

Oficio No. 349-B- 918

Ciudad de México, a 30 de noviembre de 2018

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

Hago referencia a sus oficios Nos. DGPYP-8-2625-2018, DGPYP-8-2656-2018 y DGPYP-8-2657-2018 del 07 y 13 de noviembre del presente año, mediante los cuales envió para autorización de esta Secretaría las propuestas tarifarias del Hospital General de México "Dr. Eduardo Liceaga", del Instituto Nacional de Medicina Genómica y del Instituto Nacional de Pediatría, respectivamente.

Considerando que las propuestas tarifarias fueron revisadas y analizadas por esta Secretaría; que con las modificaciones formuladas 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; que la Secretaría de Economía comunicó no tener inconveniente en que se autoricen las propuestas tarifarias en los términos presentados; 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 02 de enero de 2019 las modificaciones a los Tabuladores de Cuotas de Recuperación del Hospital General de México "Dr. Eduardo Liceaga", del Instituto Nacional de Medicina Genómica y del Instituto Nacional de Pediatría, de conformidad con los anexos que forman parte integrante de este oficio (Anexo 1, 2 páginas; Anexo 2, 7 páginas; y Anexo 3, 30 páginas).

Oficio No. 349-B- 918

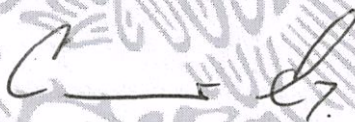
-2-

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.

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



AChN

Reg. EUPINT18-442, 451 y 452

c.c.p.- Dr. Alberto Torres García.- Subsecretario de Ingresos.- Presente
Dr. Carlos Muñoz Piña.- Director General de Política de Ingresos no Tributarios.- Presente.
Lic. Sandra Bucio Escobedo.- Directora General Adjunta de Política de Ingresos no Tributarios.- Presente.

Oficio No. 349-B- 918

ANEXO 2

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN

(Cifras en pesos)

Depto.	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	150	158	165	178	187	193	196	206
USec	2	Secuenciación Capilar directa, por reacción	270	277	285	298	307	312	316	325
USec	3	Lectura de Fluorescencia Capilar por Reacción	54	59	64	73	79	83	85	91
USec	4	Microsatélites, por reacción	75	79	83	89	94	97	99	103
USec	5	Cuantificación Ácidos Nucleicos RNAsa P, por reacción	162	163	164	166	168	168	169	170
USec	6	Cuantificación de ácidos nucleicos, fluorímetro, por reacción	46	49	52	57	61	63	64	68
USec	7	Enriquecimiento exoma, por muestra	10,167	10,277	10,387	10,579	10,716	10,798	10,853	10,990
USec	8	Elaboración de biblioteca (AmpliSeq), por pool	4,849	5,060	5,271	5,641	5,905	6,064	6,169	6,433
USec	9	Elaboración biblioteca IT, por muestra	4,588	4,737	4,886	5,146	5,333	5,444	5,519	5,705
USec	10	Elaboración biblioteca DNA IL, por muestra	1,648	1,720	1,792	1,918	2,008	2,062	2,098	2,188
USec	11	Elaboración de biblioteca RNA, por muestra	2,875	2,947	3,019	3,145	3,235	3,289	3,325	3,415
USec	12	Electroforesis Automatizada por chip, por muestra	107	115	122	135	144	149	153	162
USec	13	Cuantificación de biblioteca IT, por reacción	167	168	169	171	172	173	173	175
USec	14	Cuantificación de biblioteca Kappa, por reacción	75	76	77	79	81	81	82	84
USec	15	Amplificación clonal ePCR, por ensayo	5,996	6,099	6,202	6,383	6,512	6,589	6,641	6,770
USec	16	Secuenciación mediante semiconductor, por chip	3,690	3,763	3,836	3,964	4,056	4,111	4,147	4,239
USec	17	Procesamiento Semiconductor 314, por chip	7	221	441	827	1,103	1,268	1,378	1,654
USec	18	Procesamiento Semiconductor 316, por chip	5	126	252	472	630	724	787	945
USec	19	Procesamiento Semiconductor 318, por chip	14	176	353	661	882	1,014	1,102	1,323
USec	20	Procesamiento Haloplex, 12 rxn	2,449	2,848	3,247	3,945	4,444	4,743	4,942	5,441
USec	21	Purificación por AmpureBeads, por reacción	135	139	143	149	154	157	159	164
USec	22	Procesamiento Ampliacones >3Kb, por muestra	104	124	144	180	205	220	230	255
USec	23	Cargado NextSeq, por chip	161	1,082	2,003	3,614	4,765	5,455	5,916	7,066
USec	24	Cargado MiSeq, por chip	200	572	944	1,596	2,061	2,340	2,526	2,991
USec	25	Secuenciación por síntesis NextSeq 76 Ciclos HO	35,934	36,309	36,683	37,339	37,807	38,088	38,275	38,744
USec	26	Secuenciación por síntesis NextSeq 150 Ciclos MO	26,210	28,453	30,696	34,621	37,425	39,107	40,229	43,033
USec	27	Secuenciación por síntesis NextSeq 150 Ciclos HO	68,599	71,087	73,575	77,929	81,039	82,905	84,148	87,258
USec	28	Secuenciación por síntesis NextSeq 300 Ciclos MO	42,143	44,508	46,873	51,011	53,966	55,740	56,922	59,878
USec	29	Secuenciación por síntesis NextSeq 300 Ciclos HO	109,862	112,227	114,591	118,729	121,685	123,458	124,641	127,596
USec	30	Secuenciación por síntesis MiSeq 600 Ciclos	38,277	40,242	42,207	45,646	48,102	49,576	50,558	53,014
USec	31	Secuenciación por síntesis MiSeq 300 Ciclos	25,507	27,472	29,437	32,875	35,331	36,805	37,787	40,244
USec	32	Secuenciación por síntesis MiSeq 500 Ciclos	28,553	30,271	31,989	34,996	37,144	38,433	39,292	41,439
USec	33	Secuenciación por síntesis MiSeq 150 Ciclos	21,992	22,757	23,521	24,860	25,816	26,389	26,771	27,727
USec	34	Secuenciación por síntesis MiSeq NANO 300	7,230	7,995	8,759	10,098	11,053	11,627	12,009	12,965
USec	35	Secuenciación por síntesis MiSeq NANO 500	8,636	9,400	10,165	11,503	12,459	13,033	13,415	14,371
UMi	36	Genotipificación genoma completo PI, por muestra	67	76	85	94	104	113	120	127
UMi	37	Genotipificación por diseño PI, por muestra	91	112	133	154	175	196	212	228
UMi	38	Epigenómica PI, por muestra	145	158	170	182	194	206	215	224
UMi	39	Genotipificación panel general PI, por muestra	54	66	77	88	99	111	119	128
UMi	40	Genotipificación panel ligamiento PI, por muestra	521	563	606	648	690	732	764	796
UMi	41	Control de calidad de biomoléculas PAg Bioanalizador, 12 muestras	81	110	140	169	198	227	249	271
UMi	42	Genotipificación genoma completo PA, por muestra	139	173	207	240	274	308	333	359
UMi	43	Farmacogenómica PA, por muestra	210	244	278	312	346	380	405	430
UMi	44	Expresión transcriptoma completo PA, por muestra	256	287	319	350	381	413	436	460
UMi	45	Expresión miRNA PA, por muestra	71	102	133	165	196	227	251	274
UMi	46	Citogenética molecular PA, por muestra	231	283	336	388	441	493	533	572
UMi	47	Expresión transcriptoma completo paraafinadas PA, por muestra	82	186	290	395	499	604	682	760
UMi	48	Genotipificación CGH PAg, por muestra	227	242	258	274	289	305	317	328
UMi	49	Control de calidad de biomoléculas PAg TapeStation, por muestra	46	65	84	103	123	142	156	171
UMi	50	Genotipificación Genoma completo LCG PI (muestra)	75	84	93	102	112	121	128	135
UMi	51	Control de Calidad para DNA (muestra)	9	18	27	35	44	53	60	67
UMi	52	Control de calidad de biomoléculas PBo Qsep100, por muestra	14	22	30	38	46	53	59	65
UMi	53	Escaneo PI (Laminilla)	305	315	326	337	348	359	405	450
LHiM	54	Tinción HE	20	21	22	23	23	24	24	25
LHiM	55	IHQ CON AbSec	158	170	182	193	205	212	217	229
LHiM	56	IHQ SIN AbSec	108	120	132	144	156	163	168	179

ANEXO 2

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN

(Cifras en pesos)

Depto.	Clave	Denominación del Servicio	Nivel 1	Nivel 2	Nivel 3	Nivel 4	Nivel 5	Nivel 6	Nivel 7	Nivel 8
LHiM	57	Corte NL	12	15	18	22	25	27	28	31
LHiM	58	Corte congelación	23	26	28	30	32	34	35	37
LHiM	59	Inclusión parafina	10	22	33	44	55	61	66	77
LHiM	60	IF CON AbSec	120	124	127	131	134	136	138	141
LHiM	61	IF SIN AbSec	101	105	108	112	116	118	119	123
LHiM	62	Lam caps Veritas	482	482	482	482	482	482	482	483
LHiM	63	Captura campo claro	2	30	61	91	122	140	152	183
LHiM	64	TMA	13	187	361	535	709	814	883	1,057
LHiM	65	Procesamiento completo	23	34	45	57	68	74	79	90
LHiM	66	T. Masson	20	29	38	47	56	61	65	74
LHiM	67	T. Perls	14	19	24	28	33	36	38	43
LHiM	68	T. PAS	14	28	42	57	71	80	86	100
LHiM	69	T. Retículo	57	73	90	106	123	133	140	156
LHiM	70	T. Azul Alciano	14	27	39	52	65	72	77	90
LHiM	71	Tin Esp DAPI	26	38	51	64	76	84	89	102
LHiM	72	Tin Esp Texas red Faloidina	59	68	78	87	96	101	105	114
LHiM	73	Tin Esp Alexa 488 Faloidina	62	71	80	89	98	103	107	116
LHiM	74	Tin Esp Mitotracker red	67	76	86	95	105	110	114	124
LHiM	75	Tin Esp Naranja Acridina	25	35	44	53	63	69	72	82
LHiM	76	T. Luxol Fast Blue	18	27	37	46	56	61	65	74
LHiM	77	Corte electrocargada	21	25	29	34	38	40	42	46
LHiM	78	CASPASA 3 IHQ 1 LAM	321	333	345	358	370	377	382	394
LHiM	79	Corte Polyisina	14	19	24	29	34	37	39	44
LHiM	80	APO-BRDU TUNEL 1 LAM	285	298	311	324	337	345	350	363
LHiM	81	Montaje IF	28	29	31	33	34	35	36	38
LHiM	82	Montaje IHQ, HQ	9	10	11	13	14	15	16	16
LHiM	83	Procesamiento múltiple	31	37	43	48	54	58	60	65
LHiM	84	M. Luz con cámara	0	18	37	55	73	84	91	110
LHiM	85	Punch 1-20	33	35	38	40	42	44	45	47
LHiM	86	Punch 21-40	52	61	70	79	88	93	97	106
LHiM	87	R. Oleso	35	47	58	69	81	87	92	103
LHiM	88	R. Congo	29	45	61	77	93	103	110	126
LHiM	89	M. Confocal (1hr)	21	66	111	156	201	228	246	291
LHiM	90	M. Fluorescencia (1hr)	5	49	92	136	180	206	223	267
LHiM	91	Rehidratación IHQ 1-10 PBS	52	71	90	109	128	139	147	166
LHiM	92	Rehidratación AD	3	39	75	110	146	168	182	218
LHiM	93	Corte extracción	45	51	57	63	69	73	75	81
LHiM	94	Proc. Células F	14	17	20	23	26	27	29	31
LHiM	95	Proc. Células SF	14	16	19	21	23	25	26	28
LHiM	96	Procesamiento completo sin F	13	29	45	61	77	86	93	109
LHiM	97	Análisis lam 1min	4	5	6	7	8	9	10	12
LHiM	98	E. Celularidad Neopásica	229	293	357	421	485	524	550	614
LHiM	99	Macrodissección	17	22	27	32	37	39	41	46
UPro	100	Gel 1D 7cm Coomassie (cantidad: 1 gel de 7x7cm con 10 carriles de 1mm de grosor)	460	601	741	882	1,023	1,107	1,164	1,305
UPro	101	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)	331	501	670	840	1,010	1,111	1,179	1,349
UPro	102	Lowry modificado (cantidad: 1 muestra más una réplica)	65	107	148	190	231	256	273	315
UPro	103	2D Quant kit (Curva estándar y una muestra más una réplica)	309	352	395	438	481	507	524	567
UPro	104	2D Quant kit (cantidad: una muestra más una réplica)	59	115	171	227	283	316	339	395
UPro	105	Depleción de Albúmina-IgGs (cantidad: 1 muestra de 150 ul de suero, plasma o extracto proteico de biopsia)	737	975	1,212	1,449	1,687	1,829	1,924	2,162
UPro	106	IEF 7 cm pH 3-10 (cantidad: 1 tira; una muestra)	454	754	1,054	1,353	1,653	1,833	1,953	2,253
UPro	107	IEF 7 cm pH 3-10NL, pH 4-7 (cantidad: 1 tira; una muestra)	454	681	908	1,136	1,363	1,500	1,591	1,818
UPro	108	IEF 18 cm pH 3-10NL (cantidad: 1 tira; una muestra)	620	847	1,075	1,302	1,530	1,666	1,757	1,984
UPro	109	IEF 24 cm pH 3-10, pH 4-7 (cantidad: 1 tira; una muestra)	617	844	1,071	1,299	1,526	1,662	1,753	1,981
UPro	110	Gel 2D 7 cm Coomassie (cantidad: 1 gel de 7x7 cm y 1 mm de grosor; una muestra)	1,124	1,297	1,471	1,644	1,818	1,922	1,991	2,165

Oficio No. 349-B- 918

ANEXO 2

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN

(Cifras en pesos)

Depto.	Clave	Denominación del Servicio	Nivel 1	Nivel 2	Nivel 3	Nivel 4	Nivel 5	Nivel 6	Nivel 7	Nivel 8
UPro	111	Gel 2D 7 cm Oriole (cantidad: 1 gel de 7x7 cm y 1 mm de grosor; una muestra)	1,553	1,725	1,897	2,069	2,241	2,344	2,413	2,585
UPro	112	Gel 2D 7 cm Sypro (cantidad: 1 gel de 7x7 cm y 1 mm de grosor; una muestra)	1,829	2,001	2,173	2,346	2,518	2,622	2,690	2,863
UPro	113	Gel 2D 13 cm Coomassie (cantidad: 1 gel de 13x20 cm y 1 mm de grosor; una muestra)	2,464	2,860	3,255	3,650	4,045	4,282	4,440	4,835
UPro	114	Gel 2D 13 cm Oriole (cantidad: 1 gel de 13x20 cm y 1 mm de grosor; una muestra)	3,636	4,027	4,419	4,810	5,201	5,436	5,593	5,984
UPro	115	Gel 2D 13 cm Sypro (cantidad: 1 gel de 13x20 cm y 1 mm de grosor; una muestra)	5,089	5,482	5,875	6,268	6,661	6,897	7,054	7,447
UPro	116	Gel 2D 18 cm Coomassie (cantidad: 1 gel de 18x20 cm y 1 mm de grosor; una muestra)	2,464	2,634	2,803	2,972	3,142	3,243	3,311	3,480
UPro	117	Gel 2D 18 cm Oriole (cantidad: 1 gel de 18x20 cm y 1 mm de grosor; una muestra)	3,692	3,859	4,027	4,195	4,363	4,463	4,530	4,698
UPro	118	Gel 2D 18 cm Sypro (cantidad: 1 gel de 18x20 cm y 1 mm de grosor; una muestra)	5,095	5,263	5,432	5,600	5,769	5,870	5,937	6,106
UPro	119	Gel 2D 24 cm Coomassie (cantidad: 1 gel de 24x24 cm y 1 mm de grosor; una muestra)	3,513	3,660	3,807	3,954	4,100	4,188	4,247	4,394
UPro	120	Gel 2D 24 cm Oriole (cantidad: 1 gel de 24x24 cm y 1 mm de grosor; una muestra)	4,160	4,305	4,451	4,596	4,741	4,829	4,887	5,032
UPro	121	Gel 2D 24 cm Sypro (cantidad: 1 gel de 24x24 cm y 1 mm de grosor; una muestra)	6,225	6,371	6,517	6,663	6,809	6,897	6,955	7,101
UPro	122	Análisis de geles 2D (cantidad: 2 condiciones experimentales con 3 imágenes de geles cada una)	8,755	9,631	10,506	11,382	12,257	12,870	13,238	13,483
UPro	123	Gel 2D 24 cm CyDye Min (cantidad: 1 gel de 24x24 cm y 1 mm de grosor)	8,888	9,221	9,554	9,888	10,221	10,421	10,554	10,887
UPro	124	Gel 2D 24 cm CyDye Sat (cantidad: 1 gel de 24x24 cm y 1 mm de grosor)	3,998	4,289	4,580	4,871	5,162	5,336	5,452	5,743
UPro	125	Análisis de geles DIGE (cantidad: 2 geles)	8,905	9,795	10,686	11,576	12,467	13,090	13,464	13,713
UPro	126	LC Tandem MS (banda gel 1D) (cantidad: 1 banda de gel 1D 2mm3; máximo 10 proteínas/ muestra)	1,778	5,847	9,915	13,984	18,053	20,494	22,121	26,190
UPro	127	Identificación de proteínas por MS/MS 1D (cantidad: 1 banda de gel 1D 2 mm 3)	645	835	1,025	1,215	1,405	1,519	1,595	1,784
UPro	128	Identificación de proteínas MSMS 2D (cantidad: 1 spot de gel 2D teñido con coomassie)	720	910	1,100	1,289	1,479	1,593	1,669	1,859
UPro	129	MS péptidos y polímeros (cantidad: 1 muestra)	517	979	1,441	1,903	2,365	2,642	2,827	3,289
UPro	130	Determinación de masa proteínas (cantidad: 1 muestra)	526	727	929	1,131	1,332	1,453	1,534	1,735
UPro	131	Marcaje iTRAQ (cantidad: 1 muestra)	1,947	2,186	2,425	2,664	2,903	3,046	3,142	3,381
UPro	132	Omniseq	1,511	1,660	1,809	1,809	2,108	2,197	2,257	2,406
UCiF	133	Análisis de Inmunofenotipos por hora	151	266	381	496	610	725	811	897
UCiF	134	Separación Celular inicialización	453	476	499	521	544	589	635	680
UCiF	135	Separación Celular por hora de procesamiento	84	199	314	429	543	658	744	830
UCiF	136	Uso reactivo / CYCLETEST PLUS DNA REAGENT KIT (1 test)	151	158	166	173	181	196	211	226
UCiF	137	Análisis MP (Multiparamétrico) ATTUNE	156	246	337	428	519	609	677	746
UCiF	138	Anexina V	90	90	90	90	90	90	90	90
UCiF	139	Viabilidad Celular	51	67	84	100	116	132	144	156
B. SERVICIOS CLÍNICOS										
LDG	140	Quimerismo análisis de 3 muestras partiendo de FTA o swab	2,150	2,312	4,046					
LDG	141	Procesamiento Quimerismo análisis de 3 muestras partiendo de FTA o swab	795	957	1,674					
LDG	142	Quimerismo análisis de 2 muestras partiendo de FTA o swab	1,856	2,018	3,532					
LDG	143	Procesamiento Quimerismo análisis de 2 muestras partiendo de FTA o swab	772	934	1,635					
LDG	144	Quimerismo análisis de 1 muestra partiendo de FTA o swab	1,740	1,902	3,328					
LDG	145	Procesamiento Quimerismo análisis de 1 muestra partiendo de FTA o swab	656	818	1,431					
LDG	146	Farmacogenómica 1 SNP en 1 muestra, sin extracción de DNA	558	652	1,142					

Oficio No. 349-B- 918

ANEXO 2

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN

(Cifras en pesos)

Depto.	Clave	Denominación del Servicio	Nivel 1	Nivel 2	Nivel 3	Nivel 4	Nivel 5	Nivel 6	Nivel 7	Nivel 8
LDG	147	Procesamiento Farmacogenómica 1 SNP en 1 muestra, sin extracción de DNA	172	267	468					
LDG	148	Farmacogenómica de TPMT o CYP2C9, 3 SNPs 1 muestra	2,402	2,497	4,369					
LDG	149	Procesamiento Farmacogenómica de TPMT o CYP2C9, 3 SNPs 1 muestra	516	611	1,070					
LDG	150	Panel de sensibilidad a Warfarina	2,425	2,519	4,409					
LDG	151	Procesamiento Panel de sensibilidad a Warfarina	552	647	1,132					
LDG	152	Panel de sensibilidad a Acenocumarol	2,425	2,519	4,409					
LDG	153	Procesamiento Panel de sensibilidad a Acenocumarol	552	647	1,132					
LDG	154	Panel de Genotipificación de CYP2C19	2,230	2,325	4,068					
LDG	155	Procesamiento Panel de Genotipificación de CYP2C19	556	651	1,139					
LDG	156	Cuantificación DNA en tiempo real, por muestra	1,613	1,813	3,173					
LDG	157	Procesamiento Cuantificación DNA en tiempo real, por muestra	514	714	1,249					
LDG	158	Extracción DNA, sangre, capa leucoplaquetaria, líquidos biológicos, plasma y suero (Qiagen), 1 muestra	182	249	435					
LDG	159	Procesamiento Extracción DNA, sangre, capa leucoplaquetaria, líquidos biológicos, plasma y suero (Qiagen), 1 muestra	121	188	329					
LDG	160	Extracción DNA, Qiagen, con tratamiento de RNase A, 1 muestra	270	313	548					
LDG	161	Procesamiento Extracción DNA, Qiagen, con tratamiento de RNase A, 1 muestra	209	252	442					
LDG	162	Extracción DNA de tejido fresco o biopsia en parafina y Extracción de RNA	551	594	1,040					
LDG	163	Procesamiento Extracción DNA de tejido fresco o biopsia en parafina y Extracción de RNA	258	301	527					
LDG	164	Extracción de DNA utilizando OrageneDNA OG-500	89	142	248					
LDG	165	Perfil 17 marcadores STRS Ch Y 2 muestras	2,396	2,543	4,450					
LDG	166	Procesamiento 17 marcadores STRS ChY, 2 muestras	851	998	1,746					
LDG	167	Análisis DNA mitocondrial, 2 muestras	2,314	2,532	4,431					
LDG	168	Mutaciones dinámicas	1,361	1,579	2,763					
LDG	169	PRUEBAS PATERNIDAD, TRIO, VERIFILER A PARTIR DE FTA O DE SWAB BUCAL	2,044	2,261	3,958					
LDG	170	Perfil STRS VERIFILER, una muestra, a partir de Swab bucal o sangre en FTA	1,424	1,571	2,749					
LDG	171	Perfil STRS VERIFILER, 12 muestras a partir de swab bucal o sangre en FTA	5,243	5,390	9,432					
LDG	172	Procesamiento de PRUEBAS PATERNIDAD, TRIO, VERIFILER A PARTIR DE FTA O DE SWAB BUCAL	756	974	1,704					
LDG	173	Procesamiento de Perfil STRS VERIFILER, una muestra, a partir de Swab bucal o sangre en FTA	651	798	1,397					
LDG	174	Procesamiento de Perfil STRS VERIFILER, 12 muestras a partir de swab bucal o sangre en FTA	1,638	1,785	3,123					
LDG	175	Extracción de DNA Maxwell a partir de sangre periférica o médula ósea (1 muestra)	198	300	526					
LDG	176	Tipificación HLA-A Luminex (1 muestra)	1,598	1,763	3,085					
LDG	177	Procesamiento HLA-A Luminex (1 muestra)	245	410	718					
LDG	178	Tipificación HLA-B Luminex (1 muestra)	1,598	1,763	3,085					
LDG	179	Procesamiento HLA-B Luminex (1 muestra)	245	410	718					
LDG	180	Tipificación HLA-C Luminex (1 muestra)	1,598	1,763	3,085					
LDG	181	Procesamiento HLA-C Luminex (1 muestra)	245	410	718					
LDG	182	Tipificación HLA-DRB1 Luminex (1 muestra)	1,598	1,763	3,085					
LDG	183	Procesamiento HLA-DRB1 Luminex (1 muestra)	245	410	718					
LDG	184	Tipificación HLA-DQB1, DQA1 Luminex (1 muestra)	1,598	1,763	3,085					
LDG	185	Procesamiento HLA-DQB1, DQA1 Luminex (1 muestra)	245	410	718					
LDG	186	Tipificación HLA-DPB1, DPA1 Luminex (1 muestra)	1,729	1,894	3,315					
LDG	187	Procesamiento HLA-DPB1, DPA1 Luminex (1 muestra)	245	410	718					
LDG	188	Selección de donador familiar para trasplante de médula ósea HLA-A, B, C, DRB1, DQB1, DPB1 Luminex (por muestra)	8,318	8,531	14,929					

Oficio No. 349-B- 918

ANEXO 2

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN

(Cifras en pesos)

Depto.	Clave	Denominación del Servicio	Nivel 1	Nivel 2	Nivel 3	Nivel 4	Nivel 5	Nivel 6	Nivel 7	Nivel 8
LDG	189	Procesamiento de selección de donador familiar para trasplante de médula ósea HLA-A, B, C, DRB1, DQB1, DPB1 Luminex (por muestra)	645	858	1,501					
LDG	190	Selección de donador familiar para trasplante renal HLA-A, B, C, DRB1, DQB1, DPB1 Luminex (por muestra)	6,896	7,109	12,440					
LDG	191	Procesamiento de selección de donador familiar para trasplante renal HLA-A, B, C, DRB1, DQB1, DPB1 Luminex (por muestra)	593	805	1,409					
LDG	192	Tipificación HLA-A y HLA-B Luminex (1 muestra)	2,977	3,166	5,540					
LDG	193	Procesamiento tipificación HLA-A y B Luminex (1 muestra)	387	575	1,006					
LDG	194	Tipificación HLA-A SANGER (1 muestra)	2,674	3,177	5,560					
LDG	195	Procesamiento tipificación HLA-A SANGER (1 muestra)	1,008	1,511	2,645					
LDG	196	Tipificación HLA-B SANGER (1 muestra)	2,674	3,177	5,560					
LDG	197	Procesamiento Tipificación HLA-B SANGER (1 muestra)	1,008	1,511	2,645					
LDG	198	Tipificación HLA-C SANGER (1 muestra)	2,978	3,481	6,092					
LDG	199	Procesamiento Tipificación HLA-C SANGER (1 muestra)	1,008	1,511	2,645					
LDG	200	Tipificación HLA-DRB1 SANGER (1 muestra)	2,543	3,046	5,330					
LDG	201	Procesamiento tipificación HLA-DRB1 SANGER (1 muestra)	925	1,428	2,500					
LDG	202	Tipificación HLA-DQB1 SANGER (1 muestra)	2,794	3,297	5,769					
LDG	203	Procesamiento tipificación HLA-DQB1 SANGER (1 muestra)	824	1,327	2,322					
LDG	204	Determinación de MLPA Metilación (1 gen, 1 muestra)	5,691	6,139	10,744					
LDG	205	Procesamiento MLPA Metilación (1 gen, 1 muestra)	1,056	1,504	2,632					
LDG	206	Determinación de MLPA (1 gen, 1 muestra)	5,196	5,644	9,878					
LDG	207	Procesamiento MLPA (1 gen, 1 muestra)	561	1,009	1,766					
LDG	208	Determinación de X Frágil (1 muestra)	3,543	3,991	6,984					
LDG	209	Procesamiento X Frágil (1 muestra)	528	959	1,678					
LDG	210	Determinación de X Frágil Metilación (1 muestra)	7,145	7,576	13,258					
LDG	211	Procesamiento X Frágil Metilación (1 muestra)	794	1,225	2,144					
LDG	212	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (6 muestras) NGS V.2	44,356	50,352	88,117					
LDG	213	Procesamiento tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (6 muestras) NGS V.2	6,924	12,921	22,612					
LDG	214	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 1 muestra (pool de 6 muestras) NGS V.2	7,393	13,389	23,432					
LDG	215	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (12 muestras) NGS V.2	82,196	88,242	154,423					
LDG	216	Procesamiento tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (12 muestras) NGS V.2	10,918	16,964	29,687					
LDG	217	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 1 muestra (pool de 12 muestras) NGS V.2	6,850	12,895	22,567					
LDG	218	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (24 muestras) NGS V.2	150,797	156,899	274,573					
LDG	219	Procesamiento tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (24 muestras) NGS V.2	18,997	25,099	43,923					
LDG	220	tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 1 MUESTRA (Pool de 24 muestras) NGS V.2	6,283	12,385	21,674					
LDG	221	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (48 muestras) NGS V.2	290,809	297,009	519,766					
LDG	222	Procesamiento tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 (48 muestras) NGS V.2	37,964	44,164	77,287					
LDG	223	Tipificación HLA-A, B, C, DRB1(DRB3/4/5), DQA1, DQB1, DPB1 1 muestra (pool de 48 muestras) NGS V.2	6,059	12,258	21,452					
LDG	224	Cuantificación Fluorimétrica de Ácido Nucleico QUBIT (1 muestra)	135	155	271					
LDG	225	Panel Mini Exoma TSO (3 muestras) MISEQ	36,104	44,576	78,008					
LDG	226	Procesamiento Panel Mini Exoma TSO (3 muestras) MISEQ	2,643	11,115	19,452					
LDG	227	Panel Mini Exoma TSO 1 muestra (pool de 3 muestras) MISEQ	12,035	20,507	35,887					
LDG	228	Panel de Cáncer Hereditario (12 muestras)	97,163	103,651	181,390					
LDG	229	Procesamiento Panel de Cáncer Hereditario (12 muestras)	7,248	13,736	24,038					
LDG	230	Panel de Cáncer Hereditario 1 muestra (pool de 12 muestras)	8,097	14,585	25,524					

Oficio No. 349-B- 918

ANEXO 2

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN

(Cifras en pesos)

Depto.	Clave	Denominación del Servicio	Nivel 1	Nivel 2	Nivel 3	Nivel 4	Nivel 5	Nivel 6	Nivel 7	Nivel 8
LDG	231	Panel Mini Exoma TSO (12 muestras) NEXTSEQ	101,545	106,840	186,970					
LDG	232	Procesamiento Panel Mini Exoma TSO (12 muestras) NEXTSEQ	7,248	12,543	21,951					
LDG	233	Panel Mini Exoma TSO 1 muestra (pool de 12 muestras) NEXTSEQ	8,462	13,757	24,075					
LDG	234	Panel de Cáncer Hereditario (36 muestras) NEXTSEQ	209,304	213,993	374,488					
LDG	235	Procesamiento Panel de Cáncer Hereditario (36 muestras) NEXTSEQ	21,486	26,174	45,805					
LDG	236	Panel de Cáncer Hereditario 1 muestra (pool de 36 muestras) NEXTSEQ	5,814	10,503	18,380					
LDG	237	Panel BRCA 1 y 2 NGS-Amplicones (6 muestras)	35,517	39,554	69,220					
LDG	238	Procesamiento Panel BRCA 1 y 2 NGS-Amplicones (6 muestras)	2,544	6,581	11,517					
LDG	239	Panel BRCA 1 y 2 NGS-Amplicones 1 muestra (pool de 6 muestras)	5,919	9,957	17,424					
LDG	240	Panel de Mutaciones Somáticas en Tumores Sólidos 24 muestras. Regiones Frecuentemente Mutadas en los Genes: AKT1, BRAF, EFGR, ERBB2, FOXL2, GNA11, GNAQ, KIT, KRAS, MET, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RET, TP53. NGS (1 muestra)	4,682	9,744	17,053					
LDG	241	Procesamiento Panel de Mutaciones Somáticas en Tumores Sólidos. Regiones Frecuentemente Mutadas en los Genes: AKT1, BRAF, EFGR, ERBB2, FOXL2, GNA11, GNAQ, KIT, KRAS, MET, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RET, TP53. NGS (1 muestra)	699	4,736	8,288					
LDG	242	Procesamiento Panel de Mutaciones Somáticas en Tumores Sólidos. Regiones Frecuentemente Mutadas en los Genes: AKT1, BRAF, EFGR, ERBB2, FOXL2, GNA11, GNAQ, KIT, KRAS, MET, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RET, TP53. NGS (24 muestras)	16,770	21,832	38,206					
LDG	243	Panel de Mutaciones Somáticas en Tumores Sólidos. Regiones Frecuentemente Mutadas en los Genes: AKT1, BRAF, EFGR, ERBB2, FOXL2, GNA11, GNAQ, KIT, KRAS, MET, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RET, TP53. NGS (24 muestras)	112,373	117,435	205,511					
LDG	244	MA CGH+SNP 2*400	38,118	43,131	75,479					
LDG	245	Procesamiento MA CGH+SNP 2*400	5,105	10,118	17,706					
LDG	246	MA CGH+SNP 2*400 1 muestra (pool de 2 Muestras)	19,059	24,072	42,126					
LDG	247	MA CGH+SNP 4*180	60,653	65,966	115,440					
LDG	248	Procesamiento MA CGH+SNP 4*180	5,401	10,537	18,440					
LDG	249	MA CGH+SNP 4*180 1 muestra (pool de 4 muestras)	15,163	20,476	35,833					
LDG	250	Análisis bioinformático 1 a 2 genes	624	624	1,091					
LDG	251	Análisis bioinformático 3 a 10 genes	868	868	1,519					
LDG	252	Análisis bioinformático 11 a 20 genes	1,356	1,356	2,373					
LDG	253	Análisis bioinformático 21 a 30 genes	2,089	2,089	3,655					
LDG	254	MUTACIONES EN NEOPLASIAS MIELOPROLIFERATIVAS 12 MUESTRAS	155,863	156,643	274,125					
LDG	255	PROCESAMIENTO MUTACIONES EN NEOPLASIAS MIELOPROLIFERATIVAS 12 MUESTRAS	9,279	10,059	17,603					
LDG	256	MUTACIONES EN NEOPLASIAS MIELOPROLIFERATIVAS 1 muestra (pool de 12 muestras)	12,989	13,768	24,094					
LDG	257	MUTACIONES EN NEOPLASIAS MIELOPROLIFERATIVAS 24 MUESTRAS	287,923	289,230	506,153					
LDG	258	PROCESAMIENTO MUTACIONES EN NEOPLASIAS MIELOPROLIFERATIVAS 24 MUESTRAS	13,756	15,064	26,362					
LDG	259	MUTACIONES EN NEOPLASIAS MIELOPROLIFERATIVAS 1 MUESTRA (POOL DE 24 MUESTRAS)	11,997	13,304	23,282					
LDG	260	EXOMA CLINICO 4 MUESTRAS	72,472	73,487	128,602					
LDG	261	PROCESAMIENTO EXOMA CLINICO 4 MUESTRAS	3,569	4,583	8,020					
LDG	262	EXOMA CLINICO 4 MUESTRAS 1 muestra (pool de 4 muestras)	18,118	19,474	34,080					
LDG	263	EXOMA COMPLETO SOPHIA WES 3 MUESTRAS	75,477	78,411	137,219					
LDG	264	PROCESAMIENTO EXOMA COMPLETO SOPHIA WES 3 MUESTRAS	2,216	5,150	9,013					
LDG	265	EXOMA COMPLETO SOPHIA WES 1 MUESTRA (POOL DE 3 MUESTRAS)	25,159	28,093	49,163					

Oficio No. 349-B- 918

ANEXO 2

INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

TABULADOR DE CUOTAS DE RECUPERACIÓN

(Cifras en pesos)

Depto.	Clave	Denominación del Servicio	Nivel 1	Nivel 2	Nivel 3	Nivel 4	Nivel 5	Nivel 6	Nivel 7	Nivel 8
LDG	266	CAS-36 24 MUESTRAS	152,075	152,708	267,239					
LDG	267	PROCESAMIENTO CAS-36 24 MUESTRAS	13,756	14,389	25,181					
LDG	268	CAS-36 1 MUESTRA (POOL DE 24 MUESTRAS)	6,336	6,969	12,197					
LDG	269	CAS-36 32 MUESTRAS	205,293	205,926	360,370					
LDG	270	PROCESAMIENTO CAS-36 32 MUESTRAS	20,589	21,222	37,139					
LDG	271	CAS-36 1 MUESTRA (POOL DE 32 MUESTRAS)	6,415	7,048	12,335					
LDG	272	Interpretación de reporte clínico de TSC	1,396	1,396	2,443					
LDG	273	Interpretación de reporte clínico con alteración del número de copias	1,758	1,758	3,077					
LDG	274	Interpretación de reporte clínico	879	879	1,538					
LDG	275	Asesoramiento Genético	642	642	1,124					
SERVICIOS DE CONSULTORÍA										
DI	276	Senior Científica, por hora	2,000	2,000	2,000	2,000	2,000	2,000	2,000	2,000
DI	277	Junior Científica, por hora	1,500	1,500	1,500	1,500	1,500	1,500	1,500	1,500
DI	278	Senior Bioinformática, por hora	2,000	2,000	2,000	2,000	2,000	2,000	2,000	2,000
DI	279	Junior Bioinformática, por hora	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
DVDI	280	Consultoría en gestión y transferencia de tecnología, por hora	107	248	334					
SERVICIOS DE ENSEÑANZA										
DED	281	Actividad académica en virtual/línea, de 1 hora a 5 horas (cuota alumno)	0	69	224	259	345			
DED	282	Actividad académica en virtual/línea, de 6 hora a 10 horas (cuota alumno)	0	127	413	476	635			
DED	283	Actividad académica en virtual/línea, de 11 hora a 15 horas (cuota alumno)	0	168	546	630	840			
DED	284	Actividad académica en virtual/línea, de 16 hora a 21 horas (cuota alumno)	0	209	679	783	1,044			
DED	285	Actividad académica en virtual/línea, de 20 hora a 30 horas (cuota alumno)	0	291	944	1,090	1,453			
DED	286	Actividad académica en virtual/línea, de 31 hora a 40 horas (cuota alumno)	0	372	1,210	1,397	1,862			
DED	287	Actividad académica presencial costo por día	0	94	304	351	468			
CID	288	Recuperación de artículos de revistas suscritas por el CID	0	0	3	3	3			
CID	289	Impresión de Información (por página)	0	1	1	1	1			
CID	290	Fotocopiado (por página)	0	2	2	2	2			