

**DATOS DEL PETICIONARIO**

Nombre y Apellidos:	
Centro Solicitante:	
Unidad/Departamento:	
Teléfono:	Email:

N.º DE PRESUPUESTO

N.º PROYECTO INT.



**TIPO DE MUESTRA**

<input type="checkbox"/> DNA	<input type="checkbox"/> FFPE
<input type="checkbox"/> RNA Total	<input type="checkbox"/> Sangre EDTA
<input type="checkbox"/> Librería	<input type="checkbox"/> Tejido Congelado
<input type="checkbox"/> Otros (especificar): _____	

**INFORMACIÓN DEL PROYECTO**

Número de muestras:	
Breve descripción del proyecto:	
Tipo de estudio	<input type="checkbox"/> Germinal <input type="checkbox"/> Somático (indicar celularidad tumoral: _____ %)
Organismo de origen de las muestras a estudio	<input type="checkbox"/> Humano <input type="checkbox"/> Murino <input type="checkbox"/> Otros (indicar especie): _____

**TIPO DE SERVICIO SOLICITADO**

**Genoma (WGS)** Raw output \_\_\_\_Gb / Profundidad\* \_\_\_\_\_       **Metiloma (WGBS)** Raw output \_\_\_\_Gb / Profundidad\* \_\_\_\_\_

**Exoma (WES)**

<input type="checkbox"/> All Exome V6	<input type="checkbox"/> 8-10 Gb (~100x*)	<input type="checkbox"/> 18-20Gb (~200x*)
<input type="checkbox"/> Twist	<input type="checkbox"/> 3-4 Gb (~100x*)	<input type="checkbox"/> 7-8Gb (~200x*)
<input type="checkbox"/> Otro	Indicar panel de captura _____ Raw output ____Gb / Profundidad* _____	

\*Los valores de profundidad (x) son orientativos, ya que está afectado por muchos factores propios de la muestra de origen y del rendimiento de secuenciación

**Transcriptoma (RNA-seq)**

• Tipo de RNA-seq	<input type="checkbox"/> PolyA (mRNA)	<input type="checkbox"/> Total	<input type="checkbox"/> Micro/small
• Millones de lectura por muestra	<input type="checkbox"/> 30M	<input type="checkbox"/> 50M	<input type="checkbox"/> 100M <input type="checkbox"/> Otros: _____

**Librerías**

• Kit de construcción de librería: \_\_\_\_\_

• Tamaño medio librería (pico) : \_\_\_\_\_ Output por pool (Gb): \_\_\_\_\_

• Kit de index: \_\_\_\_\_       Single-Index     Dual-Index

**NovaSeq® 6000**

• Tipo de Flow Cell:  SP     S2     XP-2-lane

S1     S4     XP-4-lane

• Longitud lecturas: \_\_\_\_\_

**MiniSeq®**

• Tipo de Flow Cell  Mid-Output

High-Output

• Longitud lecturas: \_\_\_\_\_

**Secuenciación Sanger**

• Se envían primers:  Sí

No

• Longitud lectura: \_\_\_\_\_

**Array CGH (Agilent)**

Stem Cells     180K     Leukemia     STR     Otro: \_\_\_\_\_

**Genoma Óptico**

120X     400X

**Single - Cell**

• Target cell recovery: \_\_\_\_\_

• Número de lecturas/célula: \_\_\_\_\_

• Tipo de librería:  3' Gene expresión profile

Fixed RNA profile

**DEL (DNA-Encoded Libraries)**

• Especificaciones: \_\_\_\_\_

• Análisis Tagfinder:  Sí

No

**ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO** (marcar todos los archivos solicitados)

**Genoma de referencia:**  GRCh37/hg19     GRCh38/hg38     Otro: \_\_\_\_\_

**Exomas y Genomas:**  FastQ     Alineamiento     Calling germinal     Calling somático     Calling germinal vs somático     Anotación     CNVs

Otro: \_\_\_\_\_

**Transcriptomas:**  FastQ     Alineamiento y Tabla de conteo     Análisis expresión diferencial

## INFORMACIÓN DE LAS MUESTRAS

Se adjunta documento anexo con tabla a cumplimentar con los datos de las muestras, requiriéndose al menos los códigos de las muestras y su origen (sangre, tejido fresco, tumoral, parafina, etc.)

## CONDICIONES DE ENVÍO DE LAS MUESTRAS

**DNAg o RNA Total:** El material de partida es DNA genómico o RNA total (tratado con DNasa) obtenido de sangre periférica, tejido fresco congelado, tejidos incluidos en bloques de parafina (FFPE), saliva, líneas celulares, etc. La cantidad de DNA o RNA mínima necesaria depende del servicio solicitado, del proyecto de investigación y del tipo y calidad de las muestras (consultar con [imasd@nimgenetics.com](mailto:imasd@nimgenetics.com)). Para el servicio de RNA-seq polyA se requiere muestras con un calor de RIN de al menos 7. El DNAg puede enviarse a temperatura ambiente (18-25°C), mientras que el envío de RNA tiene que realizarse en hielo seco, en contenedor aislado y en un plazo máximo de 24 horas.

**Médula ósea o sangre periférica:** 3 - 5 ml en tubo de EDTA o Heparina según servicio solicitado (consultar con [imasd@nimgenetics.com](mailto:imasd@nimgenetics.com)). Envío a temperatura ambiente o refrigerada (según servicio) en un plazo máximo de 24 horas desde la obtención de la muestra. **NO CONGELAR.**

### Tejidos incluidos en parafina:

- Bloque de parafina de tejidos fijados con formaldehído. Se precisa marcar en el bloque la región tumoral e incluir un informe y/o un cristal del estudio anatomopatológico realizado. En aquellos casos en los que sólo se disponga de bloques, consultar en [imasd@nimgenetics.com](mailto:imasd@nimgenetics.com).
- Cortes de parafina de tejidos fijados con formaldehído. Contactar con el laboratorio para definir el número y grosor de los cortes recomendado para cada aproximación. Se recomienda incluir un informe del estudio anatomopatológico realizado o en su defecto indicar el tipo de tumor, el género del paciente y el porcentaje de tejido tumoral de la muestra enviada.

Envío a temperatura ambiente (18-25°C). Evitar la exposición de los bloques o cortes a situaciones de alta temperatura utilizando contenedores refrigerados en los meses de verano. No se podrá realizar el estudio en aquellos casos con muestra tumoral insuficiente en el bloque/corte remitido o en aquellos casos donde el procesamiento y/o fijación no preserve la calidad de la muestra.

**Tejido fresco congelado:** 25-50 mg (5-10 mm<sup>3</sup>) de tejido congelado en tubos tipo Eppendorf y almacenado a -20°C. El envío se realiza en hielo seco, en contenedor aislado, en un plazo máximo de 24 horas.

**Single - cell:** Para protocolos de 3' *Gene expression profile* se requiere una suspensión celular libre de *debris* y *doublets*. La viabilidad celular debe ser de al menos un 80% con un recuento de células viables en un rango entre 700 a 1200 células/ $\mu$ l. La concentración máxima no debe superar las 2000 células/ $\mu$ l. Se requieren al menos un volumen de suspensión celular de 100 $\mu$ l (10 $\mu$ l para QC y dos intentos de carga el chip). El buffer recomendado para la suspensión celular es PBS/0.5% BSA. EL buffer debe estar libre de EDTA y Mg<sup>++</sup>, así como de DNasa, para que sea compatible con el ensayo de single-cell. Se pueden revisar los protocolos desde este enlace: [10X cell preparation guide](#). El envío de muestras se debe realizar con hielo (4°C). Para más detalles y requerimientos de células fijadas contactar con [imasd@nimgenetics.com](mailto:imasd@nimgenetics.com)

## ENVÍO DE MUESTRAS

NIMGenetics

Avda. Isla Graciosa, 3 Pta. baja

San Sebastián de los Reyes

28703 Madrid

Tel. +34 91 037 83 54

M. +34 663 89 08 23

## DEVOLUCIÓN DE MUESTRAS

NIMGenetics procederá a la **destrucción** de las muestras biológicas transcurridos 6 meses desde la fecha de envío de datos al cliente.

¿Desea que las muestras sean devueltas al laboratorio de origen una vez finalizado el servicio?:

NO

SÍ

El coste del envío de muestras al laboratorio de origen será asumido por el solicitante.

## DATOS DE FACTURACIÓN Y FORMA DE PAGO

Entidad:	NIF/CIF:
Dirección:	Firma autorizada
Persona autorizada:	
Email:	

## DATOS BANCARIOS NIMGenetics

Banco Santander

N.º de CC - IBAN: ES53 0075 0436 7206 0013 4861

Titular de la cuenta: NIMGENETICS, S.L.