPHK любого биоматериала с интерпретацией   | 24 000 | 14 |
| MB-602                           | <b>МИКРОБИОМ 16S + МИКОМ 18S С ИНТЕРПРЕТАЦИЕЙ И РЕКОМЕНДАЦИЕЙ ПО ПРОБИОТИЧЕСКОЙ КОРРЕКЦИИ</b><br>Исследование микробиома (бактерии+ археи) и микома (грибы одноклеточные простейшие) методом секвенирования 16spPHK,18spPHK любого биоматериала с интерпретацией и рекомендациями по пробиотической коррекции  | 27 400 | 16 |
| MB-700                           | <b>МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS ТОЛЬКО СЫРЫЕ ДАННЫЕ</b><br>Исследование полного метагенома (бактерии, археи, грибы, вирусы, паразиты) методом полногеномного секвенирования любого биоматериала - только сырые данные. xlsx   | 40 000 | 21 |
| MB-701                           | <b>МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS С ИНТЕРПРЕТАЦИЕЙ</b><br>Исследование полного метагенома (бактерии, археи, грибы, вирусы, паразиты) методом полногеномного секвенирования любого биоматериала с интерпретацией   | 45 000 | 29 |

|   |  |        |    |
|---|--|--------|----|
| MB-702  | <b>МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS С ИНТЕРПРЕТАЦИЕЙ И ПРОБИОТИЧЕСКОЙ КОРРЕКЦИЕЙ</b><br>Исследование полного метагенома (бактерии, археи, грибы, вирусы, паразиты) методом полногеномного секвенирования с интерпретацией по патогенам, функциональным бактериям, оценкой антибиотикорезистентности, генов токсичности и рекомендациями по пробиотической коррекции для лечащего врача. Биоматериал (мазок из влагалища и ц.к., мазок из ротовой полости, каловые массы, <b>другой биоматериал по запросу</b> ) | 55 000 | 35 |
| MB-703  | <b>NEW СИТО МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS С ИНТЕРПРЕТАЦИЕЙ С ПОДБОРОМ АНТИБИОТИКОТЕРАПИИ (только по предварительному согласованию)</b><br>Исследование полного метагенома (бактерии, археи, грибы, вирусы, паразиты) методом полногеномного секвенирования любого биоматериала с интерпретацией и подбором антибиотикотерапии для лечащего врача.  | 65 000 | 7  |
| MB-800  | <b>МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ Low WGS ТОЛЬКО СЫРЫЕ ДАННЫЕ</b><br>Исследование полного метагенома (бактерии, грибы) методом полногеномного секвенирования любого биоматериала - только сырые данные. Xlsx  | 18 000 | 21 |
| MB-801  | <b>МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ Low WGS С ИНТЕРПРЕТАЦИЕЙ</b><br>Исследование полного метагенома (бактерии, грибы) методом полногеномного секвенирования любого биоматериала с интерпретацией по патогенам, оценкой антибиотикорезистентности  | 25 000 | 21 |
| MB-802  | <b>МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ Low WGS С ИНТЕРПРЕТАЦИЕЙ И ПРОБИОТИЧЕСКОЙ КОРРЕКЦИЕЙ</b> Исследование полного метагенома (бактерии, грибы) методом полногеномного секвенирования с интерпретацией по патогенам, функциональным бактериям, оценкой антибиотикорезистентности, рекомендациями по пробиотической коррекции для лечащего врача. Биоматериал (мазок из влагалища и ц.к., мазок из ротовой полости, каловые массы, <b>другой биоматериал по запросу</b> )   | 27 000 | 21 |
| MB-900  | <b>МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS ТОЛЬКО СЫРЫЕ ДАННЫЕ.</b><br>Исследование полного метагенома бактериальной, микотической культуры, 1 шт. (средний или малый размер генома культуры) методом полногеномного секвенирования любого биоматериала - только сырые данные. fastq   | 22 000 | 14 |
| MB-901  | <b>МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS ТОЛЬКО СЫРЫЕ ДАННЫЕ</b><br>Исследование полного метагенома бактериальной, микотической культуры, 1 шт. (средний или малый размер генома культуры) данные в формате xlsx (определение штамма, генов токсичности и патогенности, гены резистентности, метаболические пути)  | 27 500 | 21 |
| MB-902  | <b>МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS ТОЛЬКО СЫРЫЕ ДАННЫЕ.</b><br>Исследование полного метагенома бактериальной, микотической культуры, 1 шт. (длинный или неизвестный размер генома культуры) методом полногеномного секвенирования любого биоматериала - только сырые данные. fastq   | 33 000 | 14 |
| MB-903  | <b>МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS ТОЛЬКО СЫРЫЕ ДАННЫЕ</b><br>Исследование полного метагенома бактериальной, микотической культуры, 1 шт. (длинный или неизвестный размер генома культуры) данные в формате xlsx (определение штамма, генов токсичности и патогенности, гены резистентности, метаболические пути)  | 44 000 | 21 |
| MB-904  | <b>МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS ТОЛЬКО СЫРЫЕ ДАННЫЕ</b><br>Исследование полного метагенома бактериальной, микотической культуры, 2-15 шт. методом полногеномного секвенирования любого биоматериала - только сырые данные. fastq  | 44 000 | 21 |
| MB-905  | <b>МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS ТОЛЬКО СЫРЫЕ ДАННЫЕ</b><br>Исследование полного метагенома бактериальной, микотической культуры, 2-15 шт. данные в формате, Fastq, xlsx (определение штамма, генов токсичности и патогенности, гены резистентности, метаболические пути)  | 55 000 | 21 |
| CG-1916   | <b>Консультация по результатам метагеномных исследований</b>   | 4 000  | -  |
| CG-1917   | <b>Экспертная консультация по результатам метагеномных исследований</b>  | 10 000 | -  |
| CG-1918   | <b>Рекомендации для лечащего врача по пробиотической коррекции по результатам метагеномного исследования методом 16S rPHK + 18S rPHK</b>   | 3 630  | 3  |
| CG-1919   | <b>Рекомендации для лечащего врача по пробиотической коррекции по результатам метагеномного исследования методом WGS</b>   | 3 630  | 5  |
| CG-1920   | <b>Интерпретация ЭКСПЕРТНОГО УРОВНЯ по результатам метагеномного секвенирования методом WGS с рекомендациями для лечащего врача в т.ч. с рекомендациями по пробиотической коррекции</b>  | 24 200 | 14 |
| CG-1921   | <b>Интерпретация по результатам метагеномного секвенирования методом WGS с рекомендациями для лечащего врача в т.ч. с рекомендациями по пробиотической коррекции</b>   | 9 020  | 10 |
| <b>NGS ДИАГНОСТИКА И ВЫЯВЛЕНИЕ НАСЛЕДСТВЕННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ</b> |  |        |    |

**ПОИСК МУТАЦИЙ МЕТОДОМ NGS СЕКВЕНИРОВАНИЯ**

|         |  |  |    |
|---------|--|--|----|
| MP-1700 | <b>СРОЧНЫЙ ПОЛНЫЙ ЭКЗОМ WES CITO (более 20 000 генов) с биоинформатической обработкой и клинической интерпретацией врача-генетика</b><br>Требуется предоставление клинической картины пациента<br>NGS секвенирование полного экзоста человека со средней кратностью покрытия от 70x без верификации по Сэнгеру   | СТАРАЯ ЦЕНА<br>85 800<br><b>АКЦИЯ 60 000</b> | 30 |
| MP-1703 | <b>ПОЛНЫЙ ЭКЗОМ WES (более 20 000 генов) с биоинформатической обработкой и клинической интерпретацией врача-генетика.</b><br>Требуется предоставление клинической картины пациента<br>NGS секвенирование со средней кратностью покрытия от 70x без верификации по Сэнгеру  | СТАРАЯ ЦЕНА<br>53 900<br><b>АКЦИЯ 45 000</b> | 45 |
| MP-1701 | <b>ПОЛНЫЙ ЭКЗОМ WES "СЫРЫЕ ДАННЫЕ" (более 20 000 генов) без биоинформатической обработки и без клинической интерпретации врача-генетика</b><br>NGS секвенирование со средней кратностью покрытия от 70x без верификации по Сэнгеру, «сырые данные», передаются файлом в формате fastq  | СТАРАЯ ЦЕНА<br>42 900<br><b>АКЦИЯ 25 000</b> | 30 |
| MP-1704 | <b>Митохондриальный геном</b>  | 24 200                                       | 60 |
| MP-1707 | <b>КЛИНИЧЕСКИЙ ЭКЗОМ: Оценка наследственных заболеваний (более 4 000 клинически значимых генов).</b> Список генов, предоставляется по запросу. Требуется предоставление клинической картины пациента .<br>NGS секвенирование со средней кратностью покрытия от 70x без верификации по Сэнгеру).<br><b>СПИСОК ПАНЕЛЕЙ:</b><br>Панель «Наследственные эпилепсии»<br>Панель «Наследственные нарушения обмена веществ»<br>Панель «Заболевания соединительной ткани»<br>Панель «Наследственные опухолевые синдромы»<br>Панель «Наследственная тугоухость»<br>Панель «Женские наследственные опухоли»<br>Панель «Факоматозы и наследственный рак»<br>Панель «Наследственный рак молочной железы»<br>Панель «Наследственный рак толстой кишки»<br>Панель «Первичный иммунодефицит и наследственные анемии»<br>Панель «Умственная отсталость и расстройства аутистического спектра»<br>Панель «Нервно-мышечные заболевания»<br>Панель «Нейродегенеративные заболевания»<br>Панель «Наследственные заболевания глаз»<br>Панель «Наследственные заболевания почек»<br>Панель «Наследственные заболевания сердца»<br>Панель «Наследственные нарушения репродуктивной системы»<br>Панель «Наследственные заболевания желудочно-кишечного тракта»<br>Панель «Генетической предрасположенности к развитию наследственных кардиомиопатий» | СТАРАЯ ЦЕНА<br>46 200<br><b>АКЦИЯ 40 000</b> | 30 |
| MP-1708 | <b>СРОЧНЫЙ КЛИНИЧЕСКИЙ ЭКЗОМ CITO</b><br>NGS секвенирование со средней кратностью покрытия от 70x без верификации по Сэнгеру).<br>Список генов, предоставляется по запросу. Требуется предоставление клинической картины пациента  | 51 700                                       | 21 |
| MP-1725 | <b>NEW WGS ПОЛНЫЙ ГЕНОМ NGS BGI КОД ЗДОРОВЬЯ с дублирующимся секвенированием WGS 30x + WES 80x</b> , без биоинформатической обработки и без клинической интерпретации врача-генетика<br>NGS секвенирование без верификации по Сэнгеру, «сырые данные», передаются файлом в формате fastq   | 110 000                                      | 30 |
| MP-1711 | <b>NEW WGS ПОЛНЫЙ ГЕНОМ NGS BGI КОД ЗДОРОВЬЯ с дублирующимся секвенированием WGS 30x + WES 80x</b> . Требуется предоставление клинической картины пациента<br>В исследование входит:<br>1) Консультация врача-генетика до и после исследования ;<br>2) Клинический генетический паспорт с анализом носительства моногенной патологии;<br>3) Индивидуальное заключение от консультирующего врача-генетика;<br>4) Печать паспорта и заключения;<br>5) Флеш-карта с fastq   | 320 000                                      | 50 |
| D-03    | <b>NGS панель «Моногенные заболевания» ROCHE</b> Исследование кодирующих участков 99-ти генов, связанных с 97-ю наследственными синдромами и заболеваниями. Список генов и заболеваний предоставляется по запросу.   | 27 500                                       | 25 |

|         |   |         |    |
|---------|---|---------|----|
| D-04    | <b>NGS панель «Моногенные заболевания» Carrier Screening BGI</b> Исследование кодирующих участков 164 генов, связанных с 172 наследственными синдромами и заболеваниями. Список генов и заболеваний предоставляется по запросу.   | 25 000  | 25 |
| MP-1731 | <b>NGS панель «Секвенирование локусов HLA высокого разрешения»</b>  | 22 770  | 28 |
| MP-1770 | <b>NEW WGS ПОЛНЫЙ ГЕНОМ NGS BGI "СЫРЫЕ ДАННЫЕ"</b> без биоинформатической обработки и без клинической интерпретации врача-генетика<br>NGS секвенирование со средней кратностью покрытия от 30x и без верификации по Сэнгеру, «сырые данные», передаются файлом в формате fastq      | 71 000  | 30 |
| MP-1771 | <b>NEW WGS ПОЛНЫЙ ГЕНОМ NGS BGI "СЫРЫЕ ДАННЫЕ" 50 X</b> без биоинформатической обработки и без клинической интерпретации врача-генетика<br>NGS секвенирование со средней кратностью покрытия от 50x и без верификации по Сэнгеру, «сырые данные», передаются файлом в формате fastq | 99 000  | 30 |
| MP-1780 | <b>NEW WGS ПОЛНЫЙ ГЕНОМ NGS BGI с интерпретацией врача-генетика</b> со средней кратностью покрытия от 30x., без верификации по Сэнгеру.   | 105 000 | 50 |
| MP-1789 | <b>NEW NGS панель "Активное долголетие"</b> . Исследование 350 вариантов генов для оценки рисков развития мультифакторных заболеваний   | 48 000  | 25 |
| MP-1830 | <b>NGS панель «Наследственные заболевания сердца (кардиомиопатии) и нарушения липидного обмена»</b> Список генов, предоставляется по запросу  | 27 500  | 30 |
| CG-1909 | <b>NGS панель «Атипичный гемолитико-уремический синдрома aГУС»</b>  | 46 200  | 40 |
| CG-1987 | <b>CITO NGS панель «Полный анализ гена ALPL щелочной фосфатазы»</b> (гипофосфатазия)<br>Ускоренное NGS секвенирование экзонов гена ALPL   | 40 700  | 14 |
| CG-1908 | <b>NGS панель «Полный анализ гена ALPL щелочной фосфатазы»</b> (гипофосфатазия)<br>NGS секвенирование экзонов гена ALPL   | 27 500  | 21 |
| FG-1229 | <b>NGS панель «Предрасположенность к злокачественной гипертермии»</b><br>Список генов, предоставляется по запросу   | 20 900  | 28 |
| CG-1929 | <b>NGS панель «Фенилкетонурия»</b><br>NGS секвенирование экзонов гена PAH   | 30 800  | 25 |
| CG-1912 | <b>NGS панель «Мышечная дистрофия Дюшенна/Беккера»</b><br>NGS секвенирование экзонов гена DMD   | 46 200  | 30 |
| CG-1913 | <b>NGS панель «Ишемические инсульты у детей»</b><br>Список генов, предоставляется по запросу  | 11 000  | 30 |
| CG-1988 | <b>CITO NGS панель «Полный анализ гена лизосомальной кислой липазы»</b><br>NGS секвенирование экзонов гена LIPA   | 40 700  | 14 |
| CG-1910 | <b>NGS панель «Полный анализ гена лизосомальной кислой липазы»</b><br>NGS секвенирование экзонов гена LIPA  | 27 500  | 21 |
| MP-1706 | <b>NGS панель «Гиперинсулинизм и MODY»</b>  | 42 900  | 30 |
| MP-1730 | <b>NGS панель «НУНАН-подобные синдромы»</b>   | 42 900  | 30 |
| MP-1797 | <b>X-сцепленный доминантный гипофосфатемический рахит (X-ГФР) Полный геном</b>  | 99 000  | 60 |
| MP-1798 | <b>X-ГФР Синдром кожно-скелетной гипофосфатемии (Невус-синдром)</b>   | 46 200  | 30 |

|  |  |                                       |    |
|--|--|---------------------------------------|----|
| MP-1799  | Х-ГФР Х-сцепленный доминантный гипофосфатемический рахит (Х-ГФР) К.Экзом   | 46 200                                | 30 |
| MP-1607  | Муковисцидоз NGS секвенирование экзонов гена <i>CFTR</i> , включая исследование del21kb  | 31 600                                | 60 |
| MP-1626  | Адреногенитальный синдром (врожденный дефицит 21- гидроксилазы с верификацией) NGS секвенирование экзонов гена <i>CYP21A2</i>  | 30 800                                | 60 |
| CG-1932  | Спинальная мышечная атрофия. NGS секвенирование гена <i>SMN1</i>   | 18 700                                | 40 |
| <b>NGS ИССЛЕДОВАНИЯ В ОНКОЛОГИИ</b>                    |  |                                       |    |
| MP-1709  | КЛИНИЧЕСКИЙ ЭКЗОМ: СITO Молекулярная онкология секвенирование со средней кратностью покрытия от 200x (ткань+кровь)   | 165 000                               | 30 |
| MP-1710  | КЛИНИЧЕСКИЙ ЭКЗОМ: Молекулярная онкология NGS секвенирование со средней кратностью покрытия от 200x (ткань+кровь)  | 99 000                                | 45 |
| MP-1732  | ОНКОДИАГНОСТИКА NGS панель «Диагностика наследственных синдромов» <i>ATM, ATR, BARD1, BRCA1, BRCA2, BRIP1, CDH1, CDK12, CHEK1, CHEK2, EPCAM, FANCL, MLH1, MSH2, NBN, NF1, PAL B2, PMS2, RAD51B, RAD51C, RAD51D, RAD54, STK11, TP53, POLE</i>   | 42 900                                | 21 |
| MP-1733  | ОНКОДИАГНОСТИКА NGS панель «Подбор таргетной терапии»<br>ДНК часть: <i>ATM, ATR, BARD1, BRCA1, BRCA2, BRIP1, CDH1, CDK12, CHEK1, CHEK2, EPCAM, FANCL, NF1, PALB2, STK11, TP53, KRAS, NRAS, BRAF, EGFR, ERBB2, PIK3CA, MET, ex14, KIT, PDGFRA, POLE, KEAP1, IDH1-2, ESR1</i><br>РНК часть: <i>ALK, AXL, BRAF, EGFR, FGFR1, FGFR2, FGFR3, MET, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PDGFRA, PDGFRB, PPARG, RET, ROS1</i> | 49 500                                | 21 |
| MP-1712  | <b>NEW</b> Полногеномный анализ раковых опухолей BGI SENTIS™ Cancer + Discovery Panel 689 генов (ткань+кровь)  | 68 000                                | 30 |
| MP-1713  | <b>NEW</b> Тест на определение геномной нестабильности BGI SENTIS™ HRD Score Testing (без <i>BRCA</i> )  | 44 000                                | 30 |
| MP-1714  | <b>NEW</b> Тест на наследственный рак BGI SENTIS™ (кровь)  | 49 000                                | 30 |
| VL-001   | <b>NEW</b> Определение мутаций генов <i>BRCA1</i> и <i>BRCA2</i> методом NGS (секвенирование всех кодирующих областей генов <i>BRCA1</i> и <i>BRCA2</i> ) (парафиновый блок)   | СТАРАЯ ЦЕНА<br>38 000<br>АКЦИЯ 23 000 | 14 |
| VL-002   | <b>NEW</b> Определение мутаций генов <i>BRCA1</i> и <i>BRCA2</i> методом NGS (секвенирование всех кодирующих областей генов <i>BRCA1</i> и <i>BRCA2</i> ) (венозная кровь)   | СТАРАЯ ЦЕНА<br>29 000<br>АКЦИЯ 20 000 | 14 |
| MP-1745  | <b>NEW</b> Онкогематология. Панель "Лимфоидная". Список генов предоставляется по запросу.  | 38 000                                | 14 |
| MP-1746  | <b>NEW</b> Онкогематология. Панель "Миелоидная". Список генов предоставляется по запросу.  | 38 000                                | 14 |
| <b>ПОИСК МУТАЦИЙ МЕТОДОМ СЕКВЕНИРОВАНИЯ ПО СЭНГЕРУ</b> |  |                                       |    |
| CG-1986  | Нейросенсорная тугоухость<br>Секвенирование 2 экзона гена <i>GJB2</i>  | 8 360                                 | 21 |
| CG-1914  | Полный анализ гена <i>ALPL</i> (гипофосфатазия, MIM 146300, 241500, 241510) методом секвенирования по Сенгеру  | 30 250                                | 28 |
| CG-1915  | Полный анализ гена <i>LIPA</i> методом секвенирования по Сенгеру   | 30 250                                | 28 |
| <b>ВЕРИФИКАЦИЯ ПО СЭНГЕРУ ПОСЛЕ NGS</b>                |  |                                       |    |
| MP-1801  | Верификация одной мутации, выявленной после в NGS (1-3 человека)   | 6 820                                 | 38 |
| MP-1802  | Верификация двух мутации, выявленных после в NGS (1-3 человека)  | 12 500                                | 38 |
| MP-1803  | Верификация трех мутации, выявленных после в NGS (1-3 человека)  | 18 000                                | 38 |
| MP-1804  | Верификация одной мутации, выявленной после NGS дополнительно за каждого следующего человека   | 3 000                                 | 38 |
| MP-1806  | Пренатальная ДНК-диагностика одной мутации, выявленной после NGS (1-3 человека)  | 10 100                                | 38 |

**ГЕНЕТИКА ДЛЯ ЗДОРОВЬЯ И ДОЛГОЛЕТИЯ****Выявление генетической предрасположенности к ЗАБОЛЕВАНИЯМ РЕПРОДУКТИВНОЙ СИСТЕМЫ**

|         |  |        |    |
|---------|--|--------|----|
| GP-701  | Риски гормональной контрацепции, 16 маркеров                                     | 6 600  | 14 |
| GP-704  | Подготовка к беременности (невынашивание и осложнения беременности), 30 маркеров | 16 500 | 14 |
| GP-789  | Подготовка к беременности, 15 маркеров   | 13 200 | 14 |
| GP-705  | Подготовка к ЭКО, 19 маркеров  | 11 300 | 14 |
| GP-706  | Счастливая беременность, 59 маркеров   | 36 300 | 30 |
| CG-1934 | Риски осложнений беременности, 5 маркеров  | 5 800  | 14 |
| GP-707  | Мужское бесплодие, (азооспермия)   | 4 400  | 14 |
| GP-708  | Мужское бесплодие, 12 маркеров   | 8 800  | 14 |
| GP-703  | Предрасположенность к СПКЯ (синдром поликистозных яичников), 7 маркеров          | 7 700  | 14 |
| GP-711  | Гистосовместимость, сдается парой (цена за 2 человека)                           | 9 500  | 14 |

**Выявление генетической предрасположенности к ЭНДОКРИННЫМ ЗАБОЛЕВАНИЯМ**

|        |  |       |    |
|--------|--|-------|----|
| GP-401 | Сахарный диабет I типа, инсулинозависимый, 7 маркеров                                    | 3 500 | 10 |
| GP-402 | Сахарный диабет II типа и его осложнения, подбор сахароснижающих препаратов, 12 маркеров | 6 300 | 14 |
| GP-404 | Метаболизм стероидных гормонов, 18 маркеров  | 7 500 | 14 |
| GP-406 | Метаболизм стероидных гормонов, 6 маркеров   | 4 600 | 14 |
| GP-407 | Гиперандрогения, 1 маркер  | 1 500 | 7  |

**Выявление генетической предрасположенности ИММУННЫМ И АУТОИММУННЫМ ЗАБОЛЕВАНИЯМ**

|        |  |       |    |
|--------|--|-------|----|
| GP-602 | Болезнь Грейвса (аутоиммунный тиреодит), 8 маркеров      | 7 400 | 14 |
| GP-603 | Болезнь Бехтерева, 1 маркер                              | 2 800 | 5  |
| K-1    | Анализ генов, определяющих устойчивость к ВИЧ – инфекции | 1 300 | 21 |

**Выявление генетической предрасположенности К ОНКОЛОГИЧЕСКИМ ЗАБОЛЕВАНИЯМ**

|        |  |        |    |
|--------|--|--------|----|
| GP-101 | Рак толстого кишечника, желудка и рак мочевого пузыря, 6 маркеров            | 5 700  | 14 |
| GP-111 | Предрасположенность к раку лёгких, желудка и толстого кишечника, 10 маркеров | 13 700 | 14 |
| GP-104 | Рак молочной железы и яичников, 7 маркеров                                   | 4 100  | 7  |
| GP-105 | Рак молочной железы и яичников, 16 маркеров                                  | 8 800  | 14 |
| GP-107 | Антиоксидантная защита, 8 маркеров   | 5 700  | 14 |

|   |  |        |    |
|---|--|--------|----|
| GP-108  | Анализ генетических маркеров риска онкологических заболеваний, 21 маркер                     | 20 900 | 21 |
| GP-109  | Генетический риск онкологических заболеваний, 40 маркеров                                    | 31 900 | 35 |
| GP-601  | Рак щитовидной железы, 4 маркера   | 6 000  | 14 |
| GP-110  | Рак предстательной железы, 13 маркеров   | 8 800  | 21 |
| <b>Выявление генетической предрасположенности к<br/>СЕРДЕЧНО-СОСУДИСТЫМ ЗАБОЛЕВАНИЯМ</b>        |  |        |    |
| GP-215  | Артериальная гипертония, 11 маркеров   | 6 000  | 10 |
| GP-201  | Генетический риск артериальной гипертонии, подбор антигипертензивных препаратов, 14 маркеров | 13 200 | 21 |
| GP-203  | Липидный обмен, 11 маркеров  | 6 300  | 21 |
| GP-204  | Гипергомоцистеинемия, 4 маркера  | 2 500  | 5  |
| GP-205  | Тромбофилия, 2 маркера   | 1 900  | 5  |
| GP-207  | Тромбофилия и подбор лекарственных препаратов, 36 маркеров                                   | 31 900 | 30 |
| GP-202  | Атеросклероз аорты и коронарных сосудов, 32 маркера  | 29 700 | 30 |
| GP-208  | Генетический риск сердечно-сосудистых заболеваний, 60 маркеров                               | 36 300 | 30 |
| GP-206  | Тромбофилия, 12 маркеров   | 4 400  | 5  |
| <b>Выявление генетической предрасположенности к ЗАБОЛЕВАНИЯМ ЖЕЛУДОЧНО-КИШЕЧНОГО<br/>ТРАКТА</b> |  |        |    |
| GP-501  | Болезнь Крона, 4 маркера   | 4 400  | 14 |
| GP-502  | Неспецифический язвенный колит 5 маркеров  | 3 100  | 14 |
| GP-503  | Целиакия (глютеновая болезнь)  | 5 500  | 7  |
| GP-504  | Лактазная недостаточность  | 1 600  | 5  |
| GP-505  | Болезни желудочно-кишечного тракта, 40 маркеров  | 36 300 | 21 |
| <b>Выявление генетической предрасположенности к БОЛЕЗНЯМ МЕТАБОЛИЗМА КОСТНОЙ ТКАНИ</b>          |  |        |    |
| GP-506  | Метаболизм костной ткани, 11 маркеров  | 6 400  | 14 |
| GP-507  | Метаболизм костной ткани, 3 маркера  | 4 400  | 10 |
| GP-1240   | Предрасположенность к развитию аутоиммунного поражения суставов, 2 маркера                   | 3 500  | 10 |
| <b>Выявление генетической предрасположенности к ПСИХОНЕВРОЛОГИЧЕСКИМ<br/>ЗАБОЛЕВАНИЯМ</b>       |  |        |    |

|                              |   |        |    |
|------------------------------|---|--------|----|
| GP-801                       | Медиаторные нарушения, 6 маркеров   | 4 800  | 14 |
| GP-803                       | Болезнь Альцгеймера, 2 маркера  | 2 800  | 5  |
| <b>ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПАСПОРТА</b> |   |        |    |
| M-1310                       | Клинический генетический паспорт (предрасположенность, 200 маркеров)  | 60 500 | 40 |
| M-1311                       | Оптимальный генетический паспорт, 49 маркеров   | 41 800 | 40 |
| M-1312                       | <b>NEW</b> Генетический паспорт человека с сахарным диабетом доктора натуропатии Лейбимана  | 39 500 | 30 |
| M-1320                       | Клинический генетический паспорт (моногенная патология + предрасположенность 200 маркеров)  | 85 800 | 40 |
| <b>СПОРТИВНАЯ ГЕНЕТИКА</b>   |   |        |    |
| M-1305                       | Минимальный спортивный паспорт 9 маркеров   | 7 500  | 14 |
| M-1306                       | Оптимальный спортивный паспорт 21 маркер  | 24 500 | 28 |
| M-1307                       | Полный спортивный паспорт 36 маркера  | 31 900 | 28 |
| CG-1942                      | Общая выносливость. Выявление оптимального вида физических нагрузок, 19 маркеров  | 18 700 | 21 |
| <b>ЭСТЕТИКА И ЗДОРОВЬЕ</b>   |   |        |    |
| M-1300                       | Генетический панель «Косметология», 17 маркеров   | 15 700 | 14 |
| D-1                          | Детоксикация и метаболизм, 55 маркеров  | 34 100 | 25 |
| M-1316                       | Гены витаминов 24 маркера   | 12 600 | 14 |
| M-4                          | Нутригеномика «ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИЕТА» 32 маркера   | 29 100 | 35 |
| GP-1907                      | Метаболизм кофеина, 4 маркера   | 3 800  | 7  |
| GP-1919                      | Восстановительный потенциал, 58 маркеров  | 54 900 | 40 |
| CG-1935                      | Риск повышенной сухости кожи, 1 маркер  | 1 600  | 7  |
| CG-1947                      | Предрасположенность к атопии. Подбор иммунобиологической терапии, 7 маркеров  | 6 800  | 14 |
| CG-1948                      | Предрасположенность к нарушению трехмерной структуры коллагенового каркаса кожи. Биостарение. Регенерация и склонность к рубцеванию, 7 маркеров                                       | 6 800  | 14 |
| GP-508                       | Воспалительный ответ, 10 маркеров   | 12 600 | 14 |
| FG-1222                      | Метаболизм алкоголя, 3 маркера  | 3 200  | 16 |
| <b>ФАРМАКОГЕНЕТИКА</b>       |   |        |    |
| FG-1215                      | Статины, 5 маркеров (I поколение симвастатин, провастатин, ловастатин; II поколение флувастатин; III аторвастатин; IV розувастатин, питовастатин),                                    | 4 400  | 14 |
| FG-1212                      | Антикоагулянты и антиагреганты, 10 маркеров (аспирин, варфарин, клопидогрел, прасургел, тиклодипин) 10 маркеров CYP2C9 (2), VKORC1 (4) CYP4F2, HLA-DRB1, GP1BA, CYP2C19               | 9 300  | 14 |
| FG-1210                      | Антигипертензивные препараты (бета-блокаторы, ингибиторы АПФ, блокаторы рецепторов ангиотензина, диуретики), 8 маркеров ADRB1, ADRB2, ACE, AGE, ADD1, CYP11B2, CYP2C9 (2), CYP2D6 (2) | 7 700  | 14 |

|   |   |        |    |
|---|---|--------|----|
| FG-1227   | Фармакогенетика, 20 маркеров  | 13 200 | 14 |
| FG-1225   | Нестероидные противовоспалительные препараты (диклофенак, ибупрофен, пироксикам), толбутамин<br>анализ гена I фазы системы детоксикации CYP2C9          | 3 200  | 5  |
| FG-1230   | Подбор дозы пероральных сахароснижающих препаратов, 1 маркер  | 4 600  | 7  |
| FG-1231   | Фармакогенетика: серотониновая система, 2 маркера   | 3 800  | 14 |
| FG-1233   | Фармакогенетика: феварин, венфлаксин, карбамазепин, кветиапин, 4 маркера  | 5 000  | 14 |
| FG-1232   | Фармакогенетика: пароксетин, флувоксамин, галоперидол, трамадол, рисперидон, атомоксетин, венлафаксин, нортриптилин, amitриптилин, имипрамин, 2 маркера | 3 800  | 14 |
| FG-1241   | Фармакогенетика метотрексата (SLC19A1), 1 маркер  | 1 300  | 7  |
| FG-1208   | Медиаторные нарушения с подбором антидепрессантов и нейролептиков анализ генов дофаминового рецептора, 13 маркеров                                      | 10 700 | 14 |
| FG-1220   | Противоопухолевые препараты: метотрексат, 5 маркеров  | 5 600  | 14 |
| FG-1228   | Предрасположенность к развитию аутоиммунного поражения суставов.<br>Фармакогенетика метотрексата, 3 маркера   | 4 600  | 14 |
| <b>УСТАНОВЛЕНИЕ БИОЛОГИЧЕСКОГО РОДСТВА I-11</b>   |   |        |    |
| I-1101  | Геномная дактилоскопия (установление отцовства) отец, мать, ребенок   | 12 500 | 7  |
| I-1102  | Геномная дактилоскопия (установление отцовства) отец и ребенок  | 12 500 | 7  |
| I-1103  | Каждый последующий ребенок  | 5 600  | 7  |
| I-1104  | Геномная дактилоскопия (установление отцовства) отец и ребенок, ДЛЯ СУДА  | 22 700 | 14 |
| I-1105  | Геномная дактилоскопия (установление отцовства) отец, мать, ребенок, ДЛЯ СУДА   | 22 700 | 14 |
| <b>КОНСУЛЬТАЦИЯ И ИНТЕРПРЕТАЦИЯ ПИСЬМЕННАЯ РАЗВЕРНУТАЯ СПЕЦИАЛИСТА ВРАЧА-ГЕНЕТИКА</b>   |   |        |    |
| CG-1901   | 1-7 генов   | 1 700  | 14 |
| CG-1902   | 8-20 генов  | 6 300  | 14 |
| CG-1903   | 21-40 генов   | 9 000  | 14 |
| CG-1904   | >40 генов   | 11 900 | 14 |
| CG-1905   | Онлайн-консультация врача-генетика  | 5 000  | -  |
| CG-1906   | Очная консультация врача-генетика   | 10 000 | -  |
| <b>ВСПОМОГАТЕЛЬНЫЕ ВИДЫ УСЛУГ, ОБЛАГАЕМЫЕ В.Т.Ч НДС 5%</b>  |   |        |    |
| Ген 1   | АНАЛИЗ ОТДЕЛЬНЫХ ГЕНОВ, ЦЕНА УКАЗАНА ЗА 1 ПОЛИМОРФИЗМ (RS). Список маркеров предоставляется по запросу  | 1 000  | 14 |
| <b>БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ И КЛИНИЧЕСКАЯ ИНТЕРПРЕТАЦИЯ ДАННЫХ СЕКВЕНИРОВАНИЯ ДАННЫХ ЛАБОРАТОРИЕЙ КЛИНИЧЕСКОЙ БИОИНФОРМАТИКИ CLINBIO</b> |   |        |    |

|   |   |        |            |
|---|---|--------|------------|
| MP-1807   | <b>Экспертный анализ данных секвенирования полного экзона, клинического экзона</b><br>Лабораторией клинической биоинформатики ClinBio под руководством Федора Коновалова.<br>Для исследования необходимы данные в формате FASTQ, а также обезличенная клиническая информация. Анализ качества данных включен. | 15 000 | 21         |
| MP-1808   | <b>Экспертный анализ данных секвенирования полного генома</b><br>Лабораторией клинической биоинформатики ClinBio под руководством Федора Коновалова.<br>Для исследования необходимы данные в формате FASTQ, а также обезличенная клиническая информация. Анализ качества данных включен.                      | 20 500 | 28         |
| <b>БИОИНФОРМАТИКА И КЛИНИЧЕСКАЯ ИНТЕРПРЕТАЦИЯ ДАННЫХ СЕКВЕНИРОВАНИЯ В НАШЕЙ ЛАБОРАТОРИИ</b> |   |        |            |
| MP-1809   | Биоинформатическая обработка и клиническая интерпретация данных секвенирования КЛИНИЧЕСКОГО или ПОЛНОГО ЭКЗОМА в формате FASTQ, полученных методами MPS/NGS   | 9 500  | 21         |
| MP-1820   | Биоинформатическая обработка и клиническая интерпретация данных секвенирования ПОЛНОГО ГЕНОМА в формате FASTQ, полученных методами MPS (NGS) в других лабораториях  | 18 700 | по запросу |
| MP-1811   | Работа биоинформатика: отбор точек из первичных данных полного генома для дальнейшей интерпретации врачом генетиком   | 5 000  | 10         |
| MP-1812   | Анализ метагеномных данных (от ридов до получения таблицы OTU/ASV)  | 27 500 | по запросу |
| MP-1813   | Проведение статистического анализа по разнообразию микробиоты   | 66 000 | по запросу |
| MP-1814   | Обсуждение планирования эксперимента и проведения исследования  | 11 000 | по запросу |
| MP-1815   | Анализ транскриптомных данных (от ридов до таблицы с каунтами)  | 33 000 | по запросу |
| MP-1817   | Разработка алгоритмов для анализа данных NGS  | 44 000 | по запросу |
| MP-1821   | Биоинформатическая обработка ПОЛНОГО ГЕНОМА/ ПОЛНОГО ЭКЗОМА/ КЛИНИЧЕСКОГО ЭКЗОМА в формате FASTQ с выдачей в формате .xls   | 7 000  | 5          |
| MP-1823   | Биоинформатическая обработка данных 16s/18s секвенирования FASTQ с выдачей в формате .xls   | 200    | 1          |
| MP-1831   | Экспертный анализ данных секвенирования полного генома, выполненного в лаборатории «Сербалаб» «Фенотип-Генотип» с покрытием 50x   | 20 000 | 14         |
| MP-1824   | Экспертный анализ данных секвенирования полного генома, выполненного в лаборатории «Сербалаб» «Фенотип-Генотип» с учетом вторичных находок (рекомендации ACMG 2022-2024гг) с покрытием 50x  | 30 000 | 21         |
| MP-1825   | Экспертный анализ данных секвенирования полного генома, выполненного в лаборатории «Сербалаб» «Геном Здорового Человека» с покрытием 50x  | 50 000 | 28         |
| MP-1826   | Экспертный анализ данных секвенирования полного генома, выполненного в лаборатории «Сербалаб» «Геном репродуктивного здоровья» с покрытием 50x  | 50 000 | 21         |
| MP-1827   | Экспертный анализ данных секвенирования полного экзона, выполненного в лаборатории «Сербалаб» «Генотип-Фенотип»   | 7 000  | 14         |
| MP-1828   | Экспертный анализ данных секвенирования полного экзона, выполненного в лаборатории «Сербалаб» «Фенотип-Генотип» с учетом вторичных находок (рекомендации ACMG 2022-2024гг)  | 12 000 | 14         |
| <b>ВСПОМОГАТЕЛЬНЫЕ УСЛУГИ</b>   |   |        |            |
| P-2001  | Выделение ДНК из крови . Хранение 1 год   | 1 200  | 3          |
| P-2002  | Выделение ДНК из слюны, буккального эпителия, сухого пятна крови. Хранение 1 год  | 1 430  | 3          |
| P-2003  | Выделение ДНК из клеток с гистологических стекол и парафиновых блоков. Хранение 1 год   | 3 600  | 14         |
| P-2004  | Выделение ДНК из ворсин хориона, ворсин плаценты, амниотической жидкости. Хранение 1 год  | 1 700  | 7          |
| P-2005  | Выделение ДНК абортного материала. Хранение 1 год   | 1 700  | 7          |
| P-2006  | Выделение бактериальной ДНК из биологических образцов. Хранение 1 год   | 1 600  | 7          |

|               |  |            |            |
|---------------|--|------------|------------|
| <b>P-2007</b> | Выделение бактериальной ДНК из биопатов, почвенных образцов, Нефти. Хранение 1 год | 3 300      | 7          |
| <b>P-2008</b> | Дополнительное хранение ДНК в биобанке 1 год                                       | по запросу | по запросу |
| <b>P-2009</b> | Забор крови вакуумной системой   | 300        |            |
| <b>P-2010</b> | Забор буккального эпителия   | 300        |            |

Приказ № 788 от 28.12.2025

Генеральный директор ООО «Сербалаб»  
Асеев М.В.



«СЕРБАЛАБ»  
«SERBALAB»  
Ltd.  
Санкт-Петербург

\_\_\_\_\_



