## SOLICITUD SERVICIO

## secuenciación masiva (pGM-ION TORRENT)

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Fecha:** \_\_\_/\_\_\_/\_\_\_\_\_ | | Nº entrada:  (A rellenar por la PG) |
| **Solicitante** | | |
| Responsable del proyecto: |  | |
| Código proyecto: |  | |
| Usuarios: |  | |
| Departamento/Entidad: |  | |
| Teléfono/Fax: |  | |
| C.I.F./ N.I.F.: |  | |
| Dirección postal completa: |  | |
| Correo electrónico: |  | |
| **Servicios solicitados** | | |
| Tipo de muestras: | ❑ ADN ❑ AND parafina ❑ ARN | |
| Aplicación: | ❑ AmpliSeq ❑ Genoma (Amplicón) ❑ RNAseq | |
| Nombre del panel: |  | |
| Nº de muestras: |  | |
| Nº amplicones: |  | |
| Tamaño amplicones: |  | |
| Tamaño genoma: |  | |
| Secuencia referencia: |  | |
| Proyecto en que se encuadra (Título y código): |  | |
| Observaciones: |  | |

* El solicitante se compromete a mencionar la utilización de los equipos del Centro en las publicaciones a que dieran lugar los trabajos desarrollados.
* El servicio de la PG se compromete a destruir el remanente de muestras biológicas en el plazo de una semana o devolvérselas al usuario si así lo solicita.
* El servicio de la PG no se hará responsable de ningún soporte o muestra sin identificar.
* Requisitos de las muestras para la aplicación AmpliSeq:
  + Cantidad mínima de muestra: 100ng
  + Calidad: DNA: Abs 260/280 ≥ 1,8 260/230 ≥ 2

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | Código Muestras | Parafina Sí/No | Volumen | Concentración | Absorbancia | |
| ng/µl | 260/280 | 260/230 |
| 1 |  |  |  |  |  |  |
| 2 |  |  |  |  |  |  |
| 3 |  |  |  |  |  |  |
| 4 |  |  |  |  |  |  |
| 5 |  |  |  |  |  |  |
| 6 |  |  |  |  |  |  |
| 7 |  |  |  |  |  |  |
| 8 |  |  |  |  |  |  |
| 9 |  |  |  |  |  |  |
| 10 |  |  |  |  |  |  |
| 11 |  |  |  |  |  |  |
| 12 |  |  |  |  |  |  |