



ЮЖНЫЙ
МедТехКластер

Московский кластер медицинских технологий «Южный»



medtechcluster.rsmu.ru

Молекулярная онкология: разработка технологии ранней диагностики и мониторинга

Пробоподготовка

Разработаны три подхода для получения пула целевых молекул, меченых индивидуальными баркодами для решения трех типов задач - анализ малого (до 15 регионов), среднего (до 65 регионов) и большого (более 100 регионов) числа горячих регионов генов человека. Оптимизированы процедуры выделения циркулирующей ДНК из биологических жидкостей человека и из парафиновых блоков.

Проблема ложных сигналов как ошибок секвенирования и пробоподготовки

Разработана стратегия анализа данных секвенирования нового поколения, превосходящая по параметрам все существующие в мире технологии. Данные опубликованы в Nature methods в 2014 году. На основе предложенной стратегии создана первая версия программного обеспечения для анализа данных секвенирования при анализе выбранного пула онкомутаций. Организована постоянно пополняемая коллекция биоматериала для тестирования разработанных подходов. Начато лабораторное тестирование.

ПЛАНЫ ПО ВНЕДРЕНИЮ

Организация сервиса по анализу онкомутаций к концу 2015 года
После окончания лабораторных испытаний силами коллектива РНИМУ на территории ЦНИЛ (6 этаж) / на время реконструкции - на территории ИБХ в специально оборудованном помещении.

Для обработки сервисных заказов (платежи, логистика, клиентское обслуживание на должном уровне) планируется создать МИП.

Организация производства наборов реактивов - 2017 год

После окончания испытаний «внешними» коллективами.

МИП планируется использовать для размещения заказов на производство продукта и получения лицензионных платежей от сторонних производителей.

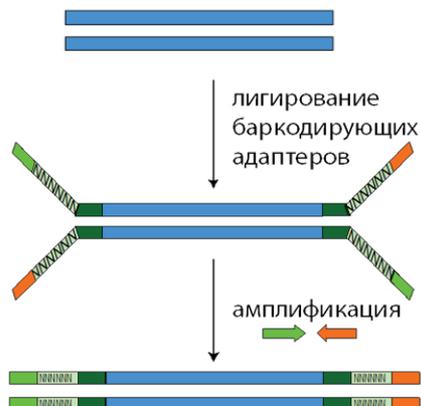
Наладка производства на основе разработанных технологий у специализированных компаний.

Организация обучения.

Молекулярная онкология: разработка технологии ранней диагностики и мониторинга

Оптимизация технологии баркодирования для поиска онкомутаций

фрагментированная геномная ДНК



захват целевых молекул

секвенирование и анализ

- Решена проблема работы с малыми количествами
- Каждому фрагменту соответствует 4 баркода
- Нет опасных для контаминации стадий
- Сокращена процедура пробоподготовки
- Легкое масштабирование

Выявление мутации в позиции «120» 15 экзона онкогена BRAF (MiSeq, PE 150) на фоне 1000-кратного избытка нормальной ДНК

Данные секвенирования

	A	T	C	G
46	52	779164	121	5666
51	785125	165	191	4395
60	166	9322	778638	1766
...				
120	4171	784859	554	410

Анализ последовательностей баркодов

	A	T	C	G
46	0	12740	0	0
51	12927	0	0	0
60	0	0	12951	0
...				
120	36	12886	0	0
...				