

Services (Servicios)	Detalle del Análisis (Analysis Detail)	Tarifas 2017 (Fees)		
		Tarifa CBMSO	Tarifa Pública	Tarifa Privada
Protein and Peptide Molecular Weight Analysis (synthetic peptides, natural peptides, recombinant protein...)				
"Molecular weight analysis by MS-MALDI TOF" (Includes: clean up and data analysis)	Análisis Peso Molecular de péptidos y proteínas mediante MALDI TOF-MS	33	50	66
Protein Identification by MS				
"Peptide Mass Fingerprinting (MS-MALDI-TOF) " (Includes: digestion, clean up and data analysis)	Digestión +Desalado+Análisis MALDI TOF-MS+Búsqueda en bases de datos	52	79	106
"Low Resolution, short gradient"	Digestión+Desalado+LTQ-VELOS - Muestras de baja complejidad - con fragmentación de todos los péptidos (DE) o monitorización de masas (modo SMIM) + búsqueda en BD	99	159	230
"Low Resolution, medium gradient"	Digestión+Desalado+LTQ-VELOS - Muestras de complejidad media - con fragmentación de todos los péptidos (DE) o monitorización de masas (modo SMIM) + búsqueda en BD	136	205	273
"Low Resolution, long gradient"	Digestión+Desalado+LTQ-VELOS- Muestras de complejidad alta - con fragmentación de todos los péptidos (DE) o monitorización de masas (modo SMIM) + búsqueda en BD	181	273	363
"High Resolution, short gradient"	Digestión+Desalado+LTQ-ORBITRAP-VELOS-PRO: Muestras de baja complejidad, alta sensibilidad, fragmentación mediante DE y/o SMIM, búsqueda BD.	129	194	260
"High Resolution, medium gradient"	Digestión+Desalado+LTQ-ORBITRAP-VELOS-PRO: Muestras de complejidad media, alta sensibilidad, fragmentación mediante DE y/o SMIM, búsqueda BD.	176	265	353
"High Resolution, long gradient"	Digestión+Desalado+LTQ-ORBITRAP-VELOS-PRO: Muestras de complejidad alta, alta sensibilidad, fragmentación mediante DE y/o SMIM, búsqueda BD.	271	408	543
Protein Characterization (Analysis of protein modifications such as phosphorylation, methylation, acetylation, disulfide bridges)				
Small scale Protein Characterization	Digestión+Desalado+LTQ-ORBITRAP-VELOS-PRO: Muestras de baja complejidad, alta sensibilidad, fragmentación mediante DE y/o SMIM, análisis con distintos softwares y confirmación manual.	144	217	290
Large scale Protein Characterization	Digestión+Fraccionamiento+LTQ-ORBITRAP-VELOS-PRO: Muestras de alta complejidad, alta sensibilidad, fragmentación mediante DE y/o SMIM, análisis con distintos softwares.	consultar		
De Novo Sequencing (proteins/peptides not present in the reference database)				
Small scale Protein Identification by "de novo" peptide sequencing	Digestión+Desalado+LTQ-ORBITRAP-VELOS-PRO: Muestras de baja complejidad, alta sensibilidad, análisis con distintos softwares y confirmación manual.	159	240	320
Large scale Protein Identification by "de novo" peptide sequencing	Digestión+Fraccionamiento+LTQ-ORBITRAP-VELOS-PRO: Muestras de alta complejidad, alta sensibilidad, análisis con distintos softwares.	consultar		
Protein Quantification				
Protein Quantification LC-MSMS (label-free)	Digestión+desalado+LTQ-ORBITRAP-VELOS-PRO de 3 réplicas/condición, análisis de datos con distintos softwares.	consultar		
Protein Quantification LC-MSMS (iTRAQ 8 plex)	Digestión+desalado+marcaje+fraccionamiento+LTQ-ORBITRAP-VELOS-PRO, análisis de datos con distintos softwares.	consultar		
Electrophoresis				
1D Electrophoresis				
"SDS-PAGE minigel"	Minigel SDS-PAGE	20	30	40
"SDS-PAGE"	Gel SDS-PAGE 14 x 16 cm	30	45	60
Staining				
"Colloidal Coomassie Minigel Staining"	Tinción de minigel coomassie coloidal	10	15	20
"Colloidal Coomassie Gel Staining"	Tinción de gel coomassie coloidal	20	30	40
"Fluorescence Staining SYPRO Ruby minigel"	Tinción de minigel con sypro ruby	30	45	60
"Fluorescence Staining SYPRO Ruby"	Tinción de gel con sypro ruby	50	75	100
Sample Preparation				
"Desalting and concentration by Zip-Tip, Omix, Oasis"	Desalado de muestra (hasta 2µg de proteína)	12	18	25
	Desalado de muestra (de 2µg a 6µg de proteína)	14	21	28
"Acetone sample precipitation"	Precipitación de muestra con acetona	10	15	20
"Protein quantification by Bradford"	Medida de proteínas mediante el método Bradford	10	15	20
"Phosphopeptide enrichment"	Enriquecimiento de fosfopéptidos a partir de proteomas	45	68	90
"Fractionation using reverse phase spin columns (basic ph)"	Fraccionamiento de muestras complejas mediante columnas de fase reversa a ph básico	35	53	70
Other Services				
Scanning	No Fluorescente		8	16
	Adquisición de imagen-Typhoon		40	80