

# Prueba	Código de Laboratorio	Identificación del análisis	Precio intramural (€)	Servicio externo (€)
1	TEBC_1	Extracción de DNA de parafina	50,00	60,00
2	TEBC_2	Extracción de RNA de parafina	60,00	78,00
3	TEBC_3	Extracción de DNA de exosomas de explantes	100,00	120,00
4	TEBC_4	Extracción de RNA de exosomas de explantes	120,00	144,00
5	TEBC_5	Extracción de DNA de exosomas de plasma	100,00	120,00
6	TEBC_6	Extracción de RNA de exosomas de plasma	120,00	144,00
7	TEBC_7	Estudio de metilación del gen MGMT en parafina por MSP	350,00	420,00
8	TEBC_8	Estudio de metilación del gen MGMT en parafina por qMSP	370,00	444,00
9	TEBC_9	Estudio de metilación del gen MGMT en sangre	400,00	480,00
10	TEBC_10	Estudio de metilación del gen IGF3 en parafina por MSP	350,00	420,00
11	TEBC_11	Estudio de metilación del gen IGF3 en parafina por qMSP	370,00	444,00
12	TEBC_12	Estudio de metilación del gen IGF3 en sangre	400,00	480,00
13	TEBC_13	Análisis de la expresión génica a determinar junto con un endógeno	250,00	300,00
14	TEBC_14	Análisis bioinformático del metiloma por arrays	500,00	600,00
15	TEBC_15	Análisis bioinformático del metiloma por arrays: diseño experimental	100,00	120,00
16	TEBC_16	Análisis bioinformático del metiloma por arrays: control de calidad	100,00	120,00
17	TEBC_17	Análisis bioinformático del metiloma por arrays: análisis de posiciones/regiones diferencialmente metiladas	200,00	240,00
18	TEBC_18	Análisis bioinformático del metiloma por arrays: análisis exploratorio y anotación funcional	200,00	240,00
19	TEBC_19	Análisis bioinformático del metiloma por NGS	500,00	600,00
20	TEBC_20	Análisis bioinformático del metiloma por NGS: diseño experimental	100,00	120,00
21	TEBC_21	Análisis bioinformático del metiloma por NGS: control de calidad	100,00	120,00
22	TEBC_22	Análisis bioinformático del metiloma por NGS: análisis de posiciones/regiones diferencialmente metiladas	200,00	240,00
23	TEBC_23	Análisis bioinformático del metiloma por NGS: análisis exploratorio y anotación funcional	200,00	240,00
24	TEBC_24	Análisis del perfil genómico del tumor con TruSight Oncology 500 (ADN+ARN): variantes en número de copias (CNVs), fusiones, inserciones-deleciones (indels), variantes de un solo nucleótido (SNV), variantes de splicing, inestabilidad de microsatélites (MSI) y carga mutacional (TMB)	800,00	960,00
25	TEBC_25	Análisis del perfil genómico del tumor con TruSight Oncology 500 (ADN): variantes en número de copias (CNVs), inserciones-deleciones (indels), variantes de un solo nucleótido (SNV), inestabilidad de microsatélites (MSI) y carga mutacional (TMB)	600,00	720,00
26	TEBC_26	Análisis del perfil genómico del tumor con TruSight Oncology 500 (ARN): fusiones y variantes de splicing	400,00	480,00
27	TEBC_27	Análisis bioinformático de librerías de cribado genómico funcional con CRISPR-Cas9 (Functional genomic screening CRISPR-Cas9)	500,00	600,00
28	TEBC_28	Análisis bioinformático de librerías de cribado genómico funcional con CRISPR-Cas9 (Functional genomic screening CRISPR-Cas9): control de calidad	200,00	240,00
29	TEBC_29	Análisis bioinformático de librerías de cribado genómico funcional con CRISPR-Cas9 (Functional genomic screening CRISPR-Cas9): filtrado y análisis	300,00	360,00
30	TEBC_30	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq)	600,00	720,00
31	TEBC_31	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq): diseño	100,00	120,00
32	TEBC_32	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq): control de calidad	100,00	120,00
33	TEBC_33	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq): cuantificación de la expresión a nivel de gen e isoforma	200,00	240,00
34	TEBC_34	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq): expresión diferencial a nivel de gen e isoforma	200,00	240,00
35	TEBC_35	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq): enriquecimiento e interacciones	200,00	240,00
36	TEBC_36	Análisis bioinformático del perfil transcripcional (RNAseq): análisis de variantes en transcriptoma	200,00	240,00
37	TEBC_37	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs	600,00	720,00
38	TEBC_38	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): diseño experimental	100,00	120,00
39	TEBC_39	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): control de calidad	100,00	120,00
40	TEBC_40	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): cuantificación de la expresión	200,00	240,00

41	TEBC_41	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): expresión diferencial	200,00	240,00
42	TEBC_42	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): enriquecimiento e interacciones	200,00	240,00
43	TEBC_43	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): análisis de variantes en transcriptoma	200,00	240,00
44	TEBC_44	Análisis bioinformático del perfil transcripcional del los microARNs (miRNAseq): predicción de novo	400,00	480,00
45	TEBC_45	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq)	600,00	720,00
46	TEBC_46	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq): diseño experimental	100,00	120,00
47	TEBC_47	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq): control de calidad	100,00	120,00
48	TEBC_48	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq): cuantificación de la expresión a nivel de gen e isoforma	200,00	240,00
49	TEBC_49	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq): expresión diferencial a nivel de gen e isoforma	200,00	240,00
50	TEBC_50	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq): enriquecimiento e interacciones	200,00	240,00
51	TEBC_51	Análisis bioinformático del perfil transcripcional total (totalRNAseq): análisis de variantes en transcriptoma	200,00	240,00
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	1.100,00	1.260,00
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.	1.200,00	1.444,00
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.	1.100,00	1.244,00
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	550,00	690,00