



УТВЕРЖДАЮ

Директор ИБМХ

Пономаренко Е.А.

«24» октября 2024 г.

ПРЕЙСКУРАНТ УСЛУГ (РАБОТ) ЦКП «ПРОТЕОМ ЧЕЛОВЕКА»

Оказание услуг (выполнение работ, в том числе НИР) ЦКП подразумевает оказание услуг (выполнение работ, в том числе НИР) по стандартным методикам, предоставляемым исполнителем. Анализ полученных результатов, а также оптимизация методики с учетом требования заказчика в эту форму работы Центра не входит. Все нестандартные услуги (работы), оказываемые (выполняемые) ЦКП, выполняются в рамках научно-исследовательских и опытно-конструкторских работ (НИОКР), цена на которые не регламентируется и устанавливается договорным путем.

1. Снятие масс-спектров MALDI-TOF (времяпролетная лазерная десорбция-ионизация посредством матрицы)(результат – файл формата «fid» и «peaklist.xml»):

С подготовленной мишени:

- 1.1 Код: MALDI–Auto – От 355 руб./спектр (автоматический режим);
– Код: MALDI–Manual – От 600 руб./спектр (ручной режим);
– Код: MALDI–Target – С нанесением на мишень – от 650 руб./спектр;
- 1.2 Код: MALDI–Sol – С проведением протеолиза в растворе и идентификацией посредством системы Mascot для видов организмов с расшифрованным геномом – от 2 000 руб./спектр.
- 1.3 Код: MALDI–Gel – С проведением протеолиза в геле и идентификацией посредством системы Mascot для видов организмов с расшифрованным геномом – от 2 450 руб./спектр.
- 1.4 Код: MALDI–MS/MS – С проведением дополнительной фрагментации родительского пептидного иона и идентификацией посредством системы Mascot для видов организмов с расшифрованным геномом – от 1 200 руб./спектр.
- 1.5 Код: MALDI–Gel MS/MS – С проведением протеолиза в геле, с проведением дополнительной фрагментации родительского пептидного иона и идентификацией

посредством системы Mascot для видов организмов с расшифрованным геномом – от 3 650 руб./спектр.

2. Прямое протеомное профилирование (MALDI):

2.1 Код: MALDI-prf – От 2 150 руб./спектр.

2.2 Код: MALDI-prf-tryps – С ограниченным трипсинолизом – от 2 200 руб./спектр.

3. Пробоподготовка:

3.1 Код: ZipTip – Обессоливание пептидов образца при помощи наконечников типа ZipTip – от 750 руб./образец.

3.2. Код: Evap – Концентрирование образца путем упаривания (без использования концентрирующих фильтров) – по договоренности, в зависимости от объема образца и степени упаривания.

3.3. Код: Conc – Концентрирование образца с использованием концентрирующих фильтров – по договоренности, в зависимости от объема образца и степени упаривания.

3.4 Код: Depl – Обеднение образца крови по мажорным белкам – договорная, в зависимости от метода.

3.5 Код: Digest – Солюбилизация белков образца культуры эукариотических клеток и расщепление трипсином для последующего протеомного анализа посредством хромато–масс–спектрометрии – от 5 500 руб/образец.

3.6 Код: DigestFASP – Солюбилизация белков образца культуры эукариотических клеток и расщепление трипсином с использованием концентрирующих фильтров (FASP–протокол) для последующего протеомного анализа посредством хромато–масс–спектрометрии – от 6 500 руб/образец.

3.7 Код: DigestSTrap – Солюбилизация белков образца культуры эукариотических клеток и расщепление трипсином с использованием фильтров STrap для последующего протеомного анализа посредством хромато–масс–спектрометрии – от 6 825 руб/образец

3.8 Код: DigestGel – Расщепление белков трипсином в геле и экстракция пептидов – от 1 800 руб/образец.

3.9 Код: MultiProteaseDigest – Солюбилизация белков образца культуры эукариотических клеток и расщепление различными протеазами (Lys–C, Asp–N, Glu–C и др) для протеомного анализа посредством хромато–масс–спектрометрии – договорная, в зависимости от типа используемой протеазы.

- 3.10 Код: SampleDBSmetab – Пробоподготовка образца сухой капли крови для метаболомного анализа – договорная, в зависимости от количества образцов.
- 3.12 Код: SampleDBSpr – Пробоподготовка образца сухой капли крови для протеомного анализа – договорная, в зависимости от количества образцов.
- 3.13. Код: SampleTMT – Пробоподготовка образца для сравнительного протеомного анализа с относительной количественной оценкой белков при помощи изобарных меток TMT, включая солюбилизацию белков и расщепление трипсином, оценку полноты гидролиза масс-спектрометрическим способом, мечение пептидов с использованием 10-плексного набора TMT, обессоливание образца с использованием ZipTip – от 25 350 руб./образец.
- 3.14 Код: SampleTMT-FASP – Пробоподготовка образца для сравнительного протеомного анализа с относительной количественной оценкой белков при помощи изобарных меток TMT, включая солюбилизацию белков и расщепление трипсином с использованием FASP-протокола, оценку полноты гидролиза масс-спектрометрическим способом, мечение пептидов с использованием 10-плексного набора TMT, обессоливание образца с использованием ZipTip – от 26 350 руб./образец.
- 3.15. Код: SampleTMT-Strap – Пробоподготовка образца для сравнительного протеомного анализа с относительной количественной оценкой белков при помощи изобарных меток TMT, включая солюбилизацию белков и расщепление трипсином с использованием Strap-протокола, оценку полноты гидролиза масс-спектрометрическим способом, мечение пептидов с использованием 10-плексного набора TMT, обессоливание образца с использованием ZipTip – от 26 675 руб./образец.
- 3.16 Код: PNGase – Обработка образца PNGase для удаления гликанов (дегликозилирование) – 40 000 руб./образец.
- 3.17 Код: ExtractFFPE – Экстракция белков с депарафинизацией FFPE – от 750 руб./образец.

4. Снятие масс-спектров ESI (с ионизацией электрораспылением)

- 4.1 Код: Trap – Масс-спектр, полученный путем введения посредством шприца в масс-спектрометр типа ионной ловушки – от 4 900 руб./спектр.
- 4.2 Код: LC-Trap – Хромато-масс-спектр, полученный на масс-спектрометре типа ионной ловушки, с хроматографическим градиентом длительностью не более 60 мин – от 6 100 руб./запуск; с хроматографическим градиентом длительностью не более 120 мин – от 7 950 руб./запуск (LC-Trap2); с хроматографическим градиентом длительностью не более 180 мин – от 9 500 руб./запуск (LC-Trap3).

- 4.3 Код: ICR – Масс–спектр, полученный путем введения посредством шприца в масс–спектрометр ионно–циклотронного резонанса с преобразованием Фурье Bruker Apex FT–ICR – от 6 100 руб.
- 4.4 Код: UHR–ICR – Масс–спектр ультравысокого разрешения (разрешение более 500 000), полученный путем введения посредством шприца в масс–спектрометр ионно–циклотронного резонанса с преобразованием Фурье Bruker Apex FT–ICR – от 9 800 руб.
- 4.5 Код: MS/MS–ICR – Тандемный масс–спектр, полученный путем введения посредством шприца в масс–спектрометр ионно–циклотронного резонанса с преобразованием Фурье Bruker Apex FT–ICR и проведением столкновительной фрагментации (CID) – от 10 400 руб.
- 4.6 Код: LC–ICR – Хромато–масс–спектр на масс–спектрометр ионно–циклотронного резонанса с преобразованием Фурье Bruker Apex FT–ICR с хроматографическим градиентом длительностью не более 60 мин – от 15 240 руб./запуск; с хроматографическим градиентом длительностью не более 120 мин – от 19 820 руб./запуск (LC–ICR2); с хроматографическим градиентом длительностью не более 180 мин – от 23 780 руб./запуск (LC–ICR3).
- 4.7 Код: QTOF – Масс–спектр, полученный путем введения посредством шприца в квадрупольно–времяпролетный масс–спектрометр Q–TOF – от 5 900 руб./спектр.
- 4.8 Код: LC–QTOF – Хромато–масс–спектр, полученный на квадрупольно–времяпролетном масс–спектрометре Q–TOF с хроматографическим градиентом длительностью не более 60 мин – от 10 500 руб./запуск; с хроматографическим градиентом длительностью не более 120 мин – от 13 650 руб./запуск (LC–QTOF2); с хроматографическим градиентом длительностью не более 180 мин – от 16 375 руб./запуск (LC–QTOF3).
- 4.9 Код: QQQ – Масс–спектр, полученный путем введения посредством шприца в масс–спектрометр типа тройного квадрупольа – 5 550 руб./спектр.
- 4.10 Код: LC–QQQ – Хромато–масс–спектр на масс–спектрометре типа тройного квадрупольа с хроматографическим градиентом длительностью не более 60 мин – от 10 130 руб./запуск; с хроматографическим градиентом длительностью 60–120 мин – от 13 000 руб./запуск (LC–QQQ2); с хроматографическим градиентом длительностью 120–180 мин – от 15 700 руб./запуск (LC–QQQ3).
- 4.11 Код: LC–Orbi – Хромато–масс–спектр на масс–спектрометре типа OrbiTrap – с хроматографическим градиентом длительностью не более 60 мин – от 14 700 руб./запуск; с хроматографическим градиентом длительностью 60–120 мин – от 17 500 руб./запуск (LC–Orbi2); с хроматографическим градиентом длительностью 120–180 мин – от 21 000 руб./запуск (LC–Orbi3).

- 4.12 Код: LC–Orbi–ShT– Хромато–масс–спектр на масс–спектрометре типа OrbiTrap с хроматографическим градиентом длительностью не более 25 мин – от 5 300 руб./запуск.
- 4.13 Код: LC–QExactive - Хромато–масс–спектр на масс–спектрометре Q Exactive с хроматографическим градиентом длительностью не более 40 мин – 6000 рублей/запуск, с хроматографическим градиентом длительностью 40-80 мин – 8100 рублей/запуск (LC–QExactive2) ; с хроматографическим градиентом длительностью 80-120 мин – 10500 рублей/запуск (LC–QExactive3)
- 4.14 Код: MRM – Хромато–масс–спектр на масс–спектрометре типа тройного квадруполья по предоставленному заказчиком или разработанному ранее методу мониторинга множественных реакций с обработкой полученных результатов, в 3 технических повторах – с хроматографическим градиентом длительностью не более 60 мин – от 55 500 руб./образец; с хроматографическим градиентом длительностью 60–120 мин – от 72 100 руб./образец (MRM2); с хроматографическим градиентом длительностью 120–180 мин – от 86 550 руб./образец (MRM3).
- 4.15 Код: MRM part– Хромато–масс–спектр на масс–спектрометре типа тройного квадруполья по предоставленному заказчиком или разработанному ранее методу мониторинга множественных реакций с обработкой полученных результатов– с хроматографическим градиентом длительностью не более 60 мин – от 18 500 руб./ запуск; с хроматографическим градиентом длительностью 60–120 мин – от 24 000 руб./запуск (MRM part 2); с хроматографическим градиентом длительностью 120–180 мин – от 28850 руб./запуск (MRM part 3).
- 4.16 Код: Proteome – Панорамный протеомный анализ образца гидролизата белков (предоставленного заказчиком) на масс–спектрометре типа OrbiTrap, в 3 технических повторах, с идентификацией белков подходящим программным обеспечением, с хроматографическим градиентом длительностью не более 60 мин – от 69 500 руб./запуск; с хроматографическим градиентом длительностью 60–120 мин – от 90 000 руб./запуск (Proteome2); с хроматографическим градиентом длительностью 120–180 мин – от 108 500 руб./запуск (Proteome3).
- 4.17 Код: ProteinQuantification– Определение концентрации белка в образцах с использованием пептидных изотопно–меченых стандартов, включая синтез пептидных стандартов, разработку метода мониторинга множественных реакций и получение хромато–масс–спектра на масс–спектрометре типа тройного квадруполья в 3 технических повторах с различной длительностью хроматографического градиента – по договоренности, в зависимости от длины пептидных стандартов и длительности хроматографического градиента.

- 4.18 Код: LC–OrbiDBS – Получение хромато–масс–спектра белков образца сухой капли крови на масс–спектрометре типа OrbiTrap с различной длительностью хроматографического градиента по договоренности, в зависимости от длительности хроматографического градиента.
- 4.19 Код: ProteomeDBS – Получение хромато–масс–спектра образца гидролизата белков из сухой капли крови (предоставленного заказчиком) на масс–спектрометре типа OrbiTrap, в 3 технических повторах с различной длительностью хроматографического градиента, с идентификацией белков подходящим программным обеспечением – по договоренности, в зависимости от длительности хроматографического градиента.
- 4.20 Код: MRM–DBS – Хромато–масс–спектр образца сухой капли крови на масс–спектрометре типа тройного квадрупольного по предоставленному заказчиком методу мониторинга множественных реакций, в 3 технических повторах с различной длительностью хроматографического градиента – по договоренности, в зависимости от длительности хроматографического градиента.
- 4.21 Код: CompareProteome – Сравнительный протеомный анализ (без статистической обработки данных) с относительной количественной оценкой белков при помощи изобарных меток (TMT, iTRAQ) предоставляемых Заказчиком – по договоренности в зависимости от мультиплексности анализа и длительности хроматографического градиента при хромато–масс–спектрометрии.

5. Метаболомный анализ:

- 5.1 Код: Sample–Metab – Экстракция низкомолекулярной фракции из биологического материала – от 640 руб.
- 5.2 Код: QTOF–metab– Масс–спектр низкомолекулярной фракции крови (метаболитов), полученный путем введения посредством шприца в квадрупольно–времяпролетный масс–спектрометр Q–TOF (без идентификации метаболитов) – от 5 500 руб./спектр.
- 5.3. Код: QTOFmetabDBS – Масс–спектр низкомолекулярной фракции образца сухой капли (метаболитов), полученный путем введения посредством шприца в квадрупольно–времяпролетный масс–спектрометр Q–TOF (без идентификации метаболитов) – по договоренности– договорная, в зависимости от количества образцов.
- 5.4. Код: Metabolome – Получение масс–спектра низкомолекулярной фракции плазмы крови (метаболитов), выявление и идентификация метаболитов, отличающихся от статистически определенной нормы, проекция полученных данных на метаболические пути – по договоренности.

5.5. Код: MetabolomeDBS – Получение масс–спектра низкомолекулярной фракции образца сухой капли крови (метаболитов), выявление и идентификация метаболитов, отличающихся от статистически определенной нормы, проекция полученных данных на метаболические пути – по договоренности.

5.6. Код: GS*GS–MS – Качественный анализ состава образца методом двумерной газовой хромато–масс–спектрометрии с использованием библиотек масс–спектров – от 14 500 руб./запуск.

5.7. Код: GS*GS–MS_Q – Количественное определение заданного соединения в составе образца методом двумерной газовой хромато–масс–спектрометрии с использованием библиотек масс–спектров – от 16 000 руб./запуск.

5.8. Код: GS*GS–MS_Tot – Получение и интерпретация масс–спектра низкомолекулярной фракции образца методом двумерной газовой хромато–масс–спектрометрии с использованием библиотек масс–спектров – по договоренности.

6. Электрофоретическое разделение белков

6.1 Код: SDS–PAGE – Одномерное разделение белков в геле – от 4 000 руб./образец.

6.2 Код: Dens – Денситометрия белковых полос на одномерном геле – от 1 500 руб./полосу.

6.3 Код: 2D–Gel – Получение геля 2D–электрофореза белков – от 9 000 руб./гель.

6.4 Код: 2D–Image – Анализ изображения посредством специализированного программного обеспечения – по договоренности в зависимости от типа образца и вида исследуемого организма.

6.5 Код: IEF – Одномерное разделение белков по изоэлектрической точке – от 3 500 руб./образец.

7. Анализ взаимодействия биомолекул посредством оптического биосенсора поверхностного плазмонного резонанса:

7.1 Код: SPR – Анализ одного взаимодействия лиганд–рецептор – по договоренности, в зависимости от сложности работ.

8. Молекулярное моделирование лекарств:

8.1. Код: Dynamics – Моделирование динамики биологических молекул – по договоренности, в зависимости от сложности работ.

- 8.2. Код: Docking – Предсказание наиболее оптимальных ориентаций и конформаций взаимодействующих молекул (лиганда–рецептора, макромолекул в комплексе) – по договоренности в зависимости от сложности работ.
- 8.3. Код: SCR – Виртуальный скрининг баз данных лигандов – по договоренности в зависимости от используемой базы данных в зависимости от сложности работ.
- 8.4. Код: 3D-QSAR – Количественный анализ взаимосвязи трехмерная структура–активность с использованием метода сравнительного анализа молекулярных полей или сравнительного анализа подобия молекул (CoMFA/CoMSIA) – по договоренности в зависимости от сложности работ.
- 8.5. Код: QSAR/GUSAR – Количественный анализ взаимосвязи структура–активность на основе MNA/QNA–дескрипторов – по договоренности в зависимости от сложности работ.
- 8.6. Код: PASS – предсказание спектра биологической активности низкомолекулярных веществ – по договоренности в зависимости от сложности работ.

9. Синтез последовательностей:

- 9.1 Код: PER – Синтез пептидов до 10 мг – по договоренности, в зависимости от сложности работ и количества требуемого пептида.
- 9.1.1. Код: PER1 – Синтез пептидов 10–25 мкмоль (три– и тетрапептидов – до 50 мкмоль), или 10–30 мг – от 7 665 руб./шаг присоединения 1 (одной) аминокислоты;
- 9.1.2 Код: PER2 – Синтез пептидов 26–50 мкмоль (три– и тетрапептидов – до 100 мкмоль), или 31–50 мг – от 9 490/шаг присоединения 1 (одной) аминокислоты;
- 9.1.3 Код: PER3 – Синтез пептидов 51–250 мкмоль (три– и тетрапептидов – до 600 мкмоль), или 51–300 мг – от 15 280/ шаг присоединения 1 (одной) аминокислоты.
- 9.2 Код: PER-MRM – Синтез изотопно меченого пептидного стандарта в количестве до 100 мкг, включая очистку пептида и измерение его концентрации посредством аминокислотного анализа (ААА) – 16 800 руб./пептид (изотопно меченая смола, очистка, ААА) + 1200 руб./шаг присоединения 1 ((одной) аминокислоты (без изотопной метки).

10. Электрохимические измерения на 96–планшетном электрохимическом ридере (AndCare 96–Well Plate Reader):

- 10.1 Код: Eld – Приготовление электродов, содержащих различные формы цитохромов Р450 (предоставляются заказчиком) – от 12 192 руб.
- 10.2 Код: VA – Измерение вольт–амперных характеристик – от 2 032 руб.

11. Услуги (работы) в области нанобиотехнологий:

11.1 Код: AFM – Иммобилизация биомакромолекул на подложке атомно–силового микроскопа и сканирование (площадь 400 мм²) атомно–силовым микроскопом – по договоренности.

12. Другие услуги (работы):

12.1 Код: CellGrowthAnalysis – Цейтраферная фото/видео съемка клеток в процессе продолжительного культивирования с анализом получаемых изображений количественная оценка пролиферативной активности клеток (построение кривых роста) – по договоренности в зависимости о сложности работ.

12.2 Код: CellMigrationAnalysis – Исследование миграционной активности клеток в двумерных культурах (scratch–test) с количественной оценкой путём анализа изображений, отражающих скорость закрытия царапин в клеточном монослое – по договоренности в зависимости о сложности работ.

12.3 Код: FlowCyt_ZE5 – Исследование образца медом проточной цитометрии – по договоренности в зависимости о сложности работ.

12.4 Код: FlowCyt_ImageStream – Исследование образца на проточном цитометре с возможностью визуализации, с анализом результатов цитометрии и изображений – по договоренности в зависимости о сложности работ.

12.5 Код: ImageLeica – Анализ образцов при помощи флуоресцентной микроскопии с программной очисткой изображений – по договоренности в зависимости от сложности работ.

12.6 Код: ImageSEM-STEM - Анализ образцов при помощи электронного микроскопа Hitachi S-5500 (SEM - "на отражение", STEM - "на просвет"), включая пробоподготовку и постобработку изображений - по договоренности в зависимости от состава и сложности работ.

12.7 Код: Chromat – Хроматографическое разделение образца: с хроматографическим градиентом длительностью не более 60 мин – от 3 600 руб./запуск; с хроматографическим градиентом длительностью не более 120 мин – от 6 700 руб./запуск (Chromat2); с хроматографическим градиентом длительностью не более 180 мин – от 9 600 руб./запуск (Chromat3).

12.8 Код: TransferBlot – Перенос белков на мембрану для последующего иммунодетектирования – от 3 500 руб./образец.

12.9 Код: AAA– Аминокислотный анализ с проведением кислотного гидролиза – от 4800 руб./запуск.

12.10 Код: PeptideConc – Определение концентрации пептида в растворе – по договоренности в зависимости о сложности работ.

12.11 Код: Bioinf – Биоинформатическая обработка результатов протеомных исследований – по договоренности в зависимости от состава и сложности работ.

12.12 Код: FishFarm – Получение биологического материала для экспериментов in vivo: оплодотворенных эмбрионов *Danio rerio* – 1700 рублей/100 шт, личинок (7 суток) *Danio rerio* – 35 рублей/особь, взрослой особи *Danio rerio* – 170 рублей/особь.

12.13 Код: Cons – Консультация сотрудников ЦКП – 4 000 руб./ч.

– Стоимость услуг (работ) не включает в себя НДС (20%)

Руководитель ЦКП



Тихонова О.В.