

DADOS DO SOLICITANTE

Nome e Apelidos:	
Centro Solicitante:	
Unidade/Departamento:	
Telefone:	Email:

Nº DE PROPOSTA

Nº DE PROJETO

TIPO DE AMOSTRA

<input type="checkbox"/> DNA	<input type="checkbox"/> FFPE
<input type="checkbox"/> RNA Total	<input type="checkbox"/> Sangue EDTA
<input type="checkbox"/> Biblioteca	<input type="checkbox"/> Tecido Congelado
<input type="checkbox"/> Outros (especificar): _____	

INFORMAÇÃO DO PROJETO

Breve descrição do projeto	
Tipo de estudo	<input type="checkbox"/> Germinal <input type="checkbox"/> Somático (indicar celularidade tumoral: _____ %)
Número de amostras a analisar	
Organismo de origem das amostras a estudo	<input type="checkbox"/> Humano <input type="checkbox"/> Murino <input type="checkbox"/> Outros (indicar espécie): _____

TIPO DE SERVIÇO SOLICITADO

• Sequenciação:

Genoma (WGS) 30X

Exoma (WES) Sure Select

- | | | | |
|---|---------------------------------------|--|---|
| <input type="checkbox"/> All Exome V6 (60 Mb) | <input type="checkbox"/> 4-5Gb (~50X) | <input type="checkbox"/> 8-10Gb (~100X) | <input type="checkbox"/> 18-20 Gb (~200X) |
| <input type="checkbox"/> V6 + COSMIC (66 Mb) | <input type="checkbox"/> 5-6Gb (~50X) | <input type="checkbox"/> 9-10Gb (~100X) | <input type="checkbox"/> 20-21 Gb (~200X) |
| <input type="checkbox"/> V6 + UTR (91 Mb) | <input type="checkbox"/> 6-7Gb (~50X) | <input type="checkbox"/> 12-14Gb (~100X) | <input type="checkbox"/> 26-28Gb (~200X) |

*Os valores de profundidade (X) são orientativos, já que está afetado por muitos fatores próprios da amostra de origem

Transcriptoma (RNA-seq)

- Tipo de RNA-seq PolyA (mRNA)* Total* (Ribo-Zero, mRNA y lncRNA)
- Milhões de leituras por amostra 30M 50M 100M Outros: _____

*requer RIN>7

*indicado para RNA degradado

Bibliotecas em Flow Cell Completa

- Kit de construção de Biblioteca: _____
- Tamanho médio Biblioteca: _____ Output por amostra (Gb): _____
- Kit de index: _____ Nucleótidos _____ Single-Index Dual-Index

NovaSeq 6000

- Tipo de Flow Cell SP¹ (1.300–1.600M PE) S1² (2.600–3.200M PE) S2³ (6.600–8.200M PE) S4⁴ (16.000–20.000M PE)
- Longitude de leituras 1x100bp 2x50 bp 2x100bp 2x150 bp 2x250 bp*

*só disponível para a Flow Cell SP

MiniSeq

- MID-output (14–16 M PE) 2x150bp
- HIGH-output (44–50 M PE) 1x75bp 1x150bp 2x75 bp 2x150bp

Amplicões e Genomas pequenos

- Tamanho (Kb): _____ • Output por amostra (Gb): _____

• Array CGH (Agilent)

- Stem Cells 180K Leukemia

TIPO DE ANÁLISE BIOINFORMÁTICA SOLICITADO

Genoma de referência GRCh37/hg19 GRCh38/hg38 Outros (indicar): _____

- Tabela de anotação Tabela de grupos CNVs
- Assessoramento Bioinformático Tabela germinal vs somático

RNA-seq: Bioinformática (Alinhamento + Expressão) Expressão Diferencial (preencher questionário específico)

INFORMAÇÃO DAS AMOSTRAS

Junta-se documento em anexo com tabela para completar com os dados das amostras, requerem-se pelo menos os códigos das amostras e sua origem (sangue, tecido fresco, tumoral, parafina, etc.)

CONDIÇÕES DE ENVIO DAS AMOSTRAS

DNAg ou RNA Total:

O material de partida é DNA genómico ou RNA total (tratado com DNase) obtido de sangue periférico, tecido fresco, congelado, tecidos incluídos em blocos de parafina (FFPE), saliva, linhas celulares, etc. A quantidade de DNA ou RNA mínima necessária depende do serviço solicitado, do projeto de investigação e do tipo e qualidade das amostras (consultar com imasd@nimgenetics.com). O DNAg pode ser enviado à temperatura ambiente (18-25°C), já o envio de RNA total tem que ser feito em gelo seco, em contentor isolado, num prazo máximo de 18 horas.

Médula óssea ou sangue periférico:

3-5 ml em tubo de EDTA. Envio a temperatura ambiente, num prazo máximo de 48 horas desde a obtenção da amostra. NÃO CONGELAR.

Tecidos incluídos em parafina:

- Bloco de parafina de tecidos fixados com formaldeído. Se necessário, marcar a região tumoral no bloco e incluir um relatório e/ou uma lamina do estudo anatomopatológico realizado. Nos casos em que só se disponha de blocos, consultar o laboratório.
- Cortes de parafina de tecidos fixados com formaldeído. Contactar o laboratório para definir o número e espessura dos cortes recomendado para cada aproximação. Recomenda-se incluir um relatório do estudo anatomopatológico realizado ou em sua falta, indicar o tipo de tumor, o sexo do paciente e a percentagem de tecido tumoral da amostra enviada.

Envio a temperatura ambiente (18-25°C). Evitar a exposição dos blocos ou cortes a altas temperaturas, utilizando contentores refrigerados nos meses de verão. Não se poderá realizar o estudo em casos de amostra tumoral insuficiente em bloco/corte remittido ou em casos onde o processamento e/ou fixação não preserve a qualidade da amostra.

Tecido fresco congelado:

25-50 mg (5-10 mm³) de tecido congelado em tubos tipo Eppendorf de 2mL com fundo redondo e armazenado a -20°C. O envio realiza-se em gelo seco, em contentor isolado, num prazo máximo de 18 horas.

MORADA PARA O ENVIO DE AMOSTRAS

Pode ver as condições gerais da recolha de amostras na nossa web: www.nimgenetics.com

NIMGenetics
Parque Científico de Madrid
c/ Faraday, 7 Campus Cantoblanco 28049 Madrid
Contactos:
Cláudio Carvalho +351 93 234 8032
Andreia Ferreira +351 96 402 3333

Estamos à sua disposição em imasd@nimgenetics.com

DADOS DE FATURAÇÃO E FORMA DE PAGAMENTO

Entidade:	NIF/NIPC:
Morada:	Assinaturas autorizada
Pessoa autorizada:	
Email:	

DADOS BANCÁRIOS NIMGenetics

Caixa Geral de Depósitos
Nº de CC - IBAN: PT50 0035 0325 00012679430 70
Titular da conta: NIMGENETICS, Portugal Lda.