
TARIFAS

Grupo de Investigación de terapias experimentales y biomarcadores en cáncer

Núm. de prueba	Código de laboratorio	Identificación del análisis	Precio intramural (€)	Servicio externo(€)
1	TEBC_1	Extracción de DNA de parafina	50	60
2	TEBC_2	Extracción de RNA de parafina	60	78
3	TEBC_3	Extracción de DNA de exosomas de explantes	100	120
4	TEBC_4	Extracción de RNA de exosomas de explantes	120	144
5	TEBC_5	Extracción de DNA de exosomas de plasma	100	120
6	TEBC_6	Extracción de RNA de exosomas de plasma	120	144
7	TEBC_7	Estudio de metilación del gen MGMT en parafina por MSP	350	420
8	TEBC_8	Estudio de metilación del gen MGMT en parafina por qMSP	370	444
9	TEBC_9	Estudio de metilación del gen MGMT en sangre	400	480
10	TEBC_10	Estudio de metilación del gen IGFBP3 en parafina por MSP	350	420
11	TEBC_11	Estudio de metilación del gen IGFBP3 en parafina por qMSP	370	444
12	TEBC_12	Estudio de metilación del gen IGBP3 en sangre	400	480
13	TEBC_13	Análisis de la expresión génica a determinar junto con un endógeno	250	300
14	TEBC_14	Análisis bioinformático del metiloma por arrays	500	600
15	TEBC_15	Análisis bioinformático del metiloma por arrays: diseño experimental	100	120
16	TEBC_16	Análisis bioinformático del metiloma por arrays: control de calidad	100	120
17	TEBC_17	Análisis bioinformático del metiloma por arrays: análisis de posiciones/regiones diferencialmente metiladas	200	240
18	TEBC_18	Análisis bioinformático del metiloma por arrays: análisis exploratorio y anotación funcional	200	240
19	TEBC_19	Analisis bioinformático del metiloma por NGS	500	600
20	TEBC_20	Análisis bioinformático del metiloma por NGS: diseño experimental	100	120
21	TEBC_21	Análisis bioinformático del metiloma por NGS: control de calidad	100	120
22	TEBC_22	Análisis bioinformático del metiloma por NGS: análisis de posiciones/regiones diferencialmente metiladas	200	240
23	TEBC_23	Análisis bioinformático del metiloma por NGS: análisis exploratorio y anotación funcional	200	240
24	TEBC_24	Análisis del perfil genómico del tumor con TruSight Oncology 500 (ADN+ARN): variantes en número de copias (CNVs), fusiones, inserciones-delecciones (indels), variantes de un solo nucleótido (SNV), variantes de splicing, inestabilidad de microsatélites (MSI) y carga mutacional (TMB)	800	960
25	TEBC_25	Análisis del perfil genómico del tumor con TruSight Oncology 500 (ADN): variantes en número de copias (CNVs), inserciones-delecciones (indels), variantes de un solo nucleótido (SNV), inestabilidad de microsatélites (MSI) y carga mutacional (TMB)	600	720
26	TEBC_26	Análisis del perfil genómico del tumor con TruSight Oncology 500 (ARN): fusiones y variantes de splicing	400	480
27	TEBC_27	Análisis bioinformático de librerías de cribado genómico funcional con CRISPR-Cas9 (Functional genomic screening CRISPR-Cas9)	500	600
28	TEBC_28	Análisis bioinformático de librerías de cribado genómico funcional con CRISPR-Cas9 (Functional genomic screening CRISPR-Cas9): control de calidad	200	240

TARIFAS

29	TEBC_29	Análisis bioinformático de librerías de cribado genómico funcional con CRISPR-Cas9 (Functional genomic screening CRISPR-Cas9): filtrado y análisis	300	360
30	TEBC_30	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq)	600	720
31	TEBC_31	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq): diseño experimental	100	120
32	TEBC_32	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq): control de calidad	100	120
33	TEBC_33	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq): cuantificación de la expresión a nivel de gen e isoforma	200	240
34	TEBC_34	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq): expresión diferencial a nivel de gen e isoforma	200	240
35	TEBC_35	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq): enriquecimiento e interacciones	200	240
36	TEBC_36	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq): análisis de variantes en transcriptoma	200	240
37	TEBC_37	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq)	600	720
38	TEBC_38	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): diseño experimental	100	120
39	TEBC_39	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): control de calidad	100	120
40	TEBC_40	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): cuantificación de la expresión	200	240
41	TEBC_41	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): expresión diferencial	200	240
42	TEBC_42	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): enriquecimiento e interacciones	200	240
43	TEBC_43	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): análisis de variantes en transcriptoma	200	240
44	TEBC_44	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): predicción de novo	400	480
45	TEBC_45	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq)	600	720
46	TEBC_46	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq): diseño experimental	100	120
47	TEBC_47	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq): control de calidad	100	120
48	TEBC_48	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq): cuantificación de la expresión a nivel de gen e isoforma	200	240
49	TEBC_49	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq): expresión diferencial a nivel de gen e isoforma	200	240
50	TEBC_50	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq): enriquecimiento e interacciones	200	240
51	TEBC_51	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq): análisis de variantes en transcriptoma	200	240
52	TEBC_52	Análisis del metiloma por arrays. Exploratory study using EPIC-850K arrays from Illumina. Quantitative interrogation of selected methylation sites across the genome: CpG islands, Non-CpG and differentially methylated sites, enhancers, open chromatin domains, Transcription factor binding sites and miRNA promoter regions. The QC analysis, filtering and preprocessing will be done with RnBeads and the differential methylation analysis with methylkit	1100	1260

TARIFAS

53	TEBC_53	Análisis del perfil transcripcional (RNAseq). Evaluation of the transcriptome (total RNA) content. For the RNAseq, Illumina Stranded Total RNA Prep Ligation with Ribo-Zero Plus will be used with IDT RNA UD index and sequenced in Illumina platform. The reads obtained will be mapped in the reference genome with STAR and the count will be performed with RSEM. For the differential Expression we will use edgeR.	1200	1444
54	TEBC_54	Análisis del perfil transcripcional (small_RNAseq). Evaluation of the smallRNAseq, TruSeq Small RNA Library Prep Kit will be used and Sequenced in Illumina platform. The reads obtained will be mapped in the reference genome with STAR and the count will be performed with RSEM. We will use miRBase as an annotation database for small-RNAs. For the differential expression we will use edgeR.	1100	1244
55	TEBC_55	Análisis de modificación e histonas. Nuclear extraction, chromatin shearing, input preparation and DNA quantification. Optional, chromatin fixationChromatin immunoprecipitation to identify active enhancer regions (H3K27Ac, H3K4me1), active promoters (H3K4me3) or gene insulators (CTCF). Library preparation using ThruPLEX DNA-seq kit and sequencing. Bioinformatic analysis. Sequenced reads will be aligned to GRCh38 genome and histone modifications identified using MACS. Prediction of transcription factor binding will be done using HOMER. Differential modifications analysis between experimental conditions will be calculated using htseq-count and DeSeq2.	550	690
56	TEBC_56	Estudio de viabilidad en una línea celular por cuadruplicado en respuesta a un tratamiento farmacológico. Con emisión de informe	540	600
57	TEBC_57	Estudio de crecimiento celular en una línea celular en respuesta a tratamiento farmacológico. Con emisión de informe	540	600

A la tarifa final hay que añadirle los **gastos de overhead correspondientes**.

Las tarifas indicadas representan el **precio SIN IVA** (la factura se emitirá con el tipo de IVA vigente en el momento).

Datos de Contacto

TERAPIAS EXPERIMENTALES Y BIOMARCADORES EN CÁNCER

Correo electrónico: terapiasexperimentales@idipaz.es

Responsable: Inmaculada Ibáñez de Cáceres