



**ЦКП**

ГЕНОМИКА  
ПРОТЕОМИКА  
МЕТАБОЛОМИКА

**ФГБУ ФНКЦ ФХМ ИМ. Ю.М. ЛОПУХИНА ФМБА РОССИИ**

**Центр коллективного пользования**

«ГЕНОМИКА,  
ПРОТЕОМИКА,  
МЕТАБОЛОМИКА»



# О центре

Центр коллективного пользования «Геномика, протеомика, метаболомика» образован в **2021 году** в рамках программы создания и развития научного центра геномных исследований мирового уровня «**Центр высокоточного редактирования и генетических технологий для биомедицины**».



**ЦКП**

ГЕНОМИКА  
ПРОТЕОМИКА  
МЕТАБОЛОМИКА

## Цели ЦКП:

- создание **мультифункционального** исследовательского комплекса, позволяющего расширить возможности экспериментов и автоматизацию процесса их проведения;
- **эффективное** использование оборудования центра, а также техническое, методическое, метрологическое и информационное **сопровождение** для проведения экспериментальных и прикладных научных исследований на современном уровне;
- решению **комплексных** задач с пересечением методов геномного, протеомного и метаболомного анализа;
- **совершенствование** существующих, разработка и внедрение новых методик научных исследований в рамках приоритетных направлений развития науки и техники.

# Направления центра



## Геномика

Использование инструментов и методов секвенирования **следующего поколения** и традиционной геномики для исследования различных биологических явлений;

**Оптимизация проектов** под нужды конечного потребителя, независимо от их опыта в области технологий полногеномного секвенирования.



## Протеомика

Профилирование протеомов и пептидов различных биологических образцов (бактерии, клеточные линии, плазма крови, секретом, продукты питания);

Возможность полуколичественного и количественного профилирования **тысяч белков и пептидов** в рамках одного исследования.



## Метабомика

**Поиск диагностических маркеров** различных патологий среди низкомолекулярных соединений, составляющих основу различных биохимических каскадов;

**Отработка методик и оптимизация** подходов для таргетного исследования метаболитов в различных биологических объектах.

# Наши преимущества



**Индивидуальный  
подход** к каждому  
исследованию



**Качественное  
выполнение**  
поставленной  
задачи



**Доступная  
стоимость**  
проведения  
исследований



**Быстрые сроки**  
выполнения  
работы



**Большой опыт**  
работы в данной  
сфере



**ЦКП**

ГЕНОМИКА  
ПРОТЕОМИКА  
МЕТАБОЛОМИКА



**ГЕНОМИКА**

# Оборудование

## ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНЫЕ СЕКВЕНАТОРЫ 1-ГО И 2-ГО ПОКОЛЕНИЯ

### 3500xl DNA Analyzer

**24** капилляра  
Длина прочтений **800** bp



### Ion Proton

Выход до **10** Gb  
Длина прочтений до **200** bp



### Illumina HiSeq

Выход до **100** Gb  
Длина прочтений до **250** bp



### Illumina NextSeq

Выход до **360** Gb  
Длина прочтений до **300** bp



# Оборудование

## ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНЫЕ СЕКВЕНАТОРЫ 2-ГО И 3-ГО ПОКОЛЕНИЯ

### DNBSEQ G-400

Выход до **1400** Gb  
Длина прочтений до **300** bp



### Oxford Nanopore MinION

Выход до **50** Gb  
Длина прочтений > **10 000** bp



### Oxford Nanopore PromethION

Выход до **280** Gb на ячейку  
Длина прочтений > **10 000** bp



# Оборудование

## СТАНЦИИ ДЛЯ АВТОМАТИЗИРОВАННОЙ ПРОБОПОДГОТОВКИ И АНАЛИЗА ОДНОНУКЛЕОТИДНЫХ ПОЛИМОРФИЗМОВ

### Tecan Freedom Evo

**Роботизированные станции** пробоподготовки для высокопроизводительного секвенирования и анализа однонуклеотидных полиморфизмов



### Illumina iScan

Система анализа однонуклеотидных полиморфизмов





# Оборудование

## ПРОЧЕЕ ВЫСОКОТЕХНОЛОГИЧНОЕ ОБОРУДОВАНИЕ ДЛЯ ПРОБОПОДГОТОВКИ

### Амплификаторы

Для пробоподготовки библиотек и **высокопроизводительного** секвенирования



### Agilent TapeStation и Bioanalyzer

Станции автоматического электрофореза для контроля качества **NGS-библиотек**



# Оборудование

## ПРОЧЕЕ ВЫСОКОТЕХНОЛОГИЧНОЕ ОБОРУДОВАНИЕ ДЛЯ ПРОБОПОДГОТОВКИ

### Magna Lyser

Автоматический **встряхиватель** для механического лизиса биоматериала



### KingFisher Flex

Автоматизированная станция для **выделения нуклеиновых кислот**



### Covaris M220 Focused Ultrasonicator

Ультразвуковая станция для **пробоподготовки ДНК**



### Qubit Fluorometers

Флуориметры для **измерения концентраций ДНК и РНК**



# Выделение ДНК/РНК



## РУЧНОЕ ВЫДЕЛЕНИЕ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ НАБОРОВ:

- Qiagen
- Thermo Scientific
- Promega
- КАРА



## АВТОМАТИЧЕСКОЕ ВЫДЕЛЕНИЕ НА СТАНЦИИ KINGFISHER™ FLEX PURIFICATION SYSTEM:

- очистка ДНК/РНК, белков или клеток из **любого** источника
- **96** магнитных головок
- **полностью автоматизированная система**
- обработка до **96** образцов менее чем за **30** минут
- диапазон объёмов от **50** до **1000** мкл
- программное обеспечение **Thermo Scientific BindIt**
- **открытая и гибкая** система, совмещающая наборы разных производителей



КОД	УСЛУГА	СТОИМОСТЬ, Р*
ФХМ_06	Выделение ДНК из биологического материала	<b>4 250,36</b>
ФХМ_07	Выделение РНК из биологического материала	<b>3 765,39</b>
ФХМ_08	Выделение высокомолекулярной ДНК из биологического материала	<b>6 477,18</b>

КОД	УСЛУГА	СТОИМОСТЬ, Р*
ФХМ_09_1	Выделение ДНК из биологического материала (фекалии, биомасса, культура клеток)	<b>1 998,25</b>
ФХМ_09_2	Выделение ДНК из биологического материала (слюна, кровь)	<b>2 072,95</b>
ФХМ_10	Выделение РНК из биологического материала	<b>2 784,49</b>

\*Цены указаны за 1 образец без НДС на 2024 год

# Генотипирование

## ПРИБОРНЫЙ КОМПЛЕКС ISCAN (ILLUMINA)

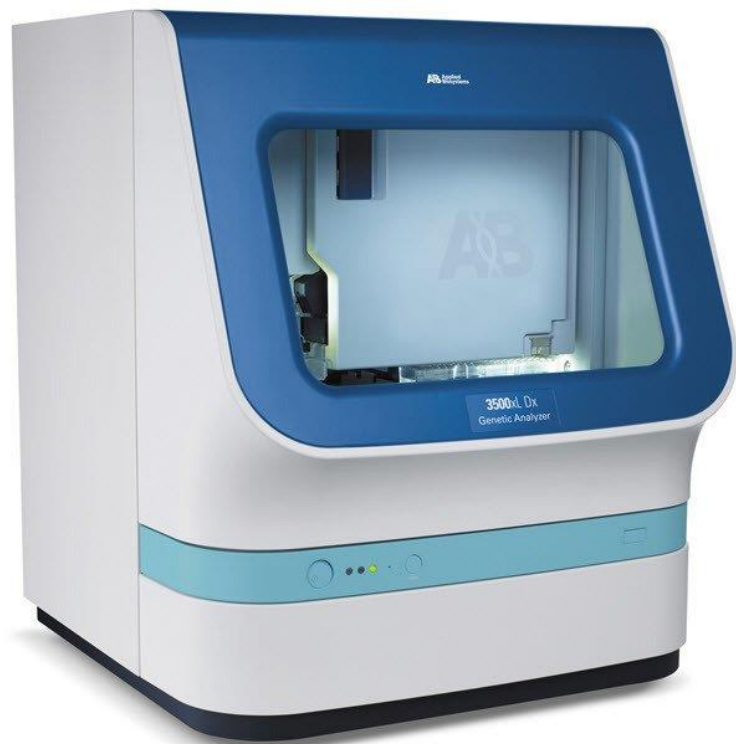


- осуществляет скрининговые исследования в области **транскриптомики, эпигенетики, полногеномного или локусного генотипирования**
- позволяет проводить параллельный анализ до **5 000 000** однонуклеотидных полиморфизмов в геноме человека и других организмах
- существуют наборы для исследований экзомов человека, статуса метилирования, для скрининга определённых патологий (сердечно-сосудистые, онкологические и другие заболевания), а также для исследования полиморфизмов лабораторных и сельскохозяйственных животных

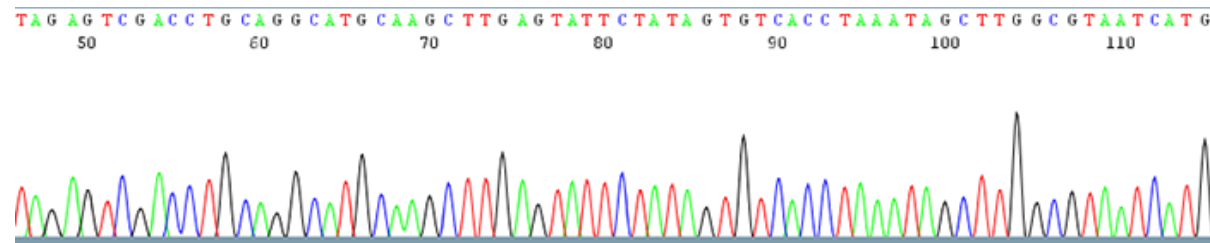
КОД	УСЛУГА	СТОИМОСТЬ, Р*
ФХМ_01	Оценка концентрации ДНК	<b>386,09</b>
ФХМ_31	Бисульфитная конверсия образцов ДНК	<b>761,95</b>
ФХМ_32	Генотипирование образцов ДНК на iScan с реактивами Заказчика	<b>829,75</b>

# Определение последовательности ДНК методом Сенгера

## СЕКВЕНАТОР 1-ГО ПОКОЛЕНИЯ 3500XL (THERMO FISHER SCIENTIFIC)



- работа в **96-** и **384-** луночном формате
- **24** капилляра обеспечивают производительность до **200** образцов в сутки
- длина прочтений до **800** нуклеотидов



КОД	УСЛУГА	СТОИМОСТЬ, Р*
ФХМ_36	Секвенирование по Сенгеру	583,74

# Секвенирование

WGS

Полногеномное  
секвенирование



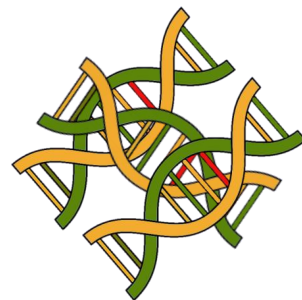
TS

Таргетное/экзомное  
секвенирование



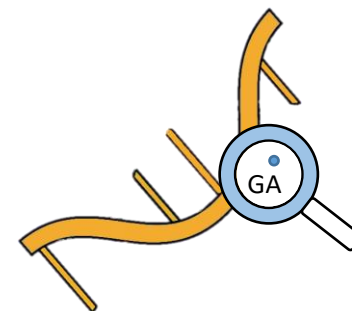
MS

Метагеномное  
секвенирование



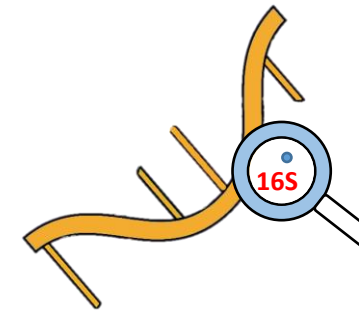
RNA

РНК секвенирование



rRNA

16S рРНК  
секвенирование



# Секвенирование

## СЕКВЕНАТОРЫ 2-ГО ПОКОЛЕНИЯ



Ion Proton



Illumina  
NextSeq



Illumina HiSeq



DNBSEQ G-400

- возможность получения **single-read** и **paired-end** чтений
- длина чтений до **300** пар оснований
- **полногеномные, экзомные и транскриптомные** исследования человека
- изучение геномов и транскриптомов **отдельных микроорганизмов**
- анализ микробных сообществ
- исследование **экспрессии генов в единичных клетках**
- применение панелей для таргетного обогащения

# Секвенирование

## СЕКВЕНАТОРЫ 3-ГО ПОКОЛЕНИЯ OXFORD NANOPORE



Oxford Nanopore  
MinION



Oxford Nanopore  
PromethION

- возможность получения длинных библиотек (**N50** от **30 kb** и выше)
- анализ **нативной ДНК**
- секвенирование **ампликонов** (16S rRNA, панель), плазмид, вирусов, микроорганизмов (грибы, бактерии, археи), эукариот
- **прямое** секвенирование РНК
- изучение метагеномов **целых микробных сообществ**
- анализ **эпигенетических модификаций** (эукариоты и прокариоты)
- выход с ячейки **PromethION** не менее **80-90 ГБ** (**N50 = 5-15 Кб**)



# Секвенирование



**Ion Proton**



**Illumina NextSeq**



**Illumina HiSeq**



**DNBSEQ G-400**



**Oxford Nanopore MinION**



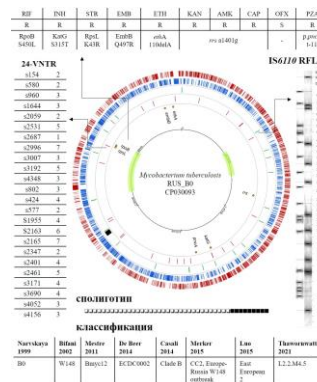
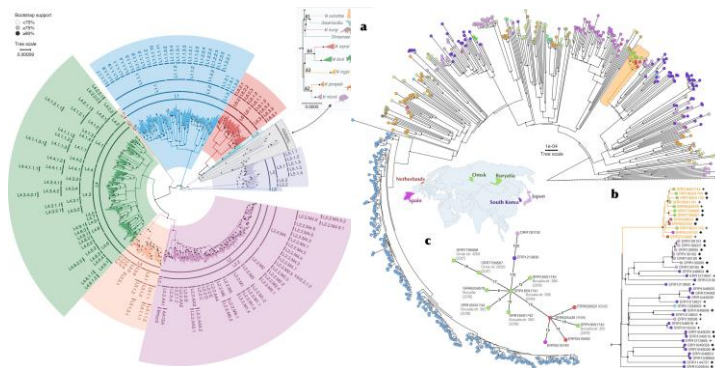
**Oxford Nanopore PromethION**

КОД	УСЛУГА	СТОИМОСТЬ, Р*
ФХМ_12	Приготовление ДНК библиотек для высокопроизводительного секвенирования на Illumina	<b>7 057,26</b>
ФХМ_13	Приготовление РНК библиотек poly-a из РНК эукариот для высокопроизводительного секвенирования на Illumina	<b>8 838,80</b>
ФХМ_14	Приготовление РНК библиотек rDepleted из РНК эукариот и микроорганизмов для высокопроизводительного секвенирования на Illumina	<b>14 592,93</b>
ФХМ_19	Секвенирование бактериального или эукариотического образца РНК на NextSeq 1000 (Illumina)	<b>от 12 507,92</b>
ФХМ_22	Секвенирование генома с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	<b>от 9 965,79</b>
ФХМ_21	Секвенирование метагеномного образца с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	<b>от 13 113,08</b>
ФХМ_24	Комплекс услуг по оценке микробного разнообразия путем секвенирования гена 16S рРНК для Oxford Nanopore Technologies	<b>3 745,59</b>
ФХМ_17	Приготовление баркодируемой библиотеки для Oxford Nanopore	<b>от 5 470,07</b>
ФХМ_18	Комплекс услуг по секвенированию и сборки геномов	<b>от 30 717,24</b>
ФХМ_28	Секвенирование на 1 ячейке PromethION (Oxford Nanopore)	<b>366 068,32</b>
ФХМ_31	Секвенирование экзома с использованием DNBSEQ G-400	<b>от 39 000,00</b>

# Биоинформатический анализ данных

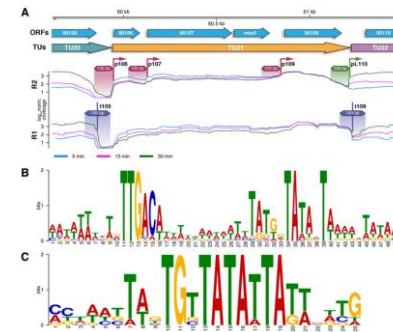
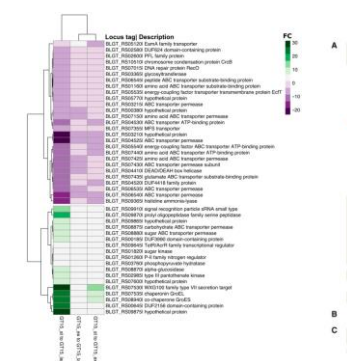
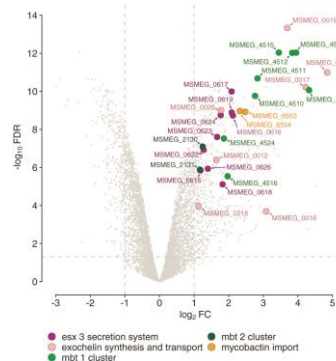
## АНАЛИЗ ГЕНОМОВ

- сборка и аннотация геномов **de novo**
- сравнение с **референсным** геномом
- поиск **SNP**
- **филогенетические** исследования
- **функциональная** аннотация
- **визуализация** полученных результатов



## АНАЛИЗ ТРАНСКРИПТОМНЫХ ДАННЫХ

- анализ дифференциальной экспрессии генов (**ДЭГ**)
- анализ **регуляторных путей**
- **функциональный** анализ ДЭГ
- поиск **транскрипционных стартов**
- **визуализация** полученных результатов



КОД	УСЛУГА
ФХМ_38	Анализ геномов
ФХМ_39	Анализ транскриптомных данных

СТОИМОСТЬ, ₺*
от 5 000
от 7 000

\*Цены указаны за 1 образец без НДС на 2024 год

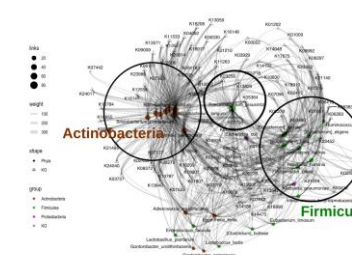
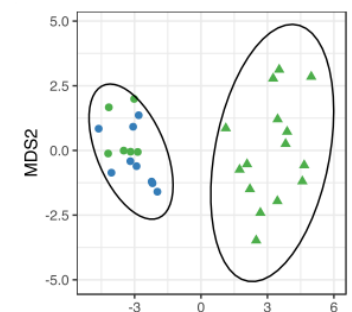
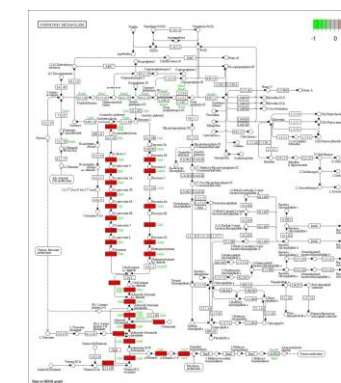
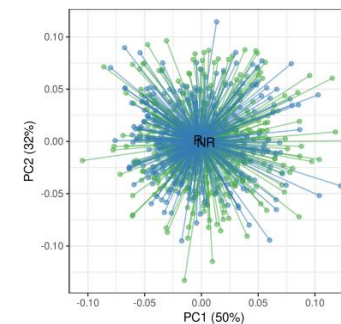
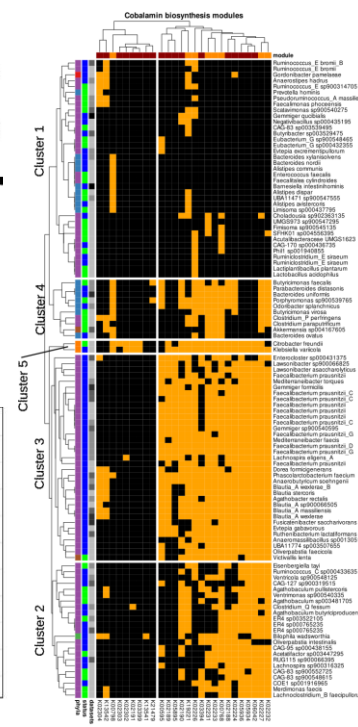
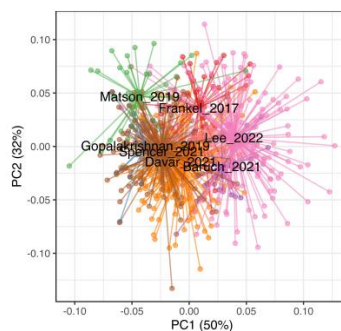
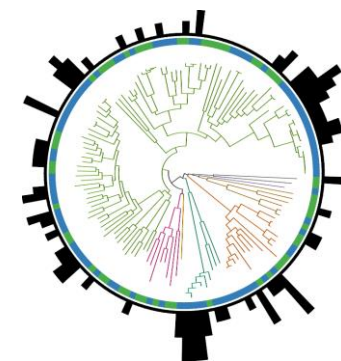
# Биоинформатический анализ данных

## АНАЛИЗ ДАННЫХ СЕКВЕНИРОВАНИЯ 16S рРНК

- анализ **альфа-** и **бета-**разнообразия
- анализ дифференциальной представленности таксонов, групп генов, функциональных путей, геномов
- **визуализация** полученных результатов

## АНАЛИЗ ШОТГАН МЕТАГЕНОМОВ

- анализ **альфа-** и **бета-**разнообразия
- анализ дифференциальной представленности таксонов, групп генов, функциональных путей, геномов
- изучение **внутривидового разнообразия** между метагеномными образцами
- **сборка геномов** из метагеномов
- филогенетический анализ, предсказание функционального потенциала геномов
- **штаммовое** профилирование
- **визуализация** полученных результатов



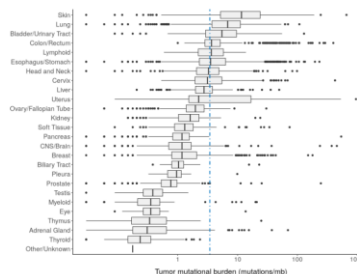
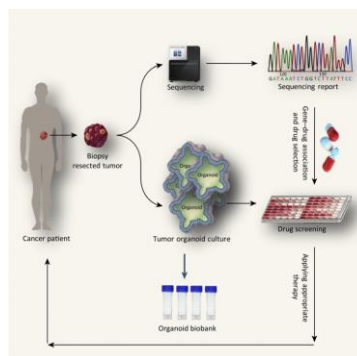
КОД	УСЛУГА	СТОИМОСТЬ, ₴*
ФХМ_37	Анализ данных секвенирования 16S рРНК	от 700
ФХМ_40	Анализ шотган метагеномов	от 10 000

\*Цены указаны за 1 образец без НДС на 2024 год

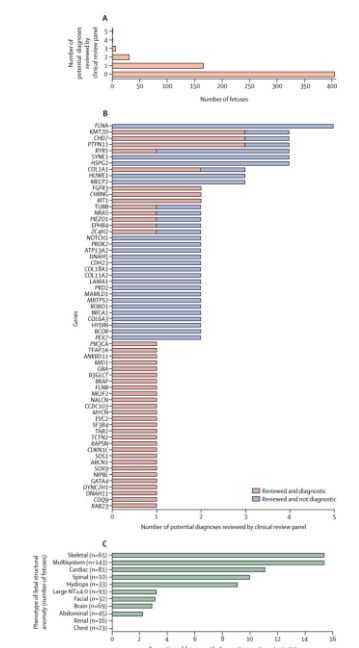
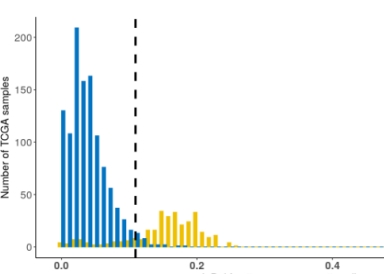
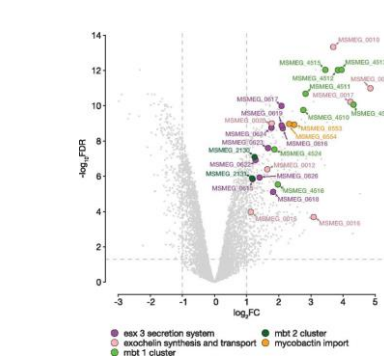
# Биоинформатический анализ данных

## АНАЛИЗ ЭКЗОМОВ И ТАРГЕТНЫХ ПАНЕЛЕЙ

- анализ **герминальных и соматических** геномных вариантов
- классификация геномных вариантов по критериям **ACMG**, включая определение вероятности его патогенности
- анализ **вторичных находок** и определение статуса носительства наследственных заболеваний
- **фармакогеномный анализ** опухолевого материала с возможностью предсказания эффективности таргетной терапии
- разработка **биоинформатических** решений на заказ



Gene	Transcript	System	Substrate	Enzymatic Activity	Condition	Reference
ADAMTS-1	ADAMTS-1	ADAMTS-1	ADAMTS-1	ADAMTS-1	ADAMTS-1	ADAMTS-1
ADAMTS-2	ADAMTS-2	ADAMTS-2	ADAMTS-2	ADAMTS-2	ADAMTS-2	ADAMTS-2
ADAMTS-3	ADAMTS-3	ADAMTS-3	ADAMTS-3	ADAMTS-3	ADAMTS-3	ADAMTS-3
ADAMTS-4	ADAMTS-4	ADAMTS-4	ADAMTS-4	ADAMTS-4	ADAMTS-4	ADAMTS-4
ADAMTS-5	ADAMTS-5	ADAMTS-5	ADAMTS-5	ADAMTS-5	ADAMTS-5	ADAMTS-5
ADAMTS-6	ADAMTS-6	ADAMTS-6	ADAMTS-6	ADAMTS-6	ADAMTS-6	ADAMTS-6
ADAMTS-7	ADAMTS-7	ADAMTS-7	ADAMTS-7	ADAMTS-7	ADAMTS-7	ADAMTS-7
ADAMTS-8	ADAMTS-8	ADAMTS-8	ADAMTS-8	ADAMTS-8	ADAMTS-8	ADAMTS-8
ADAMTS-9	ADAMTS-9	ADAMTS-9	ADAMTS-9	ADAMTS-9	ADAMTS-9	ADAMTS-9
ADAMTS-10	ADAMTS-10	ADAMTS-10	ADAMTS-10	ADAMTS-10	ADAMTS-10	ADAMTS-10
ADAMTS-11	ADAMTS-11	ADAMTS-11	ADAMTS-11	ADAMTS-11	ADAMTS-11	ADAMTS-11
ADAMTS-12	ADAMTS-12	ADAMTS-12	ADAMTS-12	ADAMTS-12	ADAMTS-12	ADAMTS-12
ADAMTS-13	ADAMTS-13	ADAMTS-13	ADAMTS-13	ADAMTS-13	ADAMTS-13	ADAMTS-13
ADAMTS-14	ADAMTS-14	ADAMTS-14	ADAMTS-14	ADAMTS-14	ADAMTS-14	ADAMTS-14
ADAMTS-15	ADAMTS-15	ADAMTS-15	ADAMTS-15	ADAMTS-15	ADAMTS-15	ADAMTS-15
ADAMTS-16	ADAMTS-16	ADAMTS-16	ADAMTS-16	ADAMTS-16	ADAMTS-16	ADAMTS-16
ADAMTS-17	ADAMTS-17	ADAMTS-17	ADAMTS-17	ADAMTS-17	ADAMTS-17	ADAMTS-17
ADAMTS-18	ADAMTS-18	ADAMTS-18	ADAMTS-18	ADAMTS-18	ADAMTS-18	ADAMTS-18
ADAMTS-19	ADAMTS-19	ADAMTS-19	ADAMTS-19	ADAMTS-19	ADAMTS-19	ADAMTS-19
ADAMTS-20	ADAMTS-20	ADAMTS-20	ADAMTS-20	ADAMTS-20	ADAMTS-20	ADAMTS-20
ADAMTS-21	ADAMTS-21	ADAMTS-21	ADAMTS-21	ADAMTS-21	ADAMTS-21	ADAMTS-21
ADAMTS-22	ADAMTS-22	ADAMTS-22	ADAMTS-22	ADAMTS-22	ADAMTS-22	ADAMTS-22
ADAMTS-23	ADAMTS-23	ADAMTS-23	ADAMTS-23	ADAMTS-23	ADAMTS-23	ADAMTS-23
ADAMTS-24	ADAMTS-24	ADAMTS-24	ADAMTS-24	ADAMTS-24	ADAMTS-24	ADAMTS-24



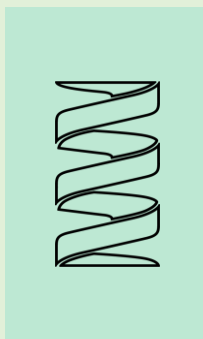
КОД	УСЛУГА	СТОИМОСТЬ, ₪*
ФХМ_41	Анализ экзоста герминальный	от 10 000
ФХМ_42	Анализ экзоста соматика	от 20 000

\*Цены указаны за 1 образец без НДС на 2024 год



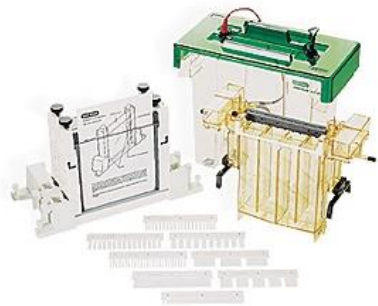
**ЦКП**

ГЕНОМИКА  
ПРОТЕОМИКА  
МЕТАБОЛОМИКА



**ПРОТЕОМИКА**

# Дифференциальный двумерный гель-электрофорез



**PROTEAN II  
System**



**PROTEAN II XL  
Multi-cell**



**PROTEAN Plus  
Dodeca Cell**



**Система для проведения дифференциального  
2Д электрофореза**

## ЭЛЕКТРОФОРЕТИЧЕСКОЕ РАЗДЕЛЕНИЕ БЕЛКОВ

КОД	УСЛУГА	СТОИМОСТЬ, Р*
ФХМ_43	2D-электрофорез белков (окраска серебром)	<b>8 000</b>
ФХМ_44	Сравнительный дифференциальный 2D-электрофорез белков (окраска цианинами 2 образца в геле)	<b>15 000</b>

## ПРОБОПОДГОТОВКА ДЛЯ МАССПЕКТРОМЕТРИИ

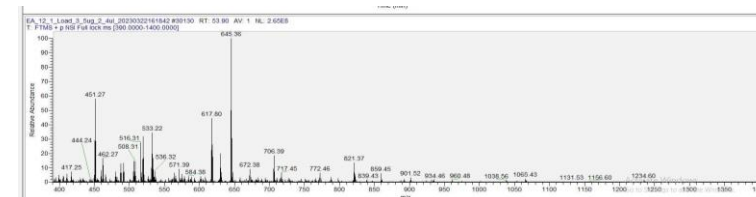
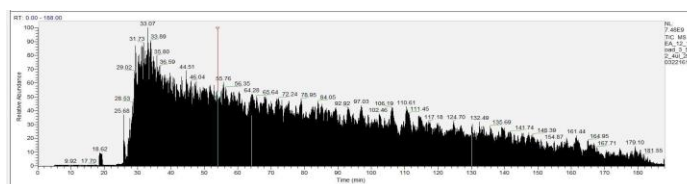
КОД	УСЛУГА	СТОИМОСТЬ, Р*
ФХМ_45	Проведение протеолиза в растворе бактерии/эукариоты	<b>4 500</b>
ФХМ_46	Проведение протеолиза секретомов	<b>7 000</b>
ФХМ_47	Очистка пептидных экстрактов на колонке C18	<b>1 000</b>

# Хромато-масс-спектрометрия

СИСТЕМА ULTIMATE 3000 NANO LC, СОЕДИНЕННАЯ С МАСС-СПЕКТРОМЕТРОМ Q EXACTIVE HF ORBITRAP (THERMO FISHER SCIENTIFIC)



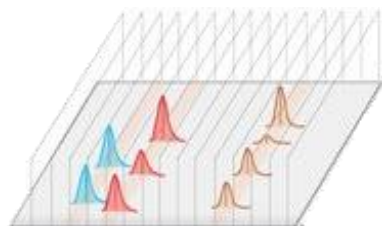
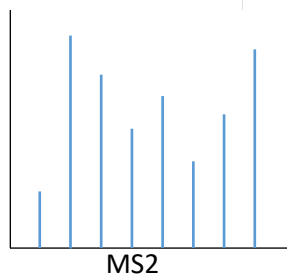
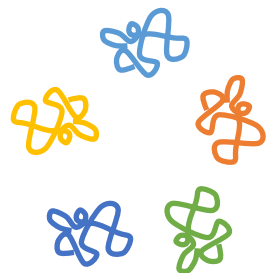
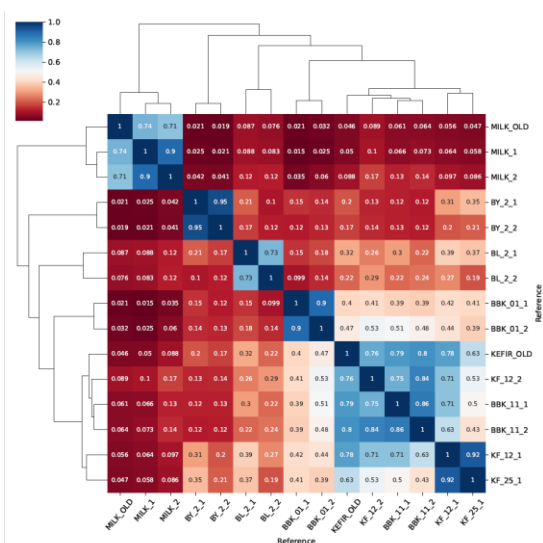
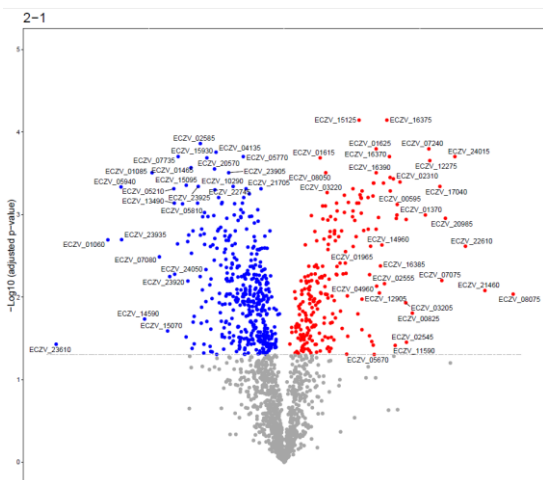
- для качественного и количественного анализа состава протеомов **сложных биологических образцов**
- анализ протеомов **бактериальных и эукариотических клеток, секретомов, животных и растительных тканей**
- анализ **метаболического профиля и состава липидов**



КОД	УСЛУГА	СТОИМОСТЬ, ₽*
		для панорамной протеомики/ для анализа секрета
ФХМ_48/ ФХМ_51	Хромато-масс-спектр с хроматографическим градиентом не более 60 минут	<b>14 000/ 20 000</b>
ФХМ_49/ ФХМ_52	Хромато-масс-спектр с хроматографическим градиентом не более 60-120 минут	<b>17 000/ 25 000</b>
ФХМ_50/ ФХМ_53	Хромато-масс-спектр с хроматографическим градиентом не более 120-180 минут	<b>21 000/ 30 000</b>

# Биоинформатический анализ данных

## АНАЛИЗ ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНОЙ ПРЕДСТАВЛЕННОСТИ БЕЛКОВ



- **идентификация и количественный анализ** представленности белков и пептидов
- **визуализация** данных
- анализ **метаболических путей**
- **протеогеномный** анализ
- настройка анализа **под требования заказчика**
- **de novo** определение последовательности белков

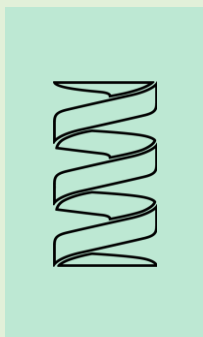
КОД	УСЛУГА	СТОИМОСТЬ, ₽
ФХМ_54	Анализ пептидома	от 2 000
ФХМ_55	Анализ протеома	от 3 000



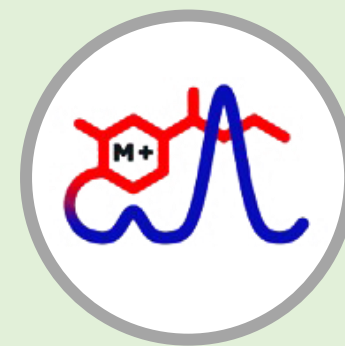


**ЦКП**

ГЕНОМИКА  
ПРОТЕОМИКА  
МЕТАБОЛОМИКА



## МЕТАБОЛОМИКА



# Таргетный метаболомный анализ

ТАНДЕМНЫЙ КВАДРУПОЛЬНЫЙ МАСС-СПЕКТРОМЕТР АВ SCIEX QQQ – 4500 С МИКРОПОТОКОВОЙ ВЭЖХ СИСТЕМОЙ SHIMADZU LC-30



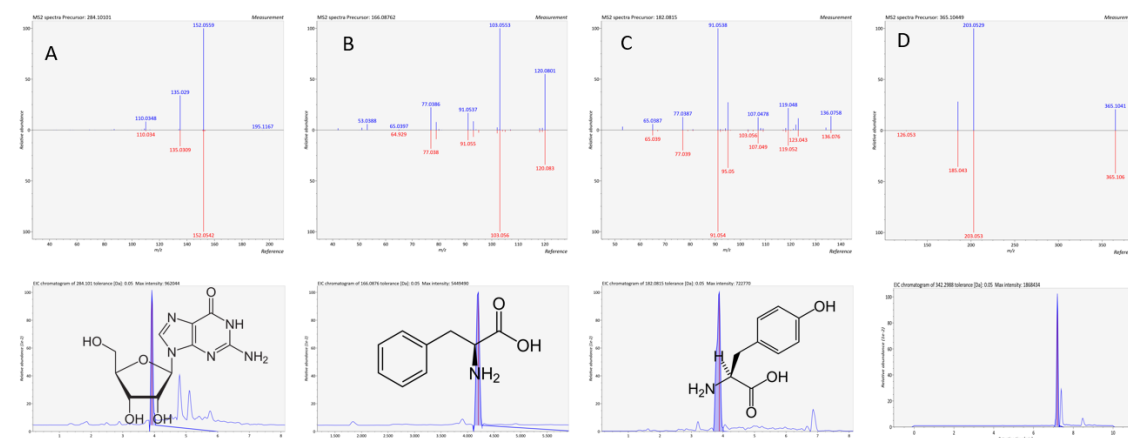
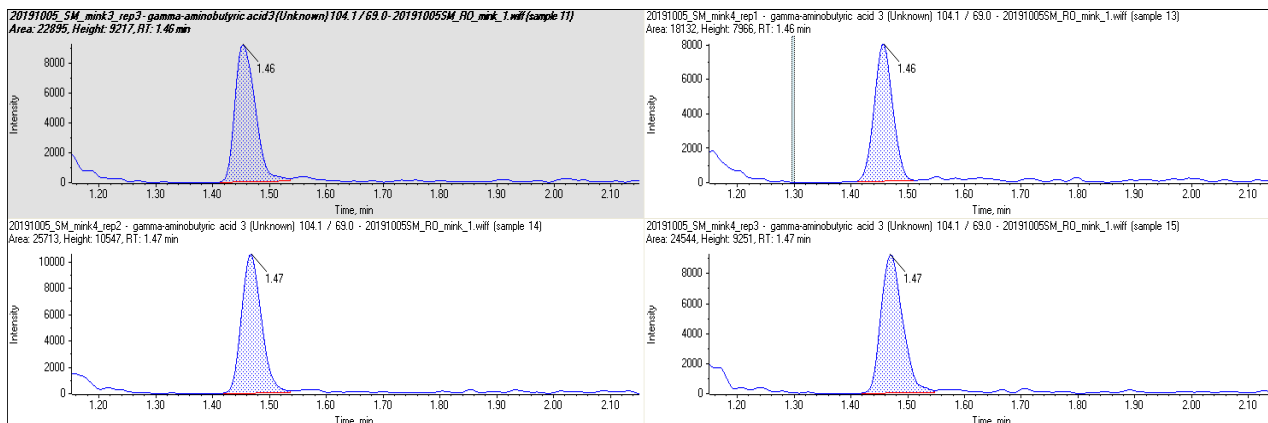
- **таргетное** метаболомное исследование **низкомолекулярных веществ**
- оценка **точного количественного содержания** анализируемых компонентов в различных биологических объектах

КОД	УСЛУГА	СТОИМОСТЬ, Р*
ФХМ_56	Разработка методики под анализ пробы	Цена по запросу
ФХМ_57	Таргетный анализ пробы по компонентам, входящим в перечень библиотеки стандартов	Цена по запросу

# Библиотека стандартов для таргетного анализа

На сегодняшний день библиотека низкомолекулярных веществ, доступных для анализа, насчитывает более **100** компонентов **различных биохимических каскадов**

- Аминокислоты и производные
- Нуклеотиды и производные
- Метаболиты гликолиза
- Метаболиты цикла трикарбоновых кислот
- Метаболиты пентозо-фосфатного пути
- Витамины
- Гормоны



КОД	УСЛУГА	СТОИМОСТЬ, Р*
ФХМ_58	Разработка методики для анализа стандарта, не представленного в перечне стандартов в библиотеки	Цена по запросу

# Контакты



**ЦКП**

ГЕНОМИКА  
ПРОТЕОМИКА  
МЕТАБОЛОМИКА

Руководитель ЦКП «Геномика, протеомика, метаболомика»  
**к.б.н. ПОЛИНА Надежда Федоровна**

Е-mail: [polinanf@rcrcm.org](mailto:polinanf@rcrcm.org)

Сайт ЦКП: <http://rcrcm.org/?p=2806>

Е-mail ЦКП:

Адрес: [ckp@rcrcm.org](mailto:ckp@rcrcm.org)

Telegram канал: 119435, Россия, Москва, Малая Пироговская, д. 1А  
[https://t.me/genome\\_proteome\\_metabolome](https://t.me/genome_proteome_metabolome)

