

Procedimiento Estándar de Operación  
Laboratorio de Genómica de la RAI

**Procedimiento para la secuenciación de nueva generación (*Next-generation sequencing*) en HiSeq2500 modo *high output***

Control de emisión			
		Elaboró	Revisó
	Nombre		
	Fecha		
	Firma		

Introducción: Este documento describe el procedimiento de secuenciación en el Laboratorio de Genómica (LG) usando el equipo HiSeq 2500 con el modo *high output*.

Objetivo: Secuenciación en el instrumento Hiseq 2500 de la plataforma Illumina con el modo *high output*.

Responsabilidad: Usuario (cliente), técnico de LG de la RAI y soporte de tecnologías de la información.

Protocolo:

1. La muestra se registrará en el sistema de registro y seguimiento de muestras (SCSM) de acuerdo al identificador asignado y a su fecha de recepción.
2. El técnico del LG será el encargado de ingresar el registro, asignar un **código de barras** y generar una **etiqueta** a cada una de las muestras para facilitar su identificación en cuanto a ubicación física y estatus. Esto se hará a través del SCSM, en donde se incluirá la **fecha de recepción** y **nombre** de quien recibe; además el sistema generará un **número de orden** que será parte del expediente de cada uno de los servicios.

## Procedimiento Estándar de Operación Laboratorio de Genómica de la RAI

3. La opción *high output* está diseñada para secuenciar aproximadamente 4 genomas humanos en una sola corrida.
4. Las muestras que requieran esta opción serán procesadas previamente en el equipo automático cBot Illumina el cual construirá los *clusters* de genes a partir de una muestra de DNA.
5. El técnico del LG reportará al usuario en caso de existir algún problema evidente relacionado con las muestras.
6. Terminada la construcción de los *clusters* en el cBot las muestras se transferirán al equipo HiSeq 2500 para su secuenciación, para lo cual se utilizará una celda de flujo (*flow cell*) tipo *high output* que cuenta con 8 líneas.
7. Al terminar el proceso de secuenciación, el usuario podrá descargar los datos generados por el equipo HiSeq 2500 directamente a partir de la nube de Illumina *BaseSpace*, o bien serán almacenados en el Servidor de Cómputo del LG para que la UBBBC realice el análisis que corresponda.
8. Los datos analizados por la UBBBC podrán copiarse/descargarse directamente del Servidor de Almacenamiento de la RAI y/o entregarse al usuario en un dispositivo portátil (disco duro, usb, etc.) (ver el Manual de Operación de la UBBBC).