

Entgeltliste

der Core Facility Genomics

der Medizinischen Fakultät

vom 13.06.2019

Das Dekanat der Medizinischen Fakultät hat aufgrund von § 10 Abs. 1 der Betriebs- und Entgeltordnung vom 01.06.2017 in seiner Sitzung am 22.05.2019 folgende Entgeltliste für die Nutzung der Core Facility Genomics der Medizinischen Fakultät (CF Genomics) erlassen.

§ 1 Entgelte

Die Gebühren setzen sich zusammen aus den Kosten der für die Analyse notwendigen Materialien sowie einem Serviceentgelt, welches sich durch die projektspezifischen Betriebskosten begründet.

1. Verbrauchsmaterialien

Bei den Verbrauchsmaterialien wird lediglich der Selbstkostenpreis der Reagenzien / Microarrays / Flowcells in Rechnung gestellt. Reagenzien und Microarrays werden i.d.R. erst nach der obligatorischen Qualitätskontrolle der Nukleinsäuren mittels Bioanalyser Messung bestellt, für die Verbrauchsmaterialien in Rechnung gestellt werden.

Die Kosten für Microarrays sind in erster Linie vom verwendeten Array-Typ abhängig, der in Rücksprache mit dem Nutzer gewählt wird. Wesentlich für die Auswahl ist die Frage, ob die Daten mit vorherigen Daten oder öffentlich zugänglichen Daten verglichen werden sollen. In diesem Fall muss der gleiche Array-Typ verwendet werden.

Die Kosten für Sequenzierungsanalysen hängen in erster Linie von der gewünschten Sequenziertiefe, der Art der Sequenzierung und der Kapazität des eingesetzten Gerätes ab. Jeder Lauf generiert eine gewisse Anzahl von Reads, wobei die Kosten hierfür fix und unabhängig von der Anzahl der Proben sind. Aus diesem Grund müssen die Kosten für jedes Sequenzierungsprojekt individuell berechnet werden.

Eine Kontrolle der präzipitierten DNA für ChIP-Seq Analysen obliegt dem Nutzer.

2. Nutzungsentgelt Sequenzierung/Microarrays

2.1 Experimentelle Durchführung

Das Nutzungsentgelt für Sequenzierungs-/Microarray-Projekte wird mit Ausnahme von Mikrobiom- und ChIP-Seq-Projekten pro Sample berechnet. Für letztere erfolgt die Berechnung nach Sequenzierlane/Datenoutput. Da sich der Datenoutput pro Lane zwischen den Plattformen unterscheidet, variiert das Entgelt entsprechend.

	Universität Ulm	Externe Akademische Institutionen (Vollkosten nach VwV)	Industrie (Vollkosten/ Overhead nach EU-Beihilferecht)
Affymetrix Microarray	40€	60€	84€
Genomsequenzierung	20€	30€	42€
Exomsequenzierung	35€	53€	74€
Targetpanel	15€	23€	32€
RNA-Seq	35€	53€	74€
RNA-Seq mit Amplifikation	55€	83€	116€
ChIP-Seq pro Lane HiSeq	100€	150€	210€
ChIP-Seq pro Lane NextSeq	200€	300€	420€
Mikrobiom pro Lane HiSeq	100€	150€	210€
Mikrobiom pro Lane NextSeq	200€	300€	420€

Für nicht aufgeführte Sequenzierarten erfolgt eine separate Angebotserstellung.

2.2 Datenauswertung Microarrays

	Universität Ulm	Externe Akademische Institutionen (Vollkosten nach VwV)	Industrie (Vollkosten/ Overhead nach EU-Beihilferecht)
Liste differentiell regulierter Gene/miRNAs	Inklusive	Inklusive	Inklusive
GO-Analyse	Inklusive	Inklusive	Inklusive
Sonstige Analysen (GSEA, Gridding von Proteom- Arrays u.a.)	50€ / h	75€ / h	105€ / h

Das Nutzungsentgelt für reine Datenauswertungen wird pro angefangene Stunde berechnet.

2.3 Scanning von externen Microarrays

Universität Ulm	Externe Akademische Institutionen (Vollkosten nach VwV)	Industrie (Vollkosten/ Overhead nach EU-Beihilferecht)
10€ / Array	15€ / Array	21€ / Array

Die Entgelte für externe Nutzer verstehen sich zuzüglich gesetzlicher Mehrwertsteuer.

§ 2 Inkrafttreten

Die Entgeltliste tritt am Tag nach der Veröffentlichung in den amtlichen Bekanntmachungen der Universität Ulm in Kraft. Gleichzeitig tritt die Entgeltliste der Core Facility Genomics der Medizinischen Fakultät vom 14.01.2013 (Amtliche Bekanntmachungen Nr. 16 vom 11.06.2013) außer Kraft.

Ulm, den 13.06.2019

gez.

Prof. Dr. Thomas Wirth (Dekan)