

## Центр коллективного пользования "Геномика, протеомика, метаболомика"

[ФГБУ ФНКЦ ФХМ им. Ю.М. Лопухина ФМБА России]

Заместитель генерального директора Федерального государственного бюджетного учреждения  
«Федеральный научно-клинический центр физико-химической медицины имени академика Ю.М. Лопухина  
Федерального медико-биологического агентства» по научной работе

д.б.н. В.Н. Лазарев

МП

29 января 2025 г.

### Прейскурант на услуги

Цены указаны в пересчете на один образец и действительны с [01.01.2025] по [31.12.2025]

Код услуги	Тип услуги	Описание	Конечная стоимость услуги	Стоимость услуги с учетом НДС (20%)
ФХМ_01	Оценка концентрации ДНК	Измерение концентрации ДНК на приборе Qubit	313,68р.	376,42р.
ФХМ_02	Оценка концентрации РНК	Измерение концентрации РНК на приборе Qubit	469,01р.	562,81р.
ФХМ_03	Очистка образца	Очистка образца/ампликона на магнитных шариках КАРА HyperPure Beads	488,27р.	585,92р.
ФХМ_04	Проверка качества ДНК	Проверка качества ДНК на биоанализаторе Agilent 2100 или TapeStation system	2 079,71р.	2 495,65р.
ФХМ_05	Проверка качества РНК	Проверка качества РНК на биоанализаторе Agilent 2100 или TapeStation system	1 479,33р.	1 775,20р.
ФХМ_06_1	Выделение ДНК из биологического материала (фекалии, биомасса) набором	Выделение ДНК из биологического материала набором КАРА/Qiagen/Thermo Scientific/Promega с измерением конечной концентрации ДНК на приборе Qubit	4 205,40р.	5 046,48р.
ФХМ_06_2	Выделение ДНК из почвы набором	Выделение ДНК из почвенного материала набором Zymo Research с измерением конечной концентрации ДНК на приборе Qubit	4 468,88р.	5 362,66р.
ФХМ_07	Выделение РНК из биологического материала набором	Выделение РНК из биологического материала набором КАРА/Qiagen/Thermo Scientific/Promega с измерением конечной концентрации РНК на приборе Qubit	4 215,07р.	5 058,08р.
ФХМ_08	Выделение высокомолекулярной ДНК из биологического материала для последующего секвенирования на ONT	Выделение высокомолекулярной ДНК из биологического материала для последующего секвенирования на Oxford Nanopore Technologies, обработка РНКазой, измерение конечной концентрации ДНК на приборе Qubit и проверка качества ДНК в агарозном геле	7 322,92р.	8 787,50р.
ФХМ_09_1	Выделение ДНК на автоматической станции KingFisher Flex из фекалий, биомассы	Выделение ДНК на автоматической станции KingFisher Flex из фекалий, биомассы микроорганизмов, культуры клеток с измерением конечной концентрации ДНК на приборе Qubit <i>Минимальное количество на вход: 48 образцов</i>	1 817,51р.	2 181,01р.
ФХМ_09_2	Выделение ДНК на автоматической станции KingFisher Flex из крови	Выделение ДНК на автоматической станции KingFisher Flex из крови с измерением конечной концентрации ДНК на приборе Qubit <i>Минимальное количество на вход: 48 образцов</i>	1 569,82р.	1 883,78р.
ФХМ_09_3	Выделение ДНК на автоматической станции KingFisher Flex из слюны	Выделение ДНК на автоматической станции KingFisher Flex из слюны с измерением конечной концентрации ДНК на приборе Qubit <i>Минимальное количество на вход: 48 образцов</i>	1 150,08р.	1 380,10р.
ФХМ_10	Выделение РНК на автоматической станции King Fisher Flex из биологического материала	Выделение РНК на автоматической станции KingFisher Flex из биологического материала с измерением конечной концентрации РНК на приборе Qubit <i>Минимальное количество на вход: 48 образцов</i>	2 042,05р.	2 450,46р.
ФХМ_11	Обогащение микробной ДНК	Обогащение ДНК микробиома набором NEBNext Microbiome DNA Enrichment Kit, измерение концентрации ДНК на приборе Qubit	4 418,84р.	5 302,61р.
ФХМ_12	Приготовление ДНК библиотек для высокопроизводительного секвенирования	Измерение концентрации исходной ДНК на приборе Qubit, фрагментация ДНК на приборе Covaris, приготовление библиотек и их индексирование, оценка качества полученных библиотек на Agilent 2100 или TapeStation system, измерение конечной концентрации готовых библиотек на Qubit	8 615,92р.	10 339,10р.

Адрес [119435, г. Москва ул. Малая Пироговская, дом 1а]  
Эл. почта: [cpr@rcpcm.ru]

Веб-сайт: [https://rcpcm.ru/science/nauchnye-issledovaniya/centr-kollektivnogo-polzovanija/]

# Центр коллективного пользования "Геномика, протеомика, метаболомика"

[ФГБУ ФНКЦ ФХМ им. Ю.М. Лопухина ФМБА России]

ФХМ_13	Приготовление РНК библиотек poly-a из РНК эукариот для высокопроизводительного секвенирования для Illumina	Измерение концентрации тотальной РНК на приборе Qubit, оценка качества РНК на Agilent 2100 или TapeStation system, обработка РНК ДНКазой, приготовление poly-a библиотек и их индексирование, измерение конечной концентрации готовых библиотек на Qubit, оценка качества библиотек на Agilent 2100 или TapeStation system	10 936,43р.	13 123,72р.
ФХМ_14	Приготовление РНК библиотек rDepleted из РНК эукариот для высокопроизводительного секвенирования для Illumina	Измерение концентрации тотальной РНК, оценка качества РНК на Agilent 2100/TapeStation system, обработка РНК ДНКазой, деплеция РНК набором Ribo-Zero Plus rRNA Depletion Kit, приготовление библиотек и их индексирование, измерение конечной концентрации готовых библиотек на Qubit, оценка качества библиотек на Agilent 2100/TapeStation system	14 364,13р.	17 236,96р.
ФХМ_15	Приготовление РНК библиотек rDepleted из РНК микроорганизмов для высокопроизводительного секвенирования для Illumina	Измерение концентрации тотальной РНК, оценка качества РНК на Agilent 2100/TapeStation system, обработка РНК ДНКазой, деплеция РНК набором Ribo-Zero Plus rRNA Depletion Kit, приготовление библиотек и их индексирование, измерение конечной концентрации готовых библиотек на Qubit, оценка качества библиотек на Agilent 2100/TapeStation system	15 060,78р.	18 072,94р.
ФХМ_16	Приготовление не баркодируемой библиотеки для Oxford Nanopore	Измерение концентрации исходной ДНК, приготовление не баркодируемой библиотеки для Oxford Nanopore Technologies, измерение концентрации полученной библиотеки на Qubit	32 920,68р.	39 504,82р.
ФХМ_17_1	Приготовление баркодируемой библиотеки для Oxford Nanopore	Приготовление библиотеки для Oxford Nanopore Technologies, измерение концентрации полученной библиотеки на Qubit <i>Минимальное количество на вход: 2 образца</i>	20 881,95р.	25 058,34р.
ФХМ_17_2	Приготовление баркодируемой библиотеки для Oxford Nanopore	Приготовление библиотеки для Oxford Nanopore Technologies, измерение концентрации полученной библиотеки на Qubit <i>Минимальное количество на вход: от 3 до 5 образцов</i>	14 312,46р.	17 174,95р.
ФХМ_17_3	Приготовление баркодируемой библиотеки для Oxford Nanopore	Приготовление библиотеки для Oxford Nanopore Technologies, измерение концентрации полученной библиотеки на Qubit <i>Минимальное количество на вход: от 6 до 10 образцов</i>	9 786,32р.	11 743,58р.
ФХМ_17_4	Приготовление баркодируемой библиотеки для Oxford Nanopore	Приготовление библиотеки для Oxford Nanopore Technologies, измерение концентрации полученной библиотеки на Qubit <i>Минимальное количество на вход: от 11 до 20 образцов</i>	7 978,69р.	9 574,43р.
ФХМ_17_5	Приготовление баркодируемой библиотеки для Oxford Nanopore	Приготовление библиотеки для Oxford Nanopore Technologies, измерение концентрации полученной библиотеки на Qubit <i>Минимальное количество на вход: от 21 до 48 образцов</i>	7 008,54р.	8 410,25р.
ФХМ_17_6	Приготовление баркодируемой библиотеки для Oxford Nanopore	Приготовление библиотеки для Oxford Nanopore Technologies, измерение концентрации полученной библиотеки на Qubit <i>Минимальное количество на вход: от 49 до 96 образцов</i>	6 587,04р.	7 904,45р.
ФХМ_18_1	Комплекс услуг по сборке бактериальных геномов до хромосомы	Размер генома до 5МБ. Выделение ДНК, измерение концентрации исходной ДНК, приготовление библиотек для Illumina и Oxford Nanopore Technologies, секвенирование на 2-х платформах (Illumina (покрытие 30x) и Oxford Nanopore Technologies (0,5 Гб)), сборка генома в хромосому <i>Минимальное количество на вход: от 3-х образцов</i>	33 874,08р.	40 648,90р.
ФХМ_18_2	Комплекс услуг по сборке бактериальных геномов до хромосомы	Размер генома от 5 до 10МБ. Выделение ДНК, измерение концентрации исходной ДНК, приготовление библиотек для Illumina и Oxford Nanopore Technologies, секвенирование на 2-х платформах (Illumina (покрытие 30x) и Oxford Nanopore Technologies (0,5 Гб)), сборка генома в хромосому <i>Минимальное количество на вход: от 3-х образцов</i>	43 536,29р.	52 243,55р.

Адрес [119435, г. Москва ул. Малая Пироговская, дом 1а]

Эл. почта: [ckp@rcpcm.ru]

Веб-сайт: [https://rcpcm.ru/science/nauchnye-issledovaniya/centr-kollektivnogo-polzovaniia/]

# Центр коллективного пользования "Геномика, протеомика, метаболомика"

[ФГБУ ФНКЦ ФХМ им. Ю.М. Лопухина ФМБА России]

ФХМ_18_3	Комплекс услуг по сборке бактериальных геномов до хромосомы	Размер генома от 10 до 20Мб. Выделение ДНК, измерение концентрации исходной ДНК, приготовление библиотек для Illumina и Oxford Nanopore Technologies, секвенирование на 2-х платформах (Illumina (покрытие 30x) и Oxford Nanopore Technologies (1 Гб)), сборка генома в хромосому <u>Минимальное количество на вход: от 3-х образцов</u>	57 358,21р.	68 829,85р.
ФХМ_19_1	Секвенирование бактериального образца РНК с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	RNA_seq образца (геном бактерии до 10Мб) с выходом до 10 млн сингл ридов (длиной 100 пн) с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	11 398,82р.	13 678,58р.
ФХМ_19_2	Секвенирование бактериального образца РНК с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	RNA_seq образца (геном бактерии до 10Мб) с выходом до 10 млн парных ридов (длиной по 100 пн) с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	21 438,83р.	25 726,60р.
ФХМ_20_1	Секвенирование эукариотического образца РНК с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	RNA_seq образца с выходом до 15 млн сингл ридов (длиной по 100 пн) с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	16 685,41р.	20 022,49р.
ФХМ_20_2	Секвенирование эукариотического образца РНК с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	RNA_seq образца с выходом до 15 млн парных ридов (длиной по 100 пн) с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	31 729,05р.	38 074,86р.
ФХМ_20_3	Секвенирование эукариотического образца РНК с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	RNA_seq образца с выходом до 20 млн парных ридов (длиной по 100 пн) с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	41 123,58р.	49 348,30р.
ФХМ_20_4	Секвенирование эукариотического образца РНК с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	RNA_seq образца с выходом до 25 млн парных ридов (длиной по 100 пн) с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	52 278,82р.	62 734,58р.
ФХМ_20_5	Секвенирование эукариотического образца РНК с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	RNA_seq образца с выходом до 30 млн парных ридов (длиной по 100 пн) с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	58 569,59р.	70 283,51р.
ФХМ_20_6	Секвенирование эукариотического образца РНК с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	RNA_seq образца с выходом до 20 млн парных ридов (длиной по 150 пн) с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	52 600,90р.	63 121,08р.
ФХМ_20_7	Секвенирование эукариотического образца РНК с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	RNA_seq образца с выходом до 25 млн парных ридов (длиной по 150 пн) с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	66 935,19р.	80 322,23р.
ФХМ_21_1	Секвенирование метагеномного образца с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование образца метагенома с выходом до 10 млн парных ридов (длиной по 100 пн) с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	21 224,07р.	25 468,88р.
ФХМ_21_2	Секвенирование метагеномного образца с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование образца метагенома с выходом до 5 млн парных ридов (длиной по 150 пн) с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	21 196,70р.	25 436,04р.
ФХМ_21_3	Секвенирование метагеномного образца с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование образца метагенома с выходом до 5 млн парных ридов (длиной по 300 пн) с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	24 923,89р.	29 908,67р.
ФХМ_22_1	Секвенирование генома с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование генома (размером до 5 Мб) с покрытием 100x и использованием парных ридов (длиной по 150 пн) и приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	9 198,24р.	11 037,89р.
ФХМ_22_2	Секвенирование генома с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование генома (размером до 10 Мб) с покрытием 100x и использованием парных ридов (длиной по 150 пн) и приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	17 517,65р.	21 021,18р.
ФХМ_22_3	Секвенирование генома с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование генома (размером до 5 Мб) с покрытием 50x и использованием парных ридов (длиной по 150 пн) и приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	5 038,53р.	6 046,24р.

**Центр коллективного пользования  
"Геномика, протеомика, метаболомика"**

[ФГБУ ФНКЦ ФХМ им. Ю.М. Лопухина ФМБА России]

ФХМ_22_4	Секвенирование генома с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование генома (размером до 10 МБ) с покрытием 50x и использованием парных ридов (длиной по 150 пн) и приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	9 198,24р.	11 037,89р.
ФХМ_22_5	Секвенирование генома с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование генома (размером до 20 МБ) с покрытием 50x и использованием парных ридов (длиной по 150 пн) и приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	17 517,65р.	21 021,18р.
ФХМ_22_6	Секвенирование генома с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование генома (размером до 40 МБ) с покрытием 100x и использованием парных ридов (длиной по 150 пн) и приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	54 409,12р.	65 290,94р.
ФХМ_23_1	Секвенирование с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina) и набора реагентов для секвенирования NextSeq 1000/2000 P1 Reagents (100 Cycles), выход 100 млн рид.	231 294,58р.	277 553,50р.
ФХМ_23_2	Секвенирование с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina) и набора реагентов для секвенирования NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (300 Cycles) P1, выход 100 млн рид.	381 403,88р.	457 684,66р.
ФХМ_23_3	Секвенирование с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina) и набора реагентов для секвенирования NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (100 Cycles) v3, выход 450-500 млн рид.	428 890,45р.	514 668,54р.
ФХМ_23_4	Секвенирование с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina) и набора реагентов для секвенирования NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (200 Cycles) v3, выход 450-500 млн рид.	844 391,62р.	1 013 269,94р.
ФХМ_23_5	Секвенирование с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina) и набора реагентов для секвенирования NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (300 Cycles) v3, выход 400 млн рид.	1 084 518,95р.	1 301 422,74р.
ФХМ_23_6	Секвенирование с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina)	Секвенирование с использованием приборного комплекса NextSeq 1000 (Illumina) и набора реагентов для секвенирования NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (600 Cycles) v3, выход 300 млн рид.	1 318 109,02р.	1 581 730,82р.
ФХМ_24_1	Комплекс работ №1 по оценки микробного разнообразия путем секвенирования гена 16S рРНК для Oxford Nanopore Technologies	Выделение ДНК, Постановка ПЦР на ген 16S и электрофорез полученного ампликона, чистка ампликонов, приготовление библиотеки, измерение концентрации полученной библиотеки на Qubit, секвенирование готовой библиотеки на Oxford Nanopore Technologies с выходом не менее 10 тыс прочтений на образец, анализ данных	6 060,00р.	7 272,00р.
ФХМ_24_2	Комплекс работ №2 по оценки микробного разнообразия путем секвенирования гена 16S рРНК для Oxford Nanopore Technologies	Постановка ПЦР на ген 16S и электрофорез полученного ампликона, чистка ампликонов, приготовление библиотеки, измерение концентрации полученной библиотеки на Qubit, секвенирование готовой библиотеки на Oxford Nanopore Technologies с выходом не менее 10 тыс прочтений на образец <u>Минимальное количество на вход: 48 образцов</u>	4 115,71р.	4 938,85р.
ФХМ_25_1	Постановка ПЦР на ген 16S рРНК для дальнейшего секвенирования на Oxford Nanopore Technologies	Постановка ПЦР на ген 16S, электрофорез полученного ампликона, чистка ампликонов <u>Минимальное количество на вход: 48 образцов</u>	931,66р.	1 117,99р.
ФХМ_25_2	Постановка ПЦР с Q5 полимеразой на длинный фрагмент для дальнейшего секвенирования на Oxford Nanopore Technologies	Постановка ПЦР на ген 16S, электрофорез полученного ампликона, чистка ампликонов <u>Минимальное количество на вход: 48 образцов</u>	2 028,77р.	2 434,52р.
ФХМ_26	Приготовление библиотек на ген 16S рРНК для дальнейшего секвенирования на Oxford Nanopore Technologies	Приготовление библиотеки для Oxford Nanopore Technologies, измерение концентрации полученной библиотеки на приборе Qubit <u>Минимальное количество на вход: 48 образцов</u>	1 677,23р.	2 012,68р.
ФХМ_27	Секвенирование гена 16S рРНК на Oxford Nanopore Technologies	Секвенирование готовой библиотеки на Oxford Nanopore Technologies с выходом не менее 10 000 прочтений на образец <u>Минимальное количество на вход: 48 образцов</u>	1 506,83р.	1 808,20р.

**Центр коллективного пользования**  
**"Геномика, протеомика, метаболомика"**

[ФГБУ ФНКЦ ФХМ им. Ю.М. Лопухина ФМБА России]

ФХМ_28	Приготовление библиотеки и секвенирование с использованием секвенатора Oxford Nanopore	Выделение ДНК, измерение концентрации, приготовление библиотеки и полногеномное секвенирование образца с использованием секвенатора Oxford Nanopore (PromethION). Объем данных на один образец: не менее 80-90 Гб (N50 прочтений составляет не менее 5-10 Кб) или не менее 45-60 Гб (N50 прочтений составляет не менее 30-42 Кб). Проведение первичного анализа данных (Basecalling)	384 447,57р.	461 337,08р.
ФХМ_29	Секвенирование с использованием секвенатора Oxford Nanopore	Секвенирование образца с использованием секвенатора Oxford Nanopore (PromethION) с использованием одной ячейки. Объем выходных данных: не менее 80-90 Гб (N50 прочтений составляет не менее 5-10 Кб) или не менее 45-60 Гб (N50 прочтений составляет не менее 30-42 Кб). Проведение первичного анализа данных (Basecalling)	343 485,22р.	412 182,26р.
ФХМ_30	Секвенирование с использованием секвенатора Oxford Nanopore	Секвенирование образца с использованием секвенатора Oxford Nanopore (PromethION). Объем выходных данных: не менее 0,5 Гб (N50 прочтений составляет не менее 5-10 Кб). Проведение первичного анализа данных (Basecalling) <i>Минимальное количество на вход: от 3-х образцов</i>	9 784,97р.	11 741,96р.
ФХМ_31	Бисульфитная конверсия образцов ДНК	Проведение бисульфитной конверсии образцов ДНК	1 128,44р.	1 354,13р.
ФХМ_32	Генотипирование образцов ДНК на iScan с реагентами заказчика	Генотипирование образцов ДНК Заказчика с использованием приборного комплекса iScan с чипами Заказчика <i>Минимальное количество на вход: 16 образцов</i>	1 106,36р.	1 327,63р.
ФХМ_33	Стоимость услуг секвенирования по Сенгеру	Секвенирование плазмид и ПЦР-фрагментов на генетическом анализаторе 3500xL Applied Biosystems с одного праймера. Прочтения до 800 нуклеотидов за прогон	652,13р.	782,56р.
ФХМ_34	Анализ данных секвенирования 16S рРНК	Анализ альфа- и бета-разнообразия, анализ дифференциальной представленности таксонов, групп генов, функциональных путей, геномов, визуализация полученных результатов	1 000,00р.	1 200,00р.
ФХМ_35	Анализ геномов	Сборка и аннотация генома <i>de novo</i> , сравнение с референсным геномом, поиск SNP, филогенетические исследования, функциональная аннотация, визуализация полученных результатов	5 000,00р.	6 000,00р.
ФХМ_36	Анализ данных RNA-seq	Анализ дифференциальной экспрессии генов (ДЭГ) для, анализ регуляторных путей, функциональный анализ ДЭГ, поиск транскрипционных стартов (в случае бактериальных геномов), визуализация полученных результатов	7 000,00р.	8 400,00р.
ФХМ_37	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	10 000,00р.	12 000,00р.