

TARIFAS SERVICIO DE SECUENCIACIÓN Y BIOINFORMÁTICA
(Tarifas aprobadas en la Junta de Gobierno de Fisabio, 19 de junio de 2023)

	Tarifa A	Tarifa B	Tarifa C
Nuevos precios y servicios secuenciación Fisabio abril 2023			
NEXTSEQ1000/2000			
Preparación de librerías y secuenciación de amplicones por illumina (mínimo 60,000 lecturas por muestra) <= 60 amplicones	63,4	64,9	67,4
Preparación de librerías y secuenciación de amplicones por illumina (mínimo 60,000 lecturas por muestra)<= 60 amplicones	36,9	37,8	39,2
Indexar y secuenciar amplicones para illumina	58,0	59,4	61,7
Librería de aislados virales y/o amplicones largos (>de 550pb) y secuenciación por illumina (COBERTURA 10.000X)	90,1	92,3	95,9
Librerías y secuenciación de genomas por illumina < 10Mb cobertura 100x <= 20 muestras	255,3	261,4	271,6
Librerías y secuenciación de genomas por illumina < 10Mb cobertura 20-50x <= 20 muestras	217,3	222,5	231,2
Librerías y secuenciación de genomas por illumina < 10Mb cobertura 100x > 20 muestras	138,8	142,1	147,7
Librerías y secuenciación de genomas por illumina < 10Mb cobertura 20-50x > 20 muestras	114,8	117,6	122,2
Librerías y secuenciación de metagenomas por illumina 5 millones lecturas 2x150 pb <= 40 muestras	174,4	178,6	185,5
Librerías y secuenciación de metagenomas por illumina 10 millones lecturas 2x150 pb <= 40 muestras	269,6	276,1	286,9
Librerías y secuenciación de metagenomas por illumina 10 millones lecturas 2x150 pb > 40 muestras	164,2	168,1	174,7
Librerías y secuenciación de metagenomas por illumina 10 millones lecturas 2x300 pb	338,9	347,0	360,6
Librerías y secuenciación de metagenomas por illumina 20 millones lecturas 2x150 <= 20 muestras	495,7	507,6	527,4
Librerías y secuenciación de metagenomas por illumina 20 millones lecturas 2x150 > 20 muestras	261,5	267,8	278,2
Librerías y secuenciación de metagenomas por illumina 50 millones lecturas 2x150	591,2	605,4	629,0
Librerías y secuenciación illumina de RNAseq / metatranscriptomas < 20 muestras 50 millones de lecturas	632,4	647,5	672,8
Librerías y secuenciación illumina de RNAseq / metatranscriptomas > 20 muestras 50 millones de lecturas	329,5	337,4	350,6
Librerías y secuenciación por illumina de smallRNAs			
Carrera de Miseq kit Micro 300 ciclos	967,9	991,1	1.029,9
Carrera de Miseq kit Nano 500 ciclos	751,2	769,3	799,3
Carrera de Miseq kit v3 150 ciclos	1.654,0	1.693,7	1.759,9
Carrera de Miseq kit v3 600 ciclos	2.566,5	2.628,1	2.730,7
Carrera de Miseq kit v2 300 ciclos	1.856,3	1.900,8	1.975,1
Carrera de Miseq kit v2 500 ciclos	2.047,7	2.096,8	2.178,7
Carrera de NextSeq® 500/550 High Output Kit v2.5 (300 cycles)	6.610,7	6.769,3	7.033,8
Carrera de NextSeq® 500/550 Mid Output Kit v2.5 (300 cycles)	2.631,1	2.694,2	2.799,5
Carrera de NextSeq® 500/550 Mid Output Kit v2.5 (150 cycles)	1.663,3	1.703,2	1.769,7
Carrera de NextSeq® 500/550 High Output Kit v2.5 (150 cycles)	4.235,7	4.337,3	4.506,8
Carrera de NextSeq® 500/550 High Output Kit v2.5 (75 cycles)	2.207,4	2.260,3	2.348,6
Carrera de NextSeq2000 kit P1 300 ciclos	1.726,2	1.767,6	1.836,7
Carrera de NextSeq2000 kit P3 200 ciclos	7.547,5	7.728,7	8.030,6
Carrera de NextSeq2000 kit P3 200 ciclos	5.720,2	5.857,5	6.086,3
Carrera de NextSeq2000 kit P3 100 ciclos	4.198,7	4.299,4	4.467,4
Carrera de NextSeq2000 kit P3 50 ciclos	2.980,5	3.052,0	3.171,2
Carrera de NextSeq1000/2000 kit P2 100 ciclos	1.970,5	2.017,8	2.096,7
Carrera de NextSeq1000/2000 P2 200 ciclos	3.493,3	3.577,1	3.716,9
Carrera de NextSeq1000/2000 P2 300 ciclos	4.551,4	4.660,6	4.842,7
Carrera de NextSeq1000/2000 P1 100 ciclos	1.310,9	1.342,3	1.394,8
Carrera de NextSeq1000/2000 P1 600 ciclos	2.499,0	2.559,0	2.658,9
Carrera de NextSeq1000/2000 P2 300 ciclos	4.934,2	5.052,6	5.250,0
NEXTSEQ550			
Carrera de NextSeq550 high 150	4.308,1	4.411,5	4.583,9
Carrera de NextSeq550 high 300	6.683,1	6.843,5	7.110,9
Carrera de NextSeq550 high 75	2.279,8	2.334,5	2.425,7
Carrera de NextSeq550 high 300	2.703,5	2.768,4	2.876,6
Carrera de NextSeq550 high 150	1.735,7	1.777,4	1.846,8
PACBIO			
RUN de Sequel II Sequencing 2.0 Ki (incluye flowcell)	2.151,1	2.202,7	2.288,8
Librerías y secuenciación por PacBio de amplicones 16S, 18S y otros amplicones custom	62,6	64,1	66,6
Librerías y secuenciación por PacBio de Metagenomas	1.332,3	1.364,3	1.417,6
Librerías y secuenciación por PacBio de Genomas < 10Mb	406,9	416,7	433,0
Librerías y secuenciación por PacBio de Genomas > 10Mb	consultar	consultar	consultar
Varios			
Extracción DNA	28,1	28,8	29,9
Extracción RNA	30,0	30,7	31,9
Determinación de tamaño de fragmentos con Bioanalyser	38,8	39,7	41,3
Tratamiento con DNAasa	39,0	40,0	41,5
Tratamiento con Rnasa	39,3	40,2	41,8
Síntesis de cDNA para 16S con tratamiento Dnasa y PCR de 16S de comprobación	14,0	15,0	17,0
Cuantificación	1,4	1,4	1,5
síntesis cDNA	14,0	15,0	17,0
FORENSE			
Extracción y cuantificación de muestras de ADN de saliva	33,0	33,8	35,1
Librerías Forenseq DNA signature	272,0	278,5	289,4
Librerías ADN mitocondrial	574,8	588,6	611,6
Análisis de parentesco	341,7	349,9	363,5
Extracción, cuantificación y librerías de ADN de hueso	711,3	728,3	756,8

Nuevos precios y servicios bioinformática Fisabio para abril 2023			
Anotación taxonómica de amplicones upstream (16S, 18S, ITS)	19,9	20,4	21,2
Análisis comparado de amplicones downstream (16S, 18S, ITS)	32,4	33,2	34,5
Mapeo genomas completos bacterianos o de pequeños eucariotas (< 10Mb)	55,3	56,7	58,9
Ensamblado y anotación automática de genomas bacterianos (1-20)	60,8	62,2	64,7
Ensamblado y anotación automática de genomas bacterianos (21-50)	28,2	28,9	30,0
Ensamblado y anotación automática de genomas bacterianos (> 50)	17,4	17,8	18,5
Análisis comparado entre genomas bacteriano (< 10Mb), pangenoma	94,9	97,1	100,9
Mapeo y análisis diferencial de transcriptomas eucariota	132,0	135,0	141,0
Mapeo, análisis diferencial de transcriptomas eucariota y análisis funcional de rutas metabólicas	215,00	220,00	229,00
Mapeo y análisis diferencial de transcriptomas bacterianos	92,62	94,85	98,55
Mapeo, análisis diferencial de transcriptomas bacterianos y análisis funcional de rutas metabólicas	140,00	144,00	149,00
Mapeo de metagenomas/metatranscriptomas	62,17	63,66	66,15
Ensamblado y anotación de metagenomas/metatranscriptomas (múltiples muestras, <= 20)	86,23	88,30	91,75
Ensamblado y anotación de metagenomas/metatranscriptomas (múltiples muestras, 21-50)	98,2	100,6	104,5
Ensamblado y anotación de metagenomas/metatranscriptomas (múltiples muestras, >50)	81,7	83,6	86,9
Análisis del resistoma de muestras metagenómicas	86,2	88,3	91,7
Ensamblado, anotación y análisis diferencial de metagenomas/metatranscriptomas	192,9	197,5	205,2
Mapeo y análisis diferencial de metagenomas/metatranscriptomas	146,9	150,4	156,3
Ensamblado automático de genomas/metagenomas mediante tecnología PacBio/Nanopore/Illumina (solo contigs)	51,3	52,5	54,6
Análisis factores de resistencia/Virulencia en un genoma bacteriano para su caracterización	312,3	319,8	332,3
Caracterización de genomas bacterianos, anotación y búsqueda de factores de Resistencia/Virulencia, MLST in-silico, filogenia.	809,2	828,6	860,9
Diseño y/o implementación de análisis paneles de genes personalizados (consultar)			
Análisis de paneles de genes	93,6	95,9	99,6
Mapeo de genomas de SARS-CoV-2	47,3	48,4	50,3
Data submission (por conjunto de datos)	311,9	319,4	331,9
Nuevos precios formación Fisabio para abril 2023			
Curso personalizado	88,1	90,2	93,8

Tarifa A: Fundació Fisabio / Org. Públics Comunitat Valenciana

Tarifa B: Organismos nacionales públicos y europeos

Tarifa C: Organismos privados e internacionales

FUNDACIÓ PER AL FOMENT DE LA INVESTIGACIÓ SANITÀRIA I BIOMÈDICA DE LA COMUNITAT VALENCIANA (FISABIO). C/ Misser Mascó nº 31. 46010 València. CIF.: G98073760 Inscrita Registre fundacions: 501 V - www.fisabio.san.gva.es

