

Oficio No. 349-B- **360**

Ciudad de México, a **29 AGO 2016**

MTRO. JOSÉ GENARO MONTIEL RANGEL
DIRECTOR GENERAL DE PROGRAMACIÓN,
ORGANIZACIÓN Y PRESUPUESTO DE LA
SECRETARÍA DE SALUD
PRESENTE

Hago referencia a sus oficios Nos. DGPOP-8-1494-2016, DGPOP-8-1541-2016, DGPOP-8-1562-2016 y DGPOP-8-2012-2016 del 23 y 31 de mayo, 1º de junio y 8 de julio del presente año, mediante los cuales remitió para autorización de esta Secretaría las propuestas tarifarias del Instituto Nacional de Medicina Genómica, Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias Ismael Cosío Villegas, Centro Regional de Alta Especialidad de Chiapas e Instituto Nacional de Cancerología, respectivamente.

Considerando:

- Que las propuestas tarifarias fueron revisadas y analizadas por esta Secretaría;
- Que con las modificaciones propuestas por los organismos se adecuarán sus tabuladores de cuotas de recuperación a sus necesidades operativas;
- Que el incremento tarifario contribuirá en la disminución del rezago inflacionario de las cuotas de recuperación; y
- Que con oficios Nos. 316.2016.4324, 316.2016.4325, 316.2016.4326 y 316.2016.4327 del 9, 10, 11 y 12 de agosto del año en curso, la Secretaría de Economía comunicó que no hay inconveniente en que se autoricen las propuestas tarifarias en los términos presentados.

-2-

Y con fundamento en los artículos 31, fracción X de la Ley Orgánica de la Administración Pública Federal, 15, fracción V de la Ley de Planeación, y 38, fracción VI del Reglamento Interior de la Secretaría de Hacienda y Crédito Público vigente, esta Secretaría autoriza a partir del 30 de septiembre del presente año, las cuotas de recuperación del Instituto Nacional de Medicina Genómica, Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias Ismael Cosío Villegas, Centro Regional de Alta Especialidad de Chiapas e Instituto Nacional de Cancerología, de conformidad con los anexos que forman parte integrante de este oficio (Anexo 1, 7 páginas; Anexo 2, 3 páginas; Anexo 3, 37 páginas; Anexo 4, 27 páginas; y Anexo 5, 28 páginas).

No omito señalar que los organismos deberán informar a esta Secretaría la aplicación de las cuotas de recuperación autorizadas que cobrarán, con cinco días hábiles de anticipación de conformidad con lo establecido en el artículo 26 del Reglamento de la Ley Federal de las Entidades Paraestatales.

Asimismo, a las cuotas de recuperación citadas en los anexos se les adicionará el IVA de conformidad con la legislación vigente en la materia.

Sin más por el momento, reciba un cordial saludo.

ATENTAMENTE
EL JEFE DE LA UNIDAD



EDUARDO CAMERO GODÍNEZ



CMP/HGG/ACIN

Reg. EUPINT16-212, 223, 226 y 268.

c.c.p.- Dr. Miguel Messmacher Linartas.- Subsecretario de Ingresos.- Presente
Dr. Carlos Muñoz Piña.- Director General de Política de Ingresos no Tributarios.- Presente.
Lic. Horacio González Garay.- Director General Adjunto de Precios, Tarifas y Dividendos Estatales.- Presente.

Oficio No. 349-B-360

ANEXO 1

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN
(Cifras en pesos)

Departamento	Clave	Denominación del Servicio	Nivel 1	Nivel 2	Nivel 3	Nivel 4	Nivel 5	Nivel 6	Nivel 7	Nivel 8
A. SERVICIOS DE INVESTIGACIÓN										
USec	1	Secuenciación Capilar, por reacción	127	132	137	147	153	157	160	167
USec	2	Secuenciación Capilar directa, por reacción	209	237	266	316	352	373	388	424
USec	3	Lectura de Fluorescencia Capilar, por reacción	40	53	65	87	103	113	119	135
USec	4	Microsatélites, por reacción	52	60	68	82	92	97	101	111
USec	5	Cuantificación Ácidos Nucleicos RNasa P, por reacción	23	25	27	31	34	35	36	39
USec	6	Cuantificación de ácidos nucleicos, fluorímetro, por reacción	11	21	31	48	61	68	73	86
USec	7	Enriquecimiento exoma, por muestra	998	1,140	1,282	1,530	1,707	1,813	1,884	2,061
USec	8	Elaboración de Biblioteca (AmpliSeq), por pool	712	767	822	917	986	1,027	1,054	1,122
USec	9	Elaboración biblioteca IT, por muestra	219	294	369	501	594	651	688	782
USec	10	Elaboración biblioteca DNA IL, por muestra	148	290	432	681	859	966	1,037	1,215
USec	11	Elaboración de Biblioteca RNA, por muestra	571	655	740	888	993	1,057	1,099	1,205
USec	12	Electroforesis Automatizada por chip, por muestra	113	118	123	132	138	142	144	150
USec	13	Cuantificación de biblioteca IT, por reacción	24	28	32	39	44	47	49	55
USec	14	Cuantificación de biblioteca Kappa, por reacción	21	25	29	37	42	45	47	52
USec	15	Amplificación clonal ePCR, por ensayo	700	819	938	1,146	1,295	1,384	1,444	1,593
USec	16	Secuenciación mediante semiconductor, por chip	73	351	630	1,117	1,465	1,673	1,813	2,161
USec	17	Procesamiento Semiconductor 314, por chip	7	62	123	231	308	355	385	463
USec	18	Procesamiento Semiconductor 316, por chip	5	36	73	136	182	209	227	273
USec	19	Procesamiento Semiconductor 318, por chip	14	102	205	384	512	589	641	769
USec	20	Procesamiento Haloplex, 12 mx	1,863	2,519	3,174	4,321	5,140	5,631	5,959	6,778
USec	21	Purificación por AmpureBeads, por reacción	45	56	66	84	97	104	109	122
USec	22	Procesamiento Ampliacones >3Kb, por muestra	20	39	58	92	116	131	141	165
USec	23	Cargado NextSeq, por chip	143	978	1,814	3,276	4,320	4,947	5,365	6,409
USec	24	Cargado MiSeq, por chip	188	745	1,302	2,277	2,973	3,391	3,670	4,366
UMi	25	Genotipificación genoma completo PI, por muestra	56	65	73	82	90	98	105	111
UMi	26	Genotipificación por diseño PI, por muestra	73	86	98	111	123	135	145	154
UMi	27	Epigenómica PI, por muestra	119	132	144	157	169	181	191	200
UMi	28	Genotipificación pánél general PI, por muestra	36	49	61	74	87	99	109	118
UMi	29	Genotipificación pánél ligamiento PI, por muestra	445	466	487	509	530	552	568	584
UMi	30	Control de calidad de biomoléculas PAg Bioanalizador, 12 muestras	73	96	118	141	164	187	204	221
UMi	31	Genotipificación genoma completo PA, por muestra	109	141	172	204	235	267	291	314
UMi	32	Farmacogenómica PA, por muestra	173	205	238	271	304	337	361	386
UMi	33	Expresión transcriptoma completo PA, por muestra	227	258	289	320	351	382	406	429
UMi	34	Expresión miRNA PA, por muestra	65	93	120	148	175	202	223	243
UMi	35	Citogenética molecular PA, por muestra	118	151	183	216	249	282	306	331
UMi	36	Expresión transcriptoma completo parafinadas PA, por muestra	58	149	241	333	425	517	586	655
UMi	37	Genotipificación CGH PAg, por muestra	167	175	184	192	200	208	215	221
UMi	38	Control de calidad de biomoléculas PAg TapeStation, por muestra	35	45	55	66	76	86	93	101
UMi	39	Genotipificación Genoma completo LCG PI, por muestra	63	71	80	88	97	105	112	118
UMi	40	Control de Calidad para DNA, por muestra	8	10	13	15	17	20	21	23
LHiM	41	Tinción con Hematoxilina y Eosina	9	10	11	12	13	14	14	15
LHiM	42	Inmunohistoquímica CON Ab-Sec -1Lam	115	127	139	150	162	169	174	186
LHiM	43	Inmunohistoquímica SIN Ab Sec -1 Lam	74	86	98	110	122	129	134	146
LHiM	44	Corte bloque para tinción	10	13	15	18	20	22	23	25
LHiM	45	Corte por congelación	19	128	236	345	453	518	562	670
LHiM	46	Inclusión de tejido en parafina	8	40	72	104	136	155	168	200
LHiM	47	Inmunofluorescencia CON Ab-sec	97	100	104	107	111	113	114	118
LHiM	48	Inmunofluorescencia SIN Ab-sec	84	88	91	95	98	100	102	105
LHiM	49	Laminilla extra para Microdissección Láser	162	162	162	162	162	162	162	162
LHiM	50	Microfotografía campo claro-cualitativa (1 imagen)	2	38	76	114	152	175	190	228

Oficio No. 349-B-360

ANEXO 1

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN

(Cifras en pesos)

Departamento	Clave	Denominación del Servicio	Nivel 1	Nivel 2	Nivel 3	Nivel 4	Nivel 5	Nivel 6	Nivel 7	Nivel 8
LHiM	51	Microarreglo de Tejidos TMA, por laminilla o microarreglo	8	281	554	827	1,100	1,264	1,373	1,646
LHiM	52	Procesamiento de Tejidos	17	34	52	69	87	98	105	122
LHiM	53	Microscopía Confocal (uso por hora)	50	141	281	422	562	647	703	844
LHiM	54	Desparafinación	78	83	88	92	97	100	101	106
LHiM	55	Tinción Masson	12	24	37	50	63	70	75	88
LHiM	56	Tinción Perls	7	19	30	42	54	61	66	78
LHiM	57	Tinción PAS	6	20	33	47	60	68	73	87
LHiM	58	Tinción Reticulo	44	63	82	101	120	131	138	157
LHiM	59	Tinción Azul Alciano	7	20	34	47	61	69	74	88
LHiM	60	Tinción Especial DAPI	18	36	55	74	92	104	111	130
LHiM	61	Tinción Especial Texas red Faloidina	47	66	85	103	122	133	141	159
LHiM	62	Tinción Especial Alexa 488 Faloidina	49	67	86	105	123	134	142	161
LHiM	63	Tinción Especial Mitotracker red	53	72	90	109	128	139	146	165
LHiM	64	Tinción Especial Naranja Acridina	17	36	54	73	92	103	110	129
LHiM	65	Tinción Luxol Fast Blue	9	24	39	54	69	78	84	100
LHiM	66	Microscopía de Fluorescencia (uso por hora)	30	73	146	219	293	336	366	439
LHiM	67	Corte bloque para IHQ e IF	17	20	22	24	26	27	28	30
LHiM	68	Caspasa 3 IHQ (1 laminilla)	215	227	239	250	262	269	274	286
LHiM	69	Corte laminilla POLYLISINA IH-IF	12	14	17	19	22	23	24	27
LHiM	70	APO-BRDU TUNEL (1 laminilla)	245	257	269	281	293	300	305	316
LHiM	71	Montaje laminilla IF	23	24	24	24	25	25	25	25
LHiM	72	Montaje laminilla IHQ, HQ	5	6	6	6	7	7	7	7
LHiM	73	Procesamiento múltiple	27	51	76	100	124	139	149	173
LHiM	74	Microscopio de luz con cámara	0	6	12	18	23	27	29	35
LHiM	75	Extracción de bocado de bloque de parafina con TMA 1-20	24	82	140	198	256	290	313	371
LHiM	76	Extracción de bocado de bloque de parafina con TMA 21-40	48	124	201	277	353	399	429	505
LHiM	77	Rojo oleso	25	42	59	75	92	102	109	126
LHiM	78	Rojo congo	18	35	52	68	85	95	102	118
LHiM	79	CISH	371	406	442	478	514	536	550	586
LHiM	80	FISH	379	409	439	469	499	517	529	559
UPro	81	Gel 1D 7cm Coomassie (cantidad: 1 gel de 7x7cm con 10 carriles de 1mm de grosor)	434	587	739	892	1,044	1,136	1,197	1,349
UPro	82	Gel 1D 7cm Coomassie (sin BE) (cantidad: 1 gel de 7x7cm con 10 carriles de 1mm de grosor; no incluye buffer de extracción para 2D)	320	783	1,246	1,709	2,172	2,450	2,635	3,098
UPro	83	Lowry modificado (cantidad: 1 muestra más una réplica)	105	130	155	180	205	220	230	255
UPro	84	2D Quant kit (cantidad: curva estándar y 1 muestra más una réplica)	280	320	360	401	441	466	482	522
UPro	85	2D Quant kit (cantidad: una muestra más una réplica)	42	95	147	200	252	284	305	357
UPro	86	Depleción de Albúmina-IgGs (cantidad: 1 muestra de 150ul de suero; plasma o extracto proteico de biopsia)	717	816	916	1,015	1,115	1,174	1,214	1,313
UPro	87	IEF 7cm pH 3-10 (cantidad: 1 tira; una muestra)	454	721	989	1,256	1,524	1,684	1,791	2,059
UPro	88	IEF 7 cm pH 3-10NL, pH 4-7 (cantidad: 1 tira; una muestra)	454	657	860	1,064	1,267	1,389	1,470	1,673
UPro	89	IEF 18 cm pH 3-10NL (cantidad: 1 tira; una muestra)	584	787	990	1,193	1,397	1,519	1,600	1,803
UPro	90	IEF 24 cm pH 3-10, pH 4-7 (cantidad: 1 tira; una muestra)	610	813	1,016	1,219	1,422	1,544	1,626	1,829
UPro	91	Gel 2D 7cm Coomassie (cantidad: 1 gel de 7x7cm y 1mm de grosor; una muestra)	1,015	1,164	1,312	1,460	1,609	1,698	1,757	1,906
UPro	92	Gel 2D 7cm Oriole (cantidad: 1 gel de 7x7cm y 1mm de grosor; una muestra)	1,321	1,468	1,614	1,761	1,907	1,995	2,053	2,200
UPro	93	Gel 2D 7cm Sypro (cantidad: 1 gel de 7x7cm y 1mm de grosor; una muestra)	1,602	1,749	1,896	2,042	2,189	2,277	2,336	2,483

Oficio No. 349-B-360

ANEXO 1

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN

(Cifras en pesos)

Departamento	Clave	Denominación del Servicio	Nivel 1	Nivel 2	Nivel 3	Nivel 4	Nivel 5	Nivel 6	Nivel 7	Nivel 8
UPro	94	Gel 2D 13cm Coomassie (cantidad: 1 gel de 13x20cm y 1mm de grosor; una muestra)	2,201	2,563	2,925	3,287	3,650	3,867	4,012	4,374
UPro	95	Gel 2D 13cm Oriole (cantidad: 1 gel de 13x20cm y 1mm de grosor; una muestra)	3,028	3,386	3,744	4,101	4,459	4,674	4,817	5,175
UPro	96	Gel 2D 13cm Sypro (cantidad: 1 gel de 13x20cm y 1mm de grosor; una muestra)	4,550	4,909	5,268	5,627	5,986	6,201	6,344	6,703
UPro	97	Gel 2D 18cm Coomassie (cantidad: 1 gel de 18x20cm y 1mm de grosor; una muestra)	2,198	2,353	2,509	2,664	2,819	2,912	2,974	3,130
UPro	98	Gel 2D 18cm Oriole (cantidad: 1 gel de 18x20cm y 1mm de grosor; una muestra)	3,088	3,242	3,395	3,548	3,702	3,793	3,855	4,008
UPro	99	Gel 2D 18cm Sypro (cantidad: 1 gel de 18x20cm y 1mm de grosor; una muestra)	4,557	4,711	4,865	5,018	5,172	5,264	5,326	5,480
UPro	100	Gel 2D 24cm Coomassie (cantidad: 1 gel de 24x24cm y 1mm de grosor; una muestra)	3,136	3,271	3,406	3,541	3,676	3,757	3,811	3,946
UPro	101	Gel 2D 24cm Oriole (cantidad: 1 gel de 24x24cm y 1mm de grosor; una muestra)	3,503	3,637	3,770	3,903	4,037	4,117	4,170	4,303
UPro	102	Gel 2D 24cm Sypro (cantidad: 1 gel de 24x24cm y 1mm de grosor; una muestra)	5,643	5,777	5,911	6,044	6,178	6,258	6,312	6,446
UPro	103	Análisis de geles 2D (cantidad: 2 condiciones experimentales con 3 imágenes de geles cada una)	6,566	7,223	7,880	8,536	9,193	9,653	9,928	10,112
UPro	104	Gel 2D 24cm CyDye Min (cantidad: 1 gel de 24x24cm y 1mm de grosor)	7,947	8,233	8,518	8,803	9,088	9,259	9,373	9,658
UPro	105	Gel 2D 24cm CyDye Sat (cantidad: 1 gel de 24x24cm y 1mm de grosor)	3,724	3,972	4,219	4,467	4,714	4,863	4,962	5,210
UPro	106	Análisis de geles DIGE (cantidad: 2 geles)	6,695	7,364	8,034	8,703	9,373	9,841	10,123	10,310
UPro	107	Spot handling workstation (cantidad: a partir de 48 spots y hasta 96)	3,551	5,115	6,680	8,245	9,809	10,748	11,374	12,939
UPro	108	LC Tandem MS (banda gel 1D) (cantidad: 1 banda de gel 1D 2mm3; máximo 10 proteínas/ muestra)	1,827	3,154	4,481	5,808	7,135	7,932	8,463	9,790
UPro	109	Identificación de proteínas por MS/MS 1D (cantidad: 1 banda de gel 1D 2mm3)	768	914	1,061	1,207	1,353	1,440	1,499	1,645
UPro	110	Identificación de proteínas MSMS 2D (cantidad: 1 spot de gel 2D teñido con coomassie)	749	895	1,041	1,187	1,333	1,421	1,479	1,625
UPro	111	MS péptidos y polímeros (cantidad: 1 muestra)	668	1,000	1,333	1,665	1,997	2,197	2,330	2,662
UPro	112	Determinación de masa proteínas (cantidad: 1 muestra)	446	591	736	881	1,026	1,113	1,171	1,316
UPro	113	Marcaje iTRAQ (cantidad: 1 muestra)	2,079	2,766	3,453	4,140	4,827	5,239	5,514	6,201
UCIF	114	Análisis Inmunofenotipos por hora	99	286	473	659	846	1,033	1,173	1,313
UCIF	115	Separación Celular inicialización	284	298	312	326	341	369	397	426
UCIF	116	Separación Celular por hora de procesamiento	80	267	454	640	827	1,014	1,154	1,294
UCIF	117	Uso reactivo / DNA QC PARTICLES (1 test)	309	324	340	355	371	401	432	463
UCIF	118	Uso reactivo / CYCLETEST PLUS DNA REAGENT KIT (1 test)	139	146	153	160	167	181	195	209
UCIF	119	Procesamiento de tejido para ciclo celular (1 muestra 50um de espesor)	190	261	332	403	474	545	598	651
UCIF	120	Análisis MP (multiparamétrico) ATTUNE	110	192	274	356	438	519	581	642
UCIF	121	Anexina V	76	76	76	76	76	76	76	76
UCIF	122	Viabilidad celular	45	56	68	79	91	103	111	120
B. SERVICIOS CLÍNICOS										
LDG	123	Pruebas paternidad, trío, 22 marcadores a partir de FTA o swab bucal	2,200	2,249	2,298	2,347	2,396	2,426	2,446	2,495
LDG	124	Procesamiento Pruebas paternidad, trío, 22 marcadores a partir de FTA o swab bucal	546	595	644	693	743	772	792	841
LDG	125	Perfil 22 marcadores STRS, 12 muestras a partir de swab bucal o sangre en FTA	5,769	5,818	5,867	5,916	5,965	5,994	6,014	6,063
LDG	126	Procesamiento Perfil 22 marcadores STRS, 12 muestras a partir de swab bucal o sangre en FTA	1,141	1,190	1,239	1,288	1,337	1,366	1,386	1,435

Oficio No. 349-B-360

ANEXO 1

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN

(Cifras en pesos)

Departamento	Clave	Denominación del Servicio	Nivel 1	Nivel 2	Nivel 3	Nivel 4	Nivel 5	Nivel 6	Nivel 7	Nivel 8
LDG	127	Perfil 22 marcadores STRs , una muestra, a partir de swab bucal o sangre en FTA	1,430	1,479	1,528	1,577	1,626	1,656	1,676	1,725
LDG	128	Procesamiento Perfil 22 marcadores STRs , una muestra, a partir de swab bucal o sangre en FTA	438	487	536	586	635	664	684	733
LDG	129	Toma de muestra con hisopo, 1 individuo	13	13	13	13	13	13	13	13
LDG	130	Toma de muestra con FTA, 1 individuo	151	151	151	151	151	151	151	151
LDG	131	Quimerismo análisis de 3 muestras partiendo de FTA o swab	1,671	1,714	1,756	1,799	1,841	1,867	1,884	1,926
LDG	132	Procesamiento Quimerismo análisis de 3 muestras partiendo de FTA o swab	400	442	485	527	570	595	612	655
LDG	133	Quimerismo análisis de 2 muestras partiendo de FTA o swab	1,410	1,453	1,495	1,538	1,580	1,605	1,622	1,665
LDG	134	Procesamiento Quimerismo análisis de 2 muestras partiendo de FTA o swab	393	436	478	520	563	588	605	648
LDG	135	Quimerismo análisis de 1 muestra partiendo de FTA o swab	1,351	1,394	1,436	1,478	1,521	1,546	1,563	1,606
LDG	136	Procesamiento Quimerismo análisis de 1 muestra partiendo de FTA o swab	334	376	419	461	504	529	546	589
LDG	137	Farmacogenómica 1 SNP en 1 muestra, sin extracción de DNA	202	228	253	278	304	319	329	354
LDG	138	Procesamiento Farmacogenómica 1 SNP en 1 muestra, sin extracción de DNA	144	170	195	220	246	261	271	297
LDG	139	Farmacogenómica de TPMT o CYP2C9, 3 SNPs 1 muestra	818	844	869	894	920	935	945	971
LDG	140	Procesamiento Farmacogenómica de TPMT o CYP2C9, 3 SNPs 1 muestra	412	437	462	488	513	528	539	564
LDG	141	Panel de sensibilidad a Warfarina	1,066	1,091	1,117	1,142	1,168	1,183	1,193	1,218
LDG	142	Procesamiento Panel de sensibilidad a Warfarina	438	463	488	514	539	554	565	590
LDG	143	Panel de sensibilidad a Acenocumarol	1,066	1,091	1,117	1,142	1,168	1,183	1,193	1,218
LDG	144	Procesamiento Panel de sensibilidad a Acenocumarol	438	463	488	514	539	554	565	590
LDG	145	Panel de Genotipificación de CYP2C19	917	942	968	993	1,019	1,034	1,044	1,069
LDG	146	Procesamiento Panel de Genotipificación de CYP2C19	650	675	700	726	751	766	777	802
LDG	147	Cuantificación DNA en tiempo real, por muestra	686	735	784	833	882	911	931	980
LDG	148	Procesamiento Cuantificación DNA en tiempo real, por muestra	420	470	519	568	617	646	666	715
LDG	149	Extracción DNA, sangre, capa leucoplaquetaria, líquidos biológicos, plasma y suero (Qiagen), 1 muestra	147	162	178	194	209	219	225	240
LDG	150	Procesamiento Extracción DNA, sangre, capa leucoplaquetaria, líquidos biológicos, plasma y suero (Qiagen), 1 muestra	89	105	121	136	152	161	168	183
LDG	151	Extracción DNA, Qiagen, con tratamiento de RNase A, 1 muestra	208	218	228	239	249	255	259	269
LDG	152	Procesamiento Extracción DNA, Qiagen, con tratamiento de RNase A, 1 muestra	113	123	133	143	154	160	164	174
LDG	153	Extracción DNA de tejido fresco o biopsia en parafina y Extracción de RNA	409	419	430	440	450	456	460	470
LDG	154	Procesamiento Extracción DNA de tejido fresco o biopsia en parafina y Extracción de RNA	185	195	205	215	225	231	235	245
LDG	155	Extracción de DNA utilizando OrageneDNA OG-500	65	82	100	117	134	145	152	169
LDG	156	Análisis placas TLDA	12	42	72	102	132	150	162	192
LDG	157	Análisis de placas de 96 pozos, 96 pozos fast y 384 pozos, por tiempo real, por placa	11	41	71	101	131	149	161	191
LDG	158	Análisis de placas de 96 pozos, 96 pozos fast y 384 pozos, punto final, por placa	11	14	16	19	22	23	25	27
LMT	159	Extracción de DNA Maxwell a partir de sangre periférica o médula ósea (1 muestra)	152	158	164	170	176	179	181	187

ANEXO 1

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN
(Cifras en pesos)

Departamento	Clave	Denominación del Servicio	Nivel 1	Nivel 2	Nivel 3	Nivel 4	Nivel 5	Nivel 6	Nivel 7	Nivel 8
LMT	160	Extracción de RNA Maxwell a partir de sangre periférica o médula ósea (1 muestra)	257	271	285	300	314	323	329	343
LMT	161	Extracción de DNA Maxwell a partir de tejido en parafina (1 muestra)	243	253	262	271	281	286	290	299
LMT	162	Tipificación HLA-A Luminex (1 muestra)	811	843	875	907	938	957	970	1,002
LMT	163	Tipificación HLA-B Luminex (1 muestra)	811	843	875	907	938	957	970	1,002
LMT	164	Tipificación HLA-C Luminex (1 muestra)	811	843	875	907	938	957	970	1,002
LMT	165	Tipificación HLA-DRB1 Luminex (1 muestra)	811	843	875	907	938	957	970	1,002
LMT	166	Tipificación HLA-DQB1, DQA1 Luminex (1 muestra)	820	851	883	915	947	966	979	1,011
LMT	167	Tipificación HLA-DPB1, DPA1 Luminex (1 muestra)	892	923	955	987	1,019	1,038	1,051	1,083
LMT	168	Selección de donador familiar para trasplante de médula ósea HLA-A, B, C, DRB1, DQB1, DPB1 (Luminex, por muestra)	4,553	4,594	4,636	4,677	4,719	4,743	4,760	4,802
LMT	169	Selección de donador familiar para trasplante renal HLA-A, B, C, DRB1, DQB1 (Luminex, por muestra)	3,765	3,806	3,847	3,889	3,930	3,955	3,971	4,013
LMT	170	Tipificación HLA-A y HLA-B Luminex (1 muestra)	1,517	1,553	1,589	1,625	1,661	1,682	1,697	1,733
LMT	171	Tipificación CYP2D6 Luminex (1 muestra)	3,059	3,144	3,229	3,314	3,398	3,449	3,483	3,568
LMT	172	Tipificación CYP2C19 Luminex (1 muestra)	1,747	1,827	1,907	1,987	2,067	2,116	2,148	2,228
LMT	173	Procesamiento HLA-A Luminex, por muestra	134	166	198	229	261	280	293	325
LMT	174	Procesamiento HLA-B Luminex, por muestra	134	166	198	229	261	280	293	325
LMT	175	Procesamiento HLA-C Luminex, por muestra	134	166	198	229	261	280	293	325
LMT	176	Procesamiento HLA DR Luminex, por muestra	134	166	198	229	261	280	293	325
LMT	177	Procesamiento HLA DQA-DQB Luminex, por muestra	142	174	206	238	270	289	302	334
LMT	178	Procesamiento HLA DPA-DPB Luminex, por muestra	142	174	206	238	270	289	302	334
LMT	179	Procesamiento Tipificación HLA para trasplante de médula ósea (Luminex), por muestra	415	457	498	540	581	606	623	664
LMT	180	Procesamiento Tipificación HLA para trasplante renal (Luminex), por muestra	377	418	460	501	542	567	584	625
LMT	181	Procesamiento HLA-A y B, por muestra	162	198	234	270	306	327	342	378
LMT	182	Procesamiento Tipificación CYP2D6 por Luminex, por muestra	16	101	185	270	355	406	440	525
LMT	183	Procesamiento Tipificación CYP2C19 por Luminex, por muestra	24	104	184	265	345	393	425	505
LMT	184	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (1 muestra) NGS V.1	25,826	26,682	27,539	28,396	29,253	29,767	30,110	30,967
LMT	185	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (4 muestras) NGS V.1	51,163	52,024	52,886	53,747	54,609	55,126	55,471	56,332
LMT	186	Procesamiento Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (1 muestra) NGS V.1	1,485	2,342	3,198	4,055	4,912	5,426	5,769	6,626
LMT	187	Procesamiento Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (4 muestras) NGS V.1	3,410	4,272	5,133	5,995	6,857	7,374	7,718	8,580
LMT	188	Tipificación HLA-A SANGER (1 muestra)	2,056	2,146	2,237	2,327	2,417	2,471	2,507	2,598
LMT	189	Tipificación HLA-B SANGER (1 muestra)	2,056	2,146	2,237	2,327	2,417	2,471	2,507	2,598
LMT	190	Tipificación HLA-C SANGER (1 muestra)	2,056	2,146	2,237	2,327	2,417	2,471	2,507	2,598
LMT	191	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1, DQA1, DQB1, DPB1 Sanger (1 muestra)	12,354	12,427	12,501	12,574	12,648	12,692	12,721	12,795
LMT	192	Procesamiento Tipificación HLA-A Sanger (1 muestra)	803	893	984	1,074	1,164	1,218	1,254	1,345
LMT	193	Procesamiento Tipificación HLA-B Sanger (1 muestra)	803	893	984	1,074	1,164	1,218	1,254	1,345
LMT	194	Procesamiento Tipificación HLA-C Sanger (1 muestra)	803	893	984	1,074	1,164	1,218	1,254	1,345
LMT	195	Procesamiento Tipificación HLA-A, B, C, DRB1, DQA1, DQB1, DPB1 Sanger (1 muestra)	1,988	2,062	2,135	2,208	2,282	2,326	2,355	2,429
LMT	196	Tipificación HLA-DRB1 Sanger (1 muestra)	1,965	2,055	2,145	2,236	2,326	2,380	2,416	2,506
LMT	197	Tipificación HLA-DQB1 Sanger (1 muestra)	1,873	1,964	2,054	2,144	2,235	2,289	2,325	2,415
LMT	198	Tipificación HLA-DPB1 Sanger (1 muestra)	2,188	2,279	2,369	2,459	2,549	2,604	2,640	2,730
LMT	199	Procesamiento Tipificación HLA-DRB1 Sanger (1 muestra)	712	802	892	983	1,073	1,127	1,163	1,254

Oficio No. 349-B-360

ANEXO 1

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN

(Cifras en pesos)

Departamento	Clave	Denominación del Servicio	Nivel 1	Nivel 2	Nivel 3	Nivel 4	Nivel 5	Nivel 6	Nivel 7	Nivel 8
LMT	200	Procesamiento Tipificación HLA-DQB1 Sanger (1 muestra)	621	711	801	891	982	1,036	1,072	1,162
LMT	201	Procesamiento Tipificación HLA-DPB1 Sanger (1 muestra)	803	893	984	1,074	1,164	1,218	1,254	1,345
LMT	202	Determinación de MLPA Metilación (1-gen, 1 muestra)	1,928	2,028	2,127	2,227	2,327	2,387	2,427	2,527
LMT	203	Determinación de MLPA (1 gen, 1 muestra)	1,816	1,916	2,016	2,115	2,215	2,275	2,315	2,415
LMT	204	Determinación de MLPA-BCRA1/2 (1 muestra)	1,363	1,463	1,563	1,663	1,763	1,823	1,863	1,963
LMT	205	Determinación de X FRÁGIL (1 muestra)	1,547	1,595	1,642	1,689	1,737	1,765	1,784	1,831
LMT	206	Determinación de X FRÁGIL Metilación (1 muestra)	2,805	2,857	2,910	2,962	3,015	3,046	3,067	3,119
LMT	207	Procesamiento Determinación de Metilación por sonda Molecular (MLPA), por muestra	255	355	454	554	654	714	754	854
LMT	208	Procesamiento Determinación por sonda Molecular (MLPA), por muestra	143	243	342	442	542	602	642	742
LMT	209	Procesamiento Determinación de MLPA-BCRA1/2 (1 muestra)	143	243	342	442	542	602	642	742
LMT	210	Procesamiento Síndrome de X Frágil, por muestra	50	97	145	192	239	268	287	334
LMT	211	Procesamiento Síndrome de X Frágil Metilación, por muestra	69	121	174	226	279	310	331	383
LMT	212	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (1 muestra) NGS V.2	13,035	13,654	14,273	14,892	15,511	15,882	16,129	16,748
LMT	213	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (6 muestras) NGS V.2	33,842	34,470	35,099	35,727	36,356	36,733	36,984	37,613
LMT	214	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (12 muestras) NGS V.2	63,383	64,021	64,659	65,297	65,935	66,318	66,573	67,211
LMT	215	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (24 muestras) NGS V.2	113,319	113,966	114,614	115,262	115,909	116,298	116,557	117,205
LMT	216	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (48 muestras) NGS V.2	212,284	212,951	213,618	214,285	214,952	215,352	215,619	216,286
LMT	217	Cuantificación Fluorométrica de Ácido Nucleico (QUBIT) 1 muestra	140	148	156	164	172	177	180	188
LMT	218	Cuantificación Fluorométrica de Ácido Nucleico (QUBIT) por muestra adicional	41	49	57	65	73	78	81	89
LMT	219	Panel Mini-Exoma Mendeliano más de 4000 Genes NGS (1 muestra). Nota: el costo del análisis depende del número de genes a analizar y deberá sumarse a este costo	13,929	14,529	15,129	15,729	16,329	16,689	16,929	17,529
LMT	220	Panel de cáncer hereditario NGS 1 muestra	6,266	6,866	7,466	8,066	8,666	9,026	9,266	9,866
LMT	221	BRCA1 YBRCA2 NGS-Amplicones (1 muestra)	11,055	11,339	11,624	11,909	12,193	12,364	12,478	12,763
LMT	222	BRCA1 YBRCA2 NGS-Amplicones (6 muestras)	20,053	20,357	20,661	20,965	21,269	21,451	21,573	21,877
LMT	223	BRCA1 YBRCA2 NGS-Amplicones (12 muestras)	30,828	31,170	31,513	31,855	32,198	32,403	32,540	32,883
LMT	224	Determinación de Mutaciones Somáticas en Tumores Sólidos Regiones Frecuentemente Mutadas en los Genes: AKT1, BRAF, EGFR, ERBB2, FOXL2, GNA11, GNAQ, KIT, KRAS, MET, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RET, TP53 NGS (1 muestra)	4,663	4,948	5,233	5,517	5,802	5,973	6,087	6,371
LMT	225	Procesamiento Tipificación HLA V2 Alta Resolución 1 muestra	726	1,345	1,964	2,582	3,201	3,572	3,820	4,439
LMT	226	Procesamiento Tipificación HLA V2 Alta Resolución 6 muestras	4,355	4,984	5,612	6,241	6,869	7,246	7,498	8,126
LMT	227	Procesamiento Tipificación HLA V2 Alta Resolución 12 muestras	8,711	9,349	9,987	10,625	11,263	11,646	11,901	12,539
LMT	228	Procesamiento Tipificación HLA V2 Alta Resolución 24 muestras	17,422	18,070	18,717	19,365	20,013	20,401	20,660	21,308
LMT	229	Procesamiento Tipificación HLA V2 Alta Resolución 48 muestras	31,342	32,009	32,676	33,343	34,010	34,410	34,677	35,344

Oficio No. 349-B-360

ANEXO 1

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN

(Cifras en pesos)

Departamento	Clave	Denominación del Servicio	Nivel 1	Nivel 2	Nivel 3	Nivel 4	Nivel 5	Nivel 6	Nivel 7	Nivel 8
LMT	230	Procesamiento Panel Mini Exoma Mendeliano más de 4000 Genes NGS (1 muestra). Nota el costo del análisis depende del número de genes a analizar y debiera sumarse a este costo	612	1,212	1,812	2,412	3,012	3,372	3,612	4,212
LMT	231	Procesamiento Panel de Cáncer Hereditario NGS 1 muestra	546	1,146	1,746	2,346	2,946	3,306	3,546	4,146
LMT	232	Procesamiento BRCA1 YBRCA2 NGS-Amplicones (1 muestra)	487	772	1,057	1,341	1,626	1,797	1,911	2,195
LMT	233	Procesamiento BRCA1 YBRCA2 NGS-Amplicones (6 muestras)	1,021	1,325	1,629	1,933	2,237	2,419	2,540	2,844
LMT	234	Procesamiento BRCA1 YBRCA2 NGS-Amplicones (12 muestras)	1,637	1,980	2,322	2,665	3,007	3,213	3,350	3,692
LMT	235	Procesamiento Determinación de Mutaciones Somáticas en Tumores Sólidos Regiones Frecuentemente Mutadas en los Genes: AKT1, BRAF, EGFR, ERBB2, FOXL2, GNA11, GNAQ, KIT, KRAS, MET, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RET, TP53 NGS (1 muestra)	487	772	1,057	1,341	1,626	1,797	1,911	2,195
LMT	236	Análisis bioinformático 1 a 2 genes	578	578	578	578	578	578	578	578
LMT	237	Análisis bioinformático 3-10 genes	867	867	867	867	867	867	867	867
LMT	238	Análisis bioinformático alto 11-20 genes	1,446	1,446	1,446	1,446	1,446	1,446	1,446	1,446
LMT	239	Análisis bioinformático mayor a 21 - 30 genes	2,313	2,313	2,313	2,313	2,313	2,313	2,313	2,313
C. SERVICIOS DE CONSULTORÍA										
DI	240	Senior Científica, por hora	0	0	0	0	0	0	0	2,000
DVDI	241	Senior de Negocios, por hora	0	0	0	0	0	0	0	1,500
DVDI	242	Senior de Propiedad Intelectual, por hora	0	0	0	0	0	0	0	1,500
DI	243	Junior Científica, por hora	0	0	0	0	0	0	0	1,000
DVDI	244	Junior de Negocios, por hora	0	0	0	0	0	0	0	700
DVDI	245	Junior de Propiedad Intelectual, por hora	0	0	0	0	0	0	0	700
D. SERVICIOS DE ENSEÑANZA										
DED	246	Cursos Presenciales de 5 a 15 horas (Cuota por Alumno)	300	350	400	0	0	0	0	0
DED	247	Cursos Presenciales de 16 a 47 horas (Cuota por Alumno)	300	500	800	0	0	0	0	0
DED	248	Cursos Presenciales de 48 horas (Cuota por Alumno)	910	1,000	1,100	0	0	0	0	0
DED	249	Eventos (Actividad Académica)	350	400	500	0	0	0	0	0
DED	250	Cursos Presenciales de 48 horas (Cuota por Alumno)	730	800	880	0	0	0	0	0
CID	251	Recuperación de artículos de revistas suscritas por el CID	2	2	2	2	2	2	2	2
CID	252	Impresión de Información (por página)	2	2	2	2	2	2	2	2
CID	253	Fotocopiado (por página)	1	1	1	1	1	1	1	1