

## НАПРАВЛЕНИЕ (ЮЛ) на генетическое исследование в лабораторию Genetico

Дата направления « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 20 \_\_\_\_ г.      Дата забора биоматериала « \_\_\_\_ ». \_\_\_\_ .20 \_\_\_\_ г.

Тип биоматериала \_\_\_\_\_      Количество \_\_\_\_\_

Организация, город \_\_\_\_\_

ФИО пациента: \_\_\_\_\_

Дата рожд. пациента \_\_\_\_ . \_\_\_\_ . \_\_\_\_ г.

ФИО врача \_\_\_\_\_

### Тип исследования (выберите нужное):

Исследуемый материал:	Наиболее частые наследственные заболевания и состояния РФ, и другие услуги:	Код услуги:
Кровь (венозная) с ЭДТА	<b>Спинальная амиотрофия</b> типы I, II, III, IV: поиск делеций в гене SMN1 (1 чел.). Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> 1195-1.2
	<b>Синдром ломкой X-хромосомы.</b> Исследование количества CGG-повторов в гене FMR1. Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> 9007-3
	<b>Подтверждающее секвенирование по Сэнгеру</b> (1 мутация до 4-х человек, члены одной семьи). Необходимо указать мутацию/мутации. Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> 7005
	<b>Genetico. Муковисцидоз:</b> исследование наиболее частой мутации delF508 в гене CFTR. Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> 7003
	<b>Подготовка к беременности – расширенная панель.</b> Анализ мутаций, которые могут стать причиной тяжелых и/или несовместимых с жизнью заболеваний плода (1 чел.) + Исследование количества CGG-повторов в гене FMR1 (только жен.). Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> 3008b
	<b>Подготовка к беременности – расширенная панель Семья.</b> Анализ мутаций, которые могут стать причиной тяжелых и/или несовместимых с жизнью заболеваний плода <b>2 чел.</b> + Исследование количества CGG-повторов в гене FMR1 (только жен.). Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> 3009b
	<b>Подготовка к беременности – оптимальная панель</b> (Муковисцидоз, СМА, нейросенсорная тугоухость 1 А типа; 4 мутации). Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> DP-3010
	<b>Синдром Жильбера:</b> исследование промоторной области гена UGT1A1 (1 чел.). Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> 1231-1
	<b>Анализ полиморфизмов в гене FSHR</b> (Ala307Thr, Asn680Ser). Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> DP-3012
	<b>Мышечная дистрофия поясничноконечностная:</b> поиск крупных делеций в гене DYSF. Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> 3888
	<b>Гемофилия А:</b> исследование инверсий интрона 22 и интрона 1 в гене F8. Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> MD-4443
	<b>Поликистозная болезнь почек:</b> поиск крупных делеций в гене PKD1 методом MLPA. Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> 3889
	<b>Семейные случаи рака молочной железы/яичников:</b> поиск частой мутации c.5382insC в гене BRCA1. Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> 7001
	<b>Резус фактор, определение генотипа и статуса носительств.</b> Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> PD-013
	<b>Выделение ДНК.</b> Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> 7004
	<b>Экзом 35 - Полноэкзомное</b> секвенирование ДНК человека для поиска предположительно наследственного заболевания с интерпретацией данных (необходима клиническая информация)	<input type="checkbox"/> NGS-E21
	<b>Экзом 35 - Полноэкзомное</b> секвенирование ДНК человека для скрининга на носительство рецессивных заболеваний с интерпретацией данных	<input type="checkbox"/> NGS-E22
<b>Экзом 50 - Полноэкзомное</b> секвенирование ДНК человека для поиска предположительно наследственного заболевания с интерпретацией данных (необходима клиническая информация)	<input type="checkbox"/> NGS-E250	
<b>Экзом 50 - Полноэкзомное</b> секвенирование ДНК человека для скрининга на носительство рецессивных заболеваний с интерпретацией данных	<input type="checkbox"/> NGS-E250-2	
<b>Экзом 90 - Полноэкзомное</b> секвенирование ДНК человека для поиска предположительно наследственного заболевания с интерпретацией данных (необходима клиническая информация)	<input type="checkbox"/> NGS-E290	

## НАПРАВЛЕНИЕ (ЮЛ) на генетическое исследование в лабораторию Genetico

Дата направления « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 20 \_\_\_\_ г.      Дата забора биоматериала « \_\_\_\_ ». \_\_\_\_ .20 \_\_\_\_ г.

Тип биоматериала \_\_\_\_\_      Количество \_\_\_\_\_

Организация, город \_\_\_\_\_

ФИО пациента: \_\_\_\_\_

Дата рожд. пациента \_\_\_\_ . \_\_\_\_ . \_\_\_\_ г.

ФИО врача \_\_\_\_\_

### Тип исследования (выберите нужное):

Исследуемый материал:	Наиболее частые наследственные заболевания и состояния РФ, и другие услуги:	Код услуги:
Кровь (венозная) с ЭДТА	<b>Экзом 90 - Полноэкзомное</b> секвенирование ДНК человека для скрининга на носительство рецессивных заболеваний с интерпретацией данных	<input type="checkbox"/> NGS-E290-2
	<b>Полноэкзомное секвенирование "ТРИО"</b> - с интерпретацией данных полученных по результатам секвенирования, для поиска предположительно наследственного заболевания. (Цена указана за 3 образца).	<input type="checkbox"/> NGS-105-S
	<b>Геном-45 - Полногеномное</b> секвенирование ДНК человека с интерпретацией данных срочное (необходима клиническая информация)	<input type="checkbox"/> NGS-G21
	<b>Геном-90 - Полногеномное</b> секвенирование ДНК человека с интерпретацией данных, для клинических целей (необходима клиническая информация)	<input type="checkbox"/> NGSL-G21
	<b>Геном-45-ТРИО - Полногеномное</b> секвенирование ДНК человека с интерпретацией данных, для клинических целей (необходима клиническая информация)	<input type="checkbox"/> NGS-G45T
	<b>Подготовка к беременности Экзом плюс</b> Наиболее полный скрининг на наследственные наследственные заболевания на основе данных полноэкзомного секвенирования, плюс СМА, ломкая X хромосома (только жен.), вариант в гене CFTR dele2,3.	<input type="checkbox"/> NGS-3000b
	<b>Подготовка к беременности Экзом плюс - дуэт</b> Наиболее полный скрининг на наследственные заболевания на основе данных полноэкзомного секвенирования, плюс СМА, ломкая X хромосома (только жен.), вариант в гене CFTR dele2,3.	<input type="checkbox"/> NGSP-3000b
<b>Параф. блок</b>	<b>Выделение ДНК из парафиновых блоков</b> (1 образец). Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> 7006
<b>CPDA*</b>	<b>Неинвазивное определение резус-фактора плода по крови матери.</b> Заполните приложение 1	<input type="checkbox"/> PN-778a
<b>ЭДТА/буккальн. соскоб/ДНК</b>	<b>Тест на определение отцовства.</b> Заполните ИС приложение 3	<input type="checkbox"/> MG-201.1

\*При этом типе пробирок - транспортировка при комнатной температуре (от +18°C до +25°C) в течение 2 суток.

Комментарии: \_\_\_\_\_

Врач \_\_\_\_\_ ( \_\_\_\_\_ )

## НАПРАВЛЕНИЕ (ЮЛ)

### на Хромосомный Микроматричный Анализ (ХМА) в лабораторию Genetico

Дата направления « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 20 \_\_\_\_ г. Дата забора биоматериала « \_\_\_\_ ». \_\_\_\_ . 20 \_\_\_\_ г.

Тип биоматериала \_\_\_\_\_ Количество \_\_\_\_\_

Организация, город \_\_\_\_\_

ФИО пациента: \_\_\_\_\_

Дата рождения пациента \_\_\_\_ . \_\_\_\_ . \_\_\_\_ г.

ФИО врача \_\_\_\_\_

### Тип исследования (выберите нужное):

Исследуемый материал:	Хромосомный микроматричный анализ (ХМА)*:	Код услуги:
<b>Кровь (венозная) ЭДТА</b>	<b>Хромосомный микроматричный анализ</b> (молекулярно-генетический анализ aCGH) <u>постнатальный</u> (пациенты разных возрастов). <i>Необходима клиническая информация.</i> <b>Заполните ИС приложение 1</b>	<input type="checkbox"/> 9006
Ворсины хориона или амниотическая жидкость не менее 5 мл (стерил. контейнер)	<b>Хромосомный микроматричный анализ</b> <u>пренатальный</u> . <i>Необходима клиническая информация.</i> <b>Заполните ИС Приложение 1</b>	<input type="checkbox"/> 9008
Ворсины хориона (плацента) или иной плодный материал (ткани паренхиматозных органов или пуповины плода) (10-20мг, стерильный контейнер, р-р 0,9% NaCl) <b>+ кровь (вен.) ЭДТА матери</b>	<b>Хромосомный микроматричный анализ</b> (молекулярно-генетический анализ aCGH) <u>при неразвивающейся беременности</u> (абортивный материал). <b>Срок беременности ____ недель</b> <i>Необходима клиническая информация.</i> <b>Заполните ИС приложение 2</b>  <b>Также необходимо предоставить образец крови пациентки для исключения контаминации образца материнским биоматериалом.</b>	<input type="checkbox"/> 9004

\*(Доставка до лаборатории Genetico входит в стоимость услуги)

### Комментарии врача:

---



---



---



---



---



---

Врач ( \_\_\_\_\_ / \_\_\_\_\_ )

Подпись

ФИО