

Procedimiento Estándar de Operación
Laboratorio de Genómica de la RAI

Procedimiento para la secuenciación de nueva generación (*Next-generation sequencing*) en el equipo HiSeq2500 con el modo *rapid run*

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 ***rapid run***.

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

Responsabilidad: Investigador, técnico del 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 su 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 estado del seguimiento. 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. El técnico del LG reportará al investigador en caso de existir algún problema evidente relacionado con las muestras.
4. Las muestras procesadas con la opción *rapid run* del equipo HiSeq 2500 serán procesadas directamente en el equipo HiSeq 2500; pues no requieren la construcción de *clusters* (grupos) antes de su secuenciación.
5. Las bibliotecas se construirán siguiendo los protocolos Illumina para la generación de bibliotecas de secuenciación HiSeq 2500; posteriormente serán secuenciadas en el equipo. Este proceso requerirá de una celda de flujo (*flow cell*) de dos líneas, o de dos celdas en caso de operación dual. En el caso de genomas grandes (humanos, animales, vegetales, etc.), el equipo demorará algunos días pues el número de ciclos de secuenciación es mayor.
6. En caso de que los datos requieran ser analizados en la Unidad de Bioinformática, Bioestadística y Biología Computacional (UBBBC) de la RAI, el técnico del LG solicitará un **Ticket de Servicio** en la página de servicios internos de la UBBBC, con el objeto de recibir un formato digital que deberá llenar con la información del *SampleSheet* y de las características de la secuenciación.
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).