

BIOINFORMÁTICA

SERVICIOS		PRECIO(€) / (CÓDIGO) 21% de I.V.A. no incluido			
Código	Técnica	A	B	C	D
BIO001	Control de calidad y procesamiento de arrays (expresión/miRNAs), hasta 24 muestras	26 (BIO001A)	31,2 (BIO001B)	39 (BIO001C)	52 (BIO001D)
BIO002	Control de calidad y procesamiento de arrays (expresión/miRNAs), muestra adicional	1,5 (BIO002A)	1,8 (BIO002B)	2,25 (BIO002C)	3 (BIO002D)
BIO003	Análisis de expresión diferencial, hasta 24 muestras, por comparación	52 (BIO003A)	62,4 (BIO003B)	78 (BIO003C)	104 (BIO003D)
BIO004	Análisis de expresión diferencial, comparación adicional	26 (BIO004A)	31,2 (BIO004B)	39 (BIO004C)	52 (BIO004D)
BIO005	Análisis de expresión diferencial, muestra adicional	1,5 (BIO005A)	1,8 (BIO005B)	2,25 (BIO005C)	3 (BIO005D)
BIO006	Análisis de enriquecimiento funcional, hasta 24 muestras, por comparación	52 (BIO006A)	62,4 (BIO006B)	78 (BIO006C)	104 (BIO006D)
BIO007	Análisis de enriquecimiento funcional, comparación adicional	26 (BIO007A)	31,2 (BIO007B)	39 (BIO007C)	52 (BIO007D)
BIO008	Análisis de enriquecimiento funcional, muestra adicional	1,5 (BIO008A)	1,8 (BIO008B)	2,25 (BIO008C)	3 (BIO008D)
BIO009	Predicción de genes diana de miRNAs, hasta 24 muestras, por comparación	52 (BIO009A)	62,4 (BIO009B)	78 (BIO009C)	104 (BIO009D)
BIO010	Predicción de genes diana de miRNAs, comparación adicional	26 (BIO010A)	31,2 (BIO010B)	39 (BIO010C)	52 (BIO010D)
BIO011	Predicción de genes diana de miRNAs, muestra adicional	1,5 (BIO011A)	1,8 (BIO011B)	2,25 (BIO011C)	3 (BIO011D)
BIO012	Análisis de microbiota 16S rRNA (control de calidad y procesamiento, estimación de diversidad alfa y beta y cálculo de abundancia diferencial), hasta 24 muestras	125 (BIO012A)	149,8 (BIO012B)	187 (BIO012C)	250 (BIO012D)
BIO013	Análisis de microbiota 16S rRNA (control de calidad y procesamiento, estimación de diversidad alfa y beta y cálculo de abundancia diferencial), hasta 48 muestras	192 (BIO013A)	230,4 (BIO013B)	288 (BIO013C)	384 (BIO013D)
BIO014	Análisis de microbiota 16S rRNA (control de calidad y procesamiento, estimación de diversidad alfa y beta y cálculo de abundancia diferencial), hasta 96 muestras	240 (BIO014A)	288 (BIO014B)	360 (BIO014C)	480 (BIO014D)
BIO015	Análisis de microbiota 16S rRNA (control de calidad y procesamiento, estimación de diversidad alfa y beta y cálculo de abundancia diferencial), por cada 96 muestras adicionales	52 (BIO015A)	62,4 (BIO015B)	78 (BIO015C)	104 (BIO015D)
BIO016	Control de calidad y procesamiento de RNA-/DNA-Seq, hasta 24 muestras	156 (BIO016A)	187,2 (BIO016B)	234 (BIO016C)	312 (BIO016D)

BIO017	Control de calidad y procesamiento de RNA-/DNA-Seq, muestra adicional	5,2 (BIO017A)	6,24 (BIO017B)	7,8 (BIO017C)	10,4 (BIO017D)
BIO018	Ensamblaje y anotación de genomas pequeños, hasta 24 muestras, partiendo de datos procesados	125 (BIO018A)	149,8 (BIO018B)	187 (BIO018C)	250 (BIO018D)
BIO019	Ensamblaje y anotación de genomas pequeños, muestra adicional, partiendo de datos procesados	2,6 (BIO019A)	3,12 (BIO019B)	3,9 (BIO019C)	5,2 (BIO019D)
BIO020	Análisis de MLST clásico, hasta 24 muestras, partiendo de genoma ensamblado	78 (BIO020A)	93,6 (BIO020B)	117 (BIO020C)	156 (BIO020D)
BIO021	Análisis de MLST clásico, muestra adicional, partiendo de genoma ensamblado	1,5 (BIO021A)	1,8 (BIO021B)	2,25 (BIO021C)	3 (BIO021D)
BIO022	Análisis de serotipado para Streptococcus pneumoniae, hasta 24 muestras, partiendo de genoma ensamblado	78 (BIO022A)	93,6 (BIO022B)	117 (BIO022C)	156 (BIO022D)
BIO023	Análisis de serotipado para S. pneumoniae o K. pneumoniae, muestra adicional, partiendo de genoma ensamblado	1,5 (BIO023A)	1,8 (BIO023B)	2,25 (BIO023C)	3 (BIO023D)
BIO024	Mapeo de lecturas y cálculo de número de copias, hasta 24 muestras, para DNA-/RNA-Seq	52 (BIO024A)	62,4 (BIO024B)	78 (BIO024C)	104 (BIO024D)
BIO025	Mapeo de lecturas y cálculo de número de copias, muestra adicional, para DNA-/RNA-Seq	1,5 (BIO025A)	1,8 (BIO025B)	2,25 (BIO025C)	3 (BIO025D)
BIO026	Identificación de variantes genómicas, hasta 24 muestras, partiendo de secuencias mapeadas	156 (BIO026A)	187,2 (BIO026B)	234 (BIO026C)	312 (BIO026D)
BIO027	Identificación de variantes genómicas, muestra adicional, partiendo de secuencias mapeadas	3 (BIO027A)	3,6 (BIO027B)	4,5 (BIO027C)	6 (BIO027D)
BIO028	Alineamiento global de genomas pequeños y búsqueda de variantes, hasta 24 muestras	156 (BIO028A)	187,2 (BIO028B)	234 (BIO028C)	312 (BIO028D)
BIO029	Alineamiento global de genomas pequeños y búsqueda de variantes, muestra adicional	3 (BIO029A)	3,6 (BIO029B)	4,5 (BIO029C)	6 (BIO029D)
BIO030	Anotación y filtrado de variantes, hasta 24 muestras	104 (BIO030A)	124,8 (BIO030B)	156 (BIO030C)	208 (BIO030D)
BIO031	Anotación y filtrado de variantes, hasta 24 muestras	3 (BIO031A)	3,6 (BIO031B)	4,5 (BIO031C)	6 (BIO031D)
BIO032	Análisis de supervivencia (análisis de regresión univariante y multivariante de Cox y curvas Kaplan-Meier), hasta 3 variables	104 (BIO032A)	124,8 (BIO032B)	156 (BIO032C)	208 (BIO032D)
BIO033	Análisis de supervivencia (análisis de regresión univariante y multivariante de Cox y curvas Kaplan-Meier), variable adicional	13 (BIO033A)	15,6 (BIO033B)	19,5 (BIO033C)	26 (BIO034D)
BIO034	Análisis de datos avanzado (por hora de trabajo de técnico)	26 (BIO034A)	31,2 (BIO034B)	39 (BIO034C)	52 (BIO034D)

