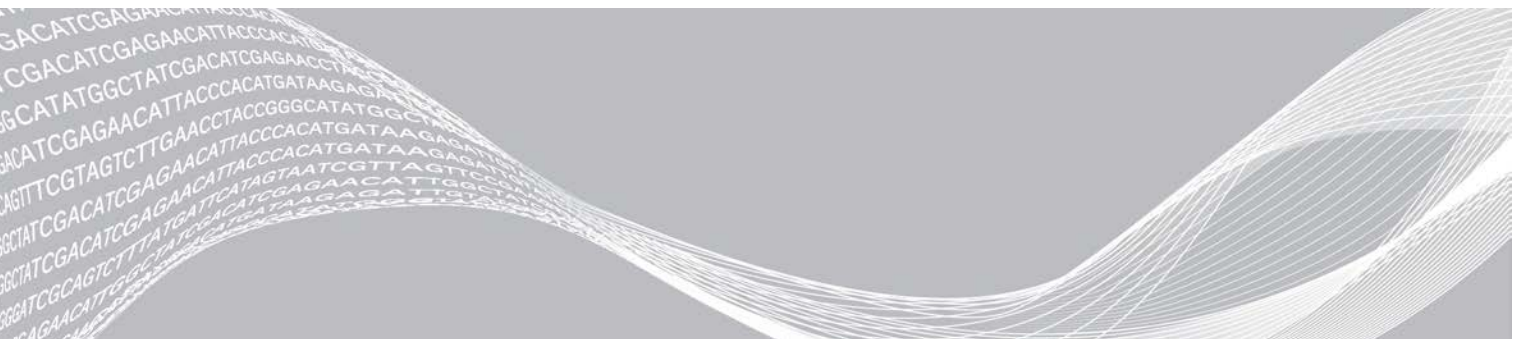


# NextSeq 550

## Guía del sistema



Este documento y su contenido son propiedad de Illumina, Inc. y sus afiliados ("Illumina") y están previstos solamente para el uso contractual de sus clientes en conexión con el uso de los productos descritos en él y no para ningún otro fin. Este documento y su contenido no se utilizarán ni distribuirán con ningún otro fin ni tampoco se comunicarán, divulgarán ni reproducirán en ninguna otra forma sin el consentimiento previo por escrito de Illumina. Illumina no transfiere mediante este documento ninguna licencia bajo sus derechos de patente, marca comercial, copyright ni derechos de autor o similares derechos de terceros.

Para asegurar el uso correcto y seguro de los productos descritos en este documento, el personal cualificado y adecuadamente capacitado debe seguir las instrucciones incluidas en este de manera rigurosa y expresa. Se debe leer y entender completamente todo el contenido de este documento antes de usar estos productos.

SI NO SE LEE COMPLETAMENTE EL DOCUMENTO Y NO SE SIGUEN EXPRESAMENTE TODAS LAS INSTRUCCIONES DESCRITAS EN ESTE, PODRÍAN PRODUCIRSE DAÑOS EN EL PRODUCTO, LESIONES PERSONALES, INCLUIDOS LOS USUARIOS U OTRAS PERSONAS Y DAÑOS EN OTROS BIENES Y QUEDARÁ ANULADA TODA GARANTÍA APLICABLE AL PRODUCTO.

ILLUMINA NO ASUME RESPONSABILIDAD ALGUNA DERIVADA DEL USO INCORRECTO DE LOS PRODUCTOS AQUÍ DESCRITOS (INCLUIDAS LAS PIEZAS O EL SOFTWARE).

© 2018 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados.

Todas las marcas comerciales pertenecen a Illumina, Inc. o a sus respectivos propietarios. Para obtener información específica sobre las marcas comerciales, consulte [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).

## Historial de revisiones

Documento	Fecha	Descripción del cambio
N.º de material 20006831 N.º de documento 15069765 v05	Diciembre de 2018	<p>Se han actualizado las descripciones de software, pantallas y flujo de trabajo del software de control de NextSeq (NCS) 4.0.</p> <p>Se ha actualizado la siguiente información adicional de NCS 4.0.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Se ha añadido información sobre el software Local Run Manager.</li> <li>• Se ha actualizado la información de BaseSpace a BaseSpace Sequence Hub. Ya no están disponibles la ficha BaseSpace Prep (Preparación de BaseSpace) ni BaseSpace Onsite.</li> <li>• Se han añadido instrucciones sobre la selección de Local Run Manager o el modo de experimento manual. El modo Manual sustituye al modo independiente, con algunas modificaciones.</li> <li>• Se ha añadido la opción para comprobar si existen actualizaciones de software en BaseSpace Sequence Hub.</li> <li>• Se ha añadido información sobre Local Run Manager, Universal Copy Service (Servicio de copia universal) y el controlador de Direct Memory Access (Acceso directo a memoria, DMA) a la descripción del paquete System Suite. Se han eliminado BaseSpace Broker y Sequencing Analysis Viewer (SAV).</li> <li>• La función Run Copy Service (Servicio de copia de experimento) es ahora Universal Copy Service (Servicio de copia universal).</li> <li>• Se ha añadido la opción de habilitar fórmulas personalizadas al cargar el cartucho de reactivos.</li> <li>• Se ha eliminado la descripción de la imagen de celda de flujo al supervisar el progreso del experimento.</li> <li>• Se ha eliminado la opción de selección de inicio para los modos de pantalla completa y Windows.</li> <li>• Se ha añadido MethylationEPIC v1.0 como un tipo de BeadChip compatible.</li> <li>• Se han añadido instrucciones de mantenimiento de instrumentos con un filtro de aire.</li> <li>• Se han añadido nuevos iconos para indicar atención e información, así como para minimizar NCS.</li> <li>• Se han actualizado las instrucciones para la personalización de la configuración de experimentos y del sistema.</li> <li>• Se ha actualizado la opción de envío de datos de rendimiento del instrumento.</li> <li>• Se han actualizado los iconos de transferencia de datos.</li> <li>• Se ha aclarado que, para la adquisición de imágenes, los archivos en la cola de transferencia no tienen límite de tiempo.</li> <li>• Se han corregido las referencias a BSM a Buffer Straw Mechanism en la información de comprobaciones de movimiento.</li> <li>• Se ha añadido información sobre el vencimiento de la contraseña de Windows de seis meses.</li> </ul> <p>Se han añadido el reactivo, metanol de grado espectrofotométrico o alcohol isopropílico (99 %) para el mantenimiento del instrumento.</p>

Documento	Fecha	Descripción del cambio
N.º de material 20006831 N.º de documento 15069765 v04	Mayo de 2018	Se ha añadido compatibilidad con reactivos del sistema NextSeq v2.5. Se ha actualizado la información de almacenamiento y envío de las celdas de flujo de los kits de reactivos de NextSeq v2.5, indicando que se envían a temperatura ambiente. Para las celdas de flujo de NextSeq v2.5 se siguen manteniendo las condiciones de almacenamiento previas. Se ha añadido información sobre los kits de reactivos de NextSeq v2.5, para los que hace falta actualizar el software a la versión 2.2. Se ha añadido una nota relativa a la concentración de carga del kit de rendimiento medio. Se ha añadido una nota relativa al almacenamiento de las celdas de flujo. Se ha añadido una nota con la recomendación de que se usen celdas de flujo de rendimiento elevado para comprobaciones del sistema.
N.º de material 20006831 N.º de documento 15069765 v03	Marzo de 2018	Eliminación del nombre de usuario y la contraseña predeterminados necesarios para iniciar sesión en el sistema operativo. Ilumina recomienda utilizar credenciales específicas del centro. Adición de información relativa al servicio de supervisión proactiva de Ilumina en la sección de selección de configuración de BaseSpace. Actualización de referencias al software RTA v2 a RTA2.
N.º de material 20006831 N.º de documento 15069765 v02	Marzo de 2016	Incorporación de la sección Consideraciones sobre el indexado. Eliminación de pasos para inspeccionar la celda de flujo. Especificación de la concentración y el volumen de carga en el paso de Carga de bibliotecas en el cartucho de reactivo.
N.º de material 20001843 N.º de documento 15069765 v01	Octubre de 2015	Especificación de que un equivalente del proveedor recomendado de NaOCl es un equivalente de laboratorio. Adición de una recomendación para el servicio de mantenimiento preventivo anual. Reorganización de la información de los capítulos Descripción general y Primeros pasos. Incorporación de instrucciones para la personalización de la configuración del sistema. Eliminación de las instrucciones de Live Help del capítulo de solución de problemas. Esta función se ha eliminado del software de control.
N.º de referencia 15069765, rev. B	Mayo de 2015	Corrección de la descripción de los depósitos reservados en el cartucho de reactivo.
N.º de referencia 15069765, rev. A	Mayo de 2015	Publicación inicial.

# Contenido

<b>Capítulo 1 Descripción general</b> .....	<b>1</b>
Introducción .....	1
Recursos adicionales .....	2
NextSeq 550Dx en modo RUO .....	2
Componentes del instrumento .....	3
Descripción general de los consumibles de secuenciación .....	7
<b>Capítulo 2 Primeros pasos</b> .....	<b>11</b>
Puesta en servicio del instrumento .....	11
Personalizar la configuración del sistema .....	12
Personalización de la configuración del experimento .....	13
Consumibles y equipos suministrados por el usuario .....	14
<b>Capítulo 3 Secuenciación</b> .....	<b>16</b>
Introducción .....	16
Flujo de trabajo de secuenciación .....	17
Creación de un experimento con el software Local Run Manager .....	18
Creación de un experimento con NCS .....	18
Preparación del cartucho de reactivo .....	18
Preparación de la celda de flujo .....	19
Preparación de bibliotecas para la secuenciación .....	20
Configuración de un experimento de secuenciación .....	21
Supervisión del progreso del experimento .....	27
Lavado automático posterior al experimento .....	29
<b>Capítulo 4 Lectura</b> .....	<b>31</b>
Introducción .....	31
Flujo de trabajo de lectura .....	32
Descarga de la carpeta DMAP .....	32
Carga del BeadChip en el adaptador .....	33
Configuración de una lectura .....	34
Supervisión del progreso de lectura .....	36
<b>Capítulo 5 Mantenimiento</b> .....	<b>38</b>
Introducción .....	38
Realización de un lavado manual .....	38
Sustitución del filtro de aire .....	41
Actualizaciones de software .....	42
Apagado del instrumento .....	44
<b>Apéndice A Solución de problemas</b> .....	<b>45</b>
Introducción .....	45
Archivos de solución de problemas .....	45

Solución de errores de la comprobación automática .....	47
Contenedor de reactivos usados lleno .....	50
Flujo de trabajo de la rehibridación .....	50
Errores de lectura y BeadChip .....	52
Fórmulas personalizadas y carpetas de fórmulas .....	54
Comprobación del sistema .....	54
Mensaje de error de RAID .....	56
Configuración de ajustes del sistema .....	57
<b>Apéndice B Análisis en tiempo real .....</b>	<b>60</b>
Descripción general de Análisis en tiempo real .....	60
Flujo de trabajo del análisis en tiempo real .....	61
<b>Apéndice C Archivos y carpetas de resultados .....</b>	<b>65</b>
Archivos de resultados de secuenciación .....	65
Estructura de carpetas de resultados de secuenciación .....	69
Archivos de resultados de lectura .....	70
Estructura de carpetas de resultados de lectura .....	70
<b>Apéndice D Consideraciones sobre el modo de investigación del</b>	
<b>NextSeq 550Dx .....</b>	<b>71</b>
Introducción .....	71
Compatibilidad de los consumibles de NextSeq 550Dx .....	71
Inicio del instrumento NextSeq 550Dx .....	72
Indicadores de modo del instrumento NextSeq 550Dx .....	73
Opciones de reinicio y apagado del NextSeq 550Dx .....	73
<b>Índice alfabético .....</b>	<b>75</b>
<b>Asistencia técnica .....</b>	<b>79</b>

# Capítulo 1 Descripción general

Introducción .....	1
Recursos adicionales .....	2
NextSeq 550Dx en modo RUO .....	2
Componentes del instrumento .....	3
Descripción general de los consumibles de secuenciación .....	7

## Introducción

El sistema NextSeq™ 550 de Illumina® es una solución única que proporciona una transición perfecta entre la secuenciación de rendimiento elevado y la lectura de matrices.

## Características de la secuenciación

- ▶ **Secuenciación de rendimiento elevado:** NextSeq 550 permite realizar secuenciaciones de exomas, genomas completos y transcriptomas y admite bibliotecas TruSeq™, TruSight™ y Nextera™.
- ▶ **Tipos de celdas de flujo:** las celdas de flujo están disponibles en configuraciones que permiten un rendimiento elevado y medio. Cada tipo de celda de flujo se suministra en un kit con un cartucho de reactivo precargado compatible.
- ▶ **Análisis en tiempo real (RTA):** el software de análisis integrado lleva a cabo un análisis de datos integrado en el instrumento, que incluye el análisis de imágenes y las llamadas de bases. NextSeq utiliza una implementación de RTA llamada RTA v2, que incluye diferencias importantes en materia de arquitectura y funciones. Para obtener más información, consulte *Análisis en tiempo real en la página 60*.
- ▶ **Análisis basado en la nube con BaseSpace™ Sequence Hub:** el flujo de trabajo de secuenciación se encuentra integrado en BaseSpace Sequence Hub, el entorno informático basado en la nube de Illumina para la supervisión de experimentos, el análisis de datos y la colaboración. En el curso del experimento, los archivos de resultados se envían en tiempo real a BaseSpace Sequence Hub para su análisis.
- ▶ **Análisis de datos integrado en el instrumento:** el software Local Run Manager analiza los datos del experimento de acuerdo con el módulo de análisis especificado para el experimento.

## Características de la lectura de matrices

- ▶ **Lectura de matrices integrada en software de control:** NextSeq 550 permite realizar una transición entre la lectura de matrices y la secuenciación de rendimiento elevado en el mismo instrumento y con el mismo software de control.
- ▶ **Capacidad de adquisición de imágenes ampliada:** el sistema de adquisición de imágenes de NextSeq 550 incorpora modificaciones de platina y de software que permiten adquirir imágenes de una superficie mayor para dar cabida a la lectura de BeadChip.
- ▶ **Tipos de BeadChip:** entre los tipos de BeadChip compatibles, se encuentran CytoSNP-12, CytoSNP-850K, Karyomap-12 y MethylationEPIC v1.0.
- ▶ **Adaptador de BeadChip:** gracias al adaptador reutilizable de BeadChip, cargar un BeadChip en el instrumento es muy sencillo.
- ▶ **Análisis de datos:** utilice el software BlueFuse® Multi para analizar los datos de matrices.

## Recursos adicionales

La documentación siguiente está disponible para su descarga en el sitio web de Illumina.

Recurso	Descripción
<i>Guía de preparación del centro para el sistema NextSeq (n.º de documento 15045113)</i>	Proporciona especificaciones para el espacio del laboratorio, los requisitos eléctricos y las consideraciones medioambientales.
<i>Guía de cumplimiento y seguridad del sistema NextSeq (n.º de documento 15046564)</i>	Proporciona información sobre las consideraciones de seguridad operativa, las declaraciones de cumplimiento y el etiquetado del instrumento.
<i>Guía del usuario del lector de RFID, n.º de modelo TR-001-44 (n.º de documento 15041950)</i>	Proporciona información sobre el lector de RFID del instrumento, las certificaciones de conformidad y las consideraciones de seguridad.
<i>Desnaturalización y dilución de bibliotecas para el sistema NextSeq (n.º de documento 15048776)</i>	Proporciona instrucciones para la desnaturalización y dilución de bibliotecas preparadas para un experimento de secuenciación y la preparación de un control PhiX opcional. Este paso se aplica a la mayoría de los tipos de bibliotecas.
<i>Guía de cebadores personalizados de NextSeq (n.º de documento 15057456)</i>	Proporciona información sobre el uso de cebadores de secuenciación personalizados en lugar de cebadores de secuenciación de Illumina.
<i>Ayuda de BaseSpace (help.basespace.illumina.com)</i>	Proporciona información sobre el uso de BaseSpace™ Sequence Hub y las opciones de análisis disponibles.
<i>Guía de referencia del instrumento NextSeq 550Dx (n.º de documento 100000009513)</i>	Proporciona una descripción general de los componentes y el software del instrumento, las instrucciones para realizar experimentos de secuenciación y los procedimientos para un mantenimiento y una resolución de problemas del NextSeq 550Dx.
<i>Guía del software Local Run Manager (n.º de documento 100000002702)</i>	Proporciona una descripción general del software Local Run Manager, así como las instrucciones para usarlo.

Visite la [página de asistencia de NextSeq 550](#) del sitio web de Illumina para acceder a la documentación, las descargas de software, la formación en línea y las preguntas frecuentes.

## NextSeq 550Dx en modo RUO

Las instrucciones de esta guía también se aplican al instrumento NextSeq 550Dx cuando está en modo de investigación con la última versión del software del instrumento RUO. Para ver un resumen de las excepciones y otras consideraciones, consulte *Consideraciones sobre el modo de investigación del NextSeq 550Dx* en la [página 71](#).



## Componentes del instrumento

El sistema NextSeq 550 cuenta con un monitor con pantalla táctil, una barra de estado y cuatro compartimentos.

Figura 1 Componentes del instrumento



- A **Monitor con pantalla táctil:** permite la configuración integrada en el instrumento y el ajuste mediante el uso de la interfaz del software de control.
- B **Barra de estado:** indica el estado del instrumento, es decir, si está en funcionamiento (azul), si requiere asistencia (naranja), si está listo para la secuenciación (verde) o si se debe realizar un lavado en las próximas 24 horas (amarillo).
- C **Compartimento de tampones:** alberga el cartucho de tampones y el contenedor de reactivos usados.
- D **Compartimento de reactivos:** alberga el cartucho de reactivo.
- E **Botón de encendido/apagado:** enciende el instrumento y apaga o enciende el ordenador del instrumento.
- F **Compartimento de adquisición de imágenes:** alberga la celda de flujo para la secuenciación o el adaptador de BeadChip para la lectura.
- G **Compartimento del filtro de aire:** alberga el filtro de aire en el caso de que el instrumento lo incluya. Acceda al filtro desde la parte posterior del instrumento.

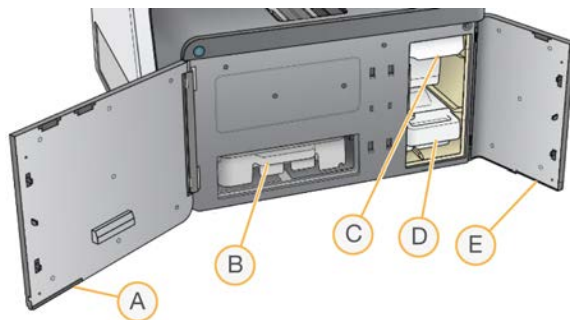
## Compartimento de adquisición de imágenes

En el compartimento de adquisición de imágenes, se encuentra la platina, que consta de tres pasadores de alineación para posicionar la celda de flujo para la secuenciación o el adaptador de BeadChips para la lectura. Una vez cargada la celda de flujo o el adaptador de BeadChip, la puerta del compartimento de adquisición imágenes se cierra de forma automática y desplaza los componentes hasta su sitio.

## Compartimentos de reactivos y tampones

La configuración de un experimento de secuenciación en NextSeq 550 requiere acceso al compartimento de reactivos y al compartimento de tampones para efectuar la carga de los consumibles del experimento y el vaciado del contenedor de reactivos usados.

**Figura 2** Compartimentos de reactivos y tampones



- A **Puerta del compartimento de reactivos:** cierra el compartimento de reactivos con un cierre situado debajo de la esquina inferior derecha de la puerta. El compartimento de reactivos alberga el cartucho de reactivo. Los reactivos se bombean y pasan por los dispensadores y el sistema de fluidica y, a continuación, van a la celda de flujo.
- B **Cartucho de reactivo:** el cartucho de reactivo es un consumible precargado de un solo uso.
- C **Cartucho de tampones:** el cartucho de tampones es un consumible precargado de un solo uso.
- D **Contenedor de reactivos usados:** los reactivos usados se recogen para su desecho después de cada experimento.
- E **Puerta del compartimento de tampones:** cierra el compartimento de tampones con un cierre situado debajo de la esquina inferior izquierda de la puerta.

## Compartimento del filtro de aire

En los instrumentos que lo incluyen, el filtro se aloja en el compartimento del filtro de aire. El compartimento se encuentra en la parte trasera del instrumento. Sustituya el filtro de aire cada 90 días. Para obtener información sobre la sustitución del filtro, consulte [Sustitución del filtro de aire en la página 41](#).

## Software del NextSeq

El software del instrumento cuenta con aplicaciones integradas que efectúan experimentos de secuenciación o lecturas de matrices.







- ▶ **Software de control de NextSeq (NCS):** controla el funcionamiento del instrumento y le guía por los pasos de configuración de un experimento de secuenciación o una lectura de matrices.
  - ▶ El software está preinstalado en el NextSeq y se ejecuta integrado en el instrumento. El NCS lleva a cabo el experimento teniendo en cuenta los parámetros que se especifican en el módulo del software Local Run Manager o en NCS.
  - ▶ Antes de comenzar el experimento de secuenciación, seleccione un experimento que haya creado con el módulo de Local Run Manager o en NCS. La interfaz del software NCS le guía en los pasos de carga de la celda de flujo y los reactivos.
  - ▶ Durante el experimento, el software pone en funcionamiento la platina de la celda de flujo, dispensa reactivos, controla la fluidica, establece las temperaturas, captura imágenes de los grupos de la celda de flujo y ofrece un resumen visual de las estadísticas de calidad. Puede supervisar el experimento en NCS o en Local Run Manager.

- ▶ Durante el experimento, que puede supervisar en NCS o en Local Run Manager, NCS realiza las siguientes funciones.
  - ▶ Pone en funcionamiento la platina de la celda de flujo
  - ▶ Dispensa los reactivos
  - ▶ Controla la fluídica
  - ▶ Establece las temperaturas
  - ▶ Captura imágenes de los grupos de la celda de flujo
  - ▶ Ofrece un resumen visual de las estadísticas de calidad.
- ▶ **Software de Local Run Manager:** solución de software integrada para crear un experimento y analizar los resultados (análisis secundario). El software también realiza un seguimiento de la muestra y puede controlar los permisos de los usuarios.
- ▶ **Software de análisis en tiempo real (RTA):** en el caso de los experimentos de secuenciación, RTA realiza análisis de imágenes y llamadas de bases durante el experimento. El sistema NextSeq 550 utiliza RTA v2, que incluye diferencias importantes de arquitectura y de funciones con respecto a versiones anteriores. Para obtener más información, consulte [Análisis en tiempo real en la página 60](#).
- ▶ **Servicio de copia universal:** copia los archivos de resultados de secuenciación de la carpeta de experimentos a la carpeta de resultados y a BaseSpace Sequence Hub (si corresponde), donde puede acceder a ellos.

El Análisis en tiempo real (RTA) y el Servicio de copia universal solo ejecutan procesos en segundo plano.

## Iconos de estado


Un icono de estado situado en la esquina superior derecha de la pantalla de interfaz del software de control indica cualquier cambio de condiciones durante la configuración del experimento o durante el experimento.

Icono de estado	Nombre de estado	Descripción
	Estado correcto	El sistema está normal.
	Procesando	El sistema está procesando.
	Advertencia	Se ha producido una advertencia. Las advertencias no detienen un experimento ni requieren una acción antes de continuar.
	Error	Se ha producido un error. Los errores precisan una acción antes de continuar con el experimento.
	Atención	Hay una notificación que precisa su atención. Consulte el mensaje para obtener más información.
	Información	Se trata solo de un mensaje informativo. No hace falta hacer nada más.

Cuando se produce un cambio en las condiciones, el icono parpadea para alertarle. Seleccione el icono para visualizar una descripción del estado. Seleccione **Acknowledge** (Aceptar) para aceptar el mensaje y **Close** (Cerrar) para cerrar el cuadro de diálogo.

## Icono de la barra de navegación

El icono de minimizar NCS se encuentra en la esquina superior derecha de la interfaz del software de control.

Icono de acceso	Nombre del icono	Descripción
	Minimizar NCS	Seleccione para minimizar NCS y acceder a las carpetas y aplicaciones de Windows.

## Botón de encendido

El botón de encendido que se encuentra en la parte delantera del sistema NextSeq enciende la alimentación del instrumento y de su ordenador. El botón de encendido lleva a cabo las siguientes acciones en función del estado de alimentación del instrumento.

Estado de alimentación	Acción
El instrumento está apagado	Pulse brevemente el botón para encender la alimentación.
El instrumento está encendido	Pulse brevemente el botón para apagar la alimentación. Aparece un cuadro de diálogo en la pantalla para confirmar un apagado normal del instrumento.
El instrumento está encendido	Mantenga pulsado el botón de encendido durante 10 segundos para provocar un apagado forzado del instrumento y su ordenador. Utilice este método para apagar el instrumento solo si no responde.



### NOTA

El apagado del instrumento durante un experimento de secuenciación finaliza el experimento de forma inmediata. La finalización de un experimento es definitiva. Los consumibles del experimento no se pueden reutilizar y los datos de secuenciación del experimento no se guardan.

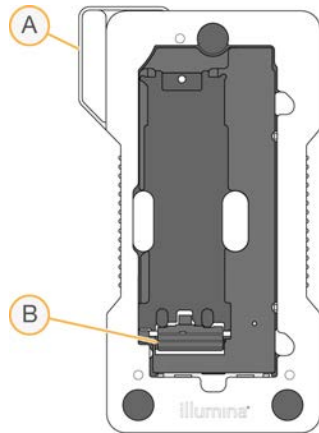
## Requisitos de contraseña de Windows

El sistema operativo requiere que se cambie la contraseña de Windows cada 180 días. Cuando se le pida, actualice su contraseña de Windows.

## Descripción general del adaptador reutilizable de BeadChips

El adaptador reutilizable de BeadChips alberga el BeadChip durante la lectura. El BeadChip se asegura en el estante insertado del adaptador con la pinza de retención. A continuación, el adaptador de BeadChip se carga sobre la platina en el compartimento de adquisición de imágenes.

**Figura 3** Adaptador reutilizable de BeadChips



- A Adaptador de BeadChips
- B Pinza de retención

## Descripción general de los consumibles de secuenciación

### Contenido y almacenamiento

Los consumibles de secuenciación necesarios para ejecutar el instrumento NextSeq se proporcionan por separado en un kit de un solo uso. Cada kit incluye una celda de flujo, un cartucho de reactivo, un cartucho de tampón y un tampón de dilución de bibliotecas. Cuando reciba un kit de NextSeq 500/550:

- ▶ No abra el embalaje de aluminio blanco de la celda de flujo hasta que se le indique.
- ▶ Almacene rápidamente los componentes a las temperaturas indicadas para garantizar un rendimiento adecuado.
- ▶ Almacene los cartuchos con las etiquetas de los embalajes orientadas hacia arriba.

Consumible	Cantidad	Temperatura de almacenamiento	Descripción
Cartucho de reactivo	1	Entre -25 y -15 °C	Contiene reactivos de secuenciación y generación de grupos
Cartucho de tampón	1	Entre 15 °C y 30 °C	Contiene solución de lavado y tampón
HT1	1	Entre -25 °C y -15 °C	Tampón de hibridación
Celda de flujo	1	Entre 2 °C y 8 °C*	Celda de flujo de un solo uso

\* Se envía a temperatura ambiente para los kits de reactivos de NextSeq v2.5.

Los reactivos son fotosensibles. Almacene el cartucho de reactivo y el cartucho de tampón en un lugar oscuro alejado de la luz.

La celda de flujo, el cartucho de reactivo y el cartucho de tampón utilizan la identificación por radiofrecuencia (RFID) para ofrecer precisión en la compatibilidad y el seguimiento de los consumibles.

Todos los demás kits incluyen cebadores de secuenciación de doble índice y NaOCl en el cartucho precargado. No se requieren pasos adicionales.





**PRECAUCIÓN**

Para los kits de reactivos de NextSeq v2.5 hace falta usar NCS v2.2 o una versión superior. Asegúrese de que han finalizado las actualizaciones de software antes de preparar las muestras y los consumibles.

**Compatibilidad y etiquetado del kit**

Los componentes del kit están marcados con indicadores codificados por colores que indican la compatibilidad entre las celdas de flujo y los cartuchos de reactivo. Utilice siempre una celda de flujo y un cartucho de reactivo compatibles. El cartucho de tampones es universal.

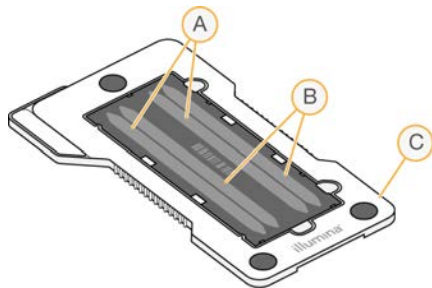
Todas las celdas de flujo y los cartuchos de reactivo vienen marcados con **High** (Alto) o **Mid** (Medio). Compruebe siempre la etiqueta cuando prepare los consumibles para un experimento.

Tipo de kit	Marcado de la etiqueta
Componentes del kit de rendimiento elevado	
Componentes del kit de rendimiento medio	

Hay consideraciones adicionales de compatibilidad para los instrumentos NextSeq 550Dx en modo de investigación. Consulte la sección *Compatibilidad de los consumibles de NextSeq 550Dx en la página 71*.

**Descripción general de la celda de flujo**

**Figura 4** Cartucho de la celda de flujo



- A Par de carriles A: Carriles uno y tres
- B Par de carriles B: Carriles dos y cuatro
- C Marco del cartucho de la celda de flujo

La celda de flujo es un sustrato elaborado con cristal en el que se generan grupos y se lleva a cabo la reacción de secuenciación. La celda de flujo está revestida por el cartucho de la celda de flujo.

La celda de flujo contiene cuatro carriles y la adquisición de imágenes se realiza de dos en dos.

- ▶ Las imágenes de los carriles uno y tres (par de carriles A) se adquieren al mismo tiempo.
- ▶ Las imágenes de los carriles dos y cuatro (par de carriles B) se adquieren tras finalizar la adquisición de imágenes del par de carriles A.

Aunque la celda de flujo tiene cuatro carriles, en la celda de flujo solo se secuencian una biblioteca o un conjunto de bibliotecas agrupadas. Las bibliotecas se cargan en el cartucho de reactivos en un único depósito y se transfieren automáticamente a la celda de flujo en los cuatro carriles.

Las imágenes de cada carril se adquieren en áreas de adquisición de imágenes pequeñas denominadas placas. Si desea obtener más información, consulte *Placas de la celda de flujo* en la página 66.

## Descripción general del cartucho de reactivo

El cartucho de reactivo es un consumible de un solo uso con seguimiento de RFID y depósitos con cierre metálico precargados con reactivos de generación de grupos y de secuenciación.

Figura 5 Cartucho de reactivo



El cartucho de reactivo incluye un depósito designado para la carga de bibliotecas preparadas. Una vez iniciado el experimento, las bibliotecas se transfieren de forma automática del depósito a la celda de flujo.

Varios depósitos se reservan para el lavado automático posterior al experimento. La solución de lavado se bombea desde el cartucho de tapón hasta los depósitos reservados a través del sistema y, posteriormente, hasta el contenedor de reactivos usados.

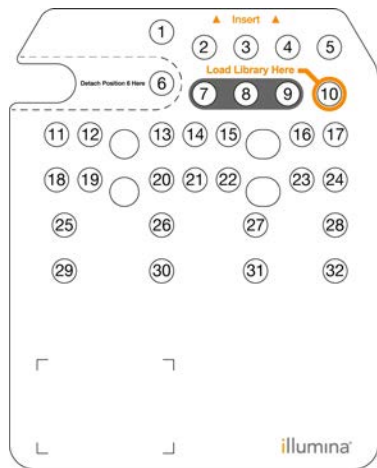


### ADVERTENCIA

Este conjunto de reactivos contiene sustancias químicas potencialmente peligrosas. Evite su inhalación, ingestión y el contacto con la piel o los ojos, puesto que puede provocar lesiones. Utilice un equipo de protección, incluidos gafas, guantes y batas de laboratorio adecuados para el riesgo de exposición. Manipule los reactivos utilizados como residuos químicos y deséchelos de conformidad con las normativas y leyes regionales, nacionales y locales aplicables. Para obtener más información sobre seguridad, salud y medioambiente, consulte la hoja de datos de seguridad en [support.illumina.com/sds.html](https://support.illumina.com/sds.html).

## Depósitos reservados

Figura 6 Depósitos numerados



Posición	Descripción
7, 8 y 9	Reservadas para cebadores personalizados opcionales
10	Carga de bibliotecas

Para obtener información sobre los cebadores personalizados, consulte la *Guía de cebadores personalizados de NextSeq* (n.º de documento 15057456).

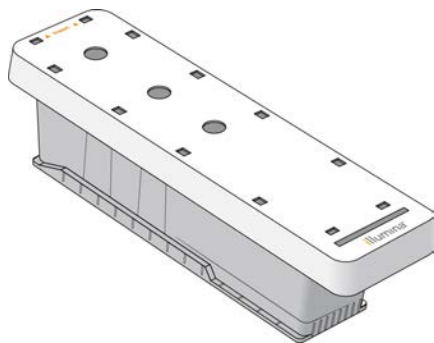
### Depósito extraíble de la posición n.º 6

El cartucho de reactivo precargado incluye un reactivo de desnaturalización en la posición 6 que contiene formamida. Para facilitar la eliminación segura de cualquier reactivo no utilizado tras el experimento de secuenciación, puede extraerse el depósito de la posición seis. Para obtener más información, consulte [Extracción del depósito usado de la posición n.º 6](#) en la página 26.

### Descripción general del cartucho de tampones

El cartucho de tampones es un consumible de un solo uso que contiene tres depósitos precargados con tampones y una solución de lavado. El contenido del cartucho de tampones es suficiente para efectuar la secuenciación de una celda de flujo.

Figura 7 Cartucho de tampón





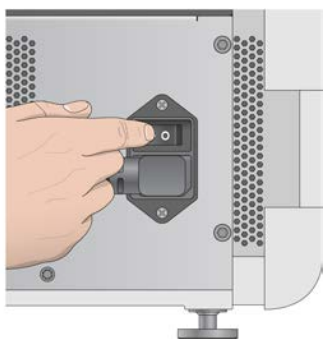
# Capítulo 2 Primeros pasos

Puesta en servicio del instrumento .....	11
Personalizar la configuración del sistema .....	12
Personalización de la configuración del experimento .....	13
Consumibles y equipos suministrados por el usuario .....	14

## Puesta en servicio del instrumento

Coloque el interruptor de encendido principal en la posición I (Encendido).

**Figura 8** Interruptor de alimentación situado en la parte trasera del instrumento



### NOTA

Para iniciar el instrumento NextSeq 550Dx en el modo de investigación, consulte *Inicio del instrumento NextSeq 550Dx en la página 72*.

- 1 Pulse el botón de encendido situado sobre el compartimento de reactivos. El botón de encendido enciende la alimentación del instrumento e inicia el ordenador y el software integrados en él.

**Figura 9** Botón de encendido situado en la parte delantera del instrumento



- 2 Espere hasta que el sistema operativo se haya cargado completamente. El software de control de NextSeq (NCS) se carga e inicializa el sistema automáticamente. Una vez finalizada la inicialización, se abre la pantalla Home (Inicio).
- 3 Si su sistema se ha configurado para solicitar credenciales de inicio de sesión, espere a que el sistema se cargue y, a continuación, inicie sesión en el sistema operativo. De ser necesario, póngase en contacto con el administrador de las instalaciones para conocer el nombre de usuario y la contraseña.

## Personalizar la configuración del sistema

El software de control incluye ajustes configurables del sistema para las siguientes opciones. Para cambiar los ajustes de la configuración de red, consulte la sección *Configuración de ajustes del sistema* en la página 57.

- ▶ Personalizar identificación del instrumento (avatar y alias)
- ▶ Establecer indicador de audio y opción de teclado
- ▶ Ajustar la opción Custom Recipes (Fórmulas personalizadas)
- ▶ Ajustar la comprobación de actualizaciones de software del instrumento desde BaseSpace Sequencing Hub
- ▶ Ajustar la opción Send Instrument Performance Data (Enviar datos de rendimiento del instrumento)

## Personalizar avatar y alias del instrumento

- 1 En la pantalla Home (Inicio), seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
- 2 Seleccione **System Customization** (Personalización del sistema).
- 3 Para asignar la imagen de avatar que desea para el instrumento, seleccione **Browse** (Examinar) y vaya a la imagen.
- 4 En el campo Nickname (Sobrenombre del instrumento), introduzca el nombre de instrumento deseado.
- 5 Seleccione **Save** (Guardar) para guardar los ajustes y avanzar a la siguiente pantalla. La imagen y el nombre aparecen en la esquina superior izquierda de cada pantalla.

## Establecer indicador de audio y opción de teclado

- 1 En la pantalla Home (Inicio), seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
- 2 Seleccione **System Customization** (Personalización del sistema).
- 3 Marque la casilla de verificación **Use on-screen keyboard** (Utilizar teclado en pantalla) para activar el teclado en pantalla e introducir datos en el instrumento.
- 4 Marque la casilla de verificación **Play audio** (Reproducir audio) para activar los indicadores de audio en las siguientes situaciones.
  - ▶ Al inicializar el instrumento
  - ▶ Al iniciar un experimento
  - ▶ Cuando se produzcan ciertos errores
  - ▶ Cuando sea necesaria la interacción del usuario
  - ▶ Cuando finalice un experimento
- 5 Seleccione **Save** (Guardar) para guardar los ajustes y avanzar a la siguiente pantalla.

## Ajustar la opción Custom Recipes (Fórmulas personalizadas)

- 1 En la pantalla Home (Inicio), seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
- 2 Seleccione **System Customization** (Personalización del sistema).
- 3 Seleccione la casilla de verificación **Enable Custom Recipes** (Habilitar fórmulas personalizadas) para permitir la selección de una fórmula personalizada al cargar el cartucho de reactivos. Para obtener más información, consulte *Fórmulas personalizadas y carpetas de fórmulas* en la página 54.
- 4 Seleccione **Save** (Guardar) para guardar los ajustes y avanzar a la siguiente pantalla.

## Ajustar la comprobación de actualizaciones de software del instrumento desde BaseSpace

- 1 En la pantalla Home (Inicio), seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
- 2 Seleccione **System Customization** (Personalización del sistema).
- 3 Seleccione la casilla de verificación **Automatically check for new software updates on BaseSpace** (Comprobar automáticamente si existen nuevas actualizaciones de software en BaseSpace) para activar las comprobaciones automáticas de actualizaciones de BaseSpace Sequence Hub.  
La búsqueda automática de actualizaciones se realiza cada 24 horas. Cuando esté disponible una actualización, se mostrará una notificación en los siguientes lugares.
  - ▶ En la pantalla Manage Instrument (Administrar instrumento), en el icono Software Update (Actualización de software).
  - ▶ En el botón Manage Instrument (Administrar instrumento) de la pantalla Home (Inicio).
- 4 Seleccione **Save** (Guardar) para guardar los ajustes y avanzar a la siguiente pantalla.

## Ajustar la opción Send Instrument Performance (Enviar datos de rendimiento del instrumento)

- 1 En la pantalla Home (Inicio), seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
- 2 Seleccione **System Customization** (Personalización del sistema).
- 3 Seleccione la opción **Send Instrument Performance Data to Illumina** (Enviar datos de rendimiento del instrumento a Illumina) para activar el servicio de supervisión proactiva de Illumina. El nombre del ajuste en la interfaz de software puede diferir del nombre que figura en esta guía, dependiendo de la versión del NCS que se esté utilizando.  
Con este ajuste activado, los datos del rendimiento del instrumento se envían a Illumina. Estos datos ayudan a Illumina a solucionar problemas de forma más sencilla y a detectar posibles fallos, lo que permite llevar a cabo tareas de mantenimiento proactivo y maximizar el tiempo de actividad del instrumento. Para obtener más información sobre las ventajas de este servicio, consulte la *nota técnica proactiva de Illumina* (n.º de documento 1000000052503).  
Tenga en cuenta lo siguiente en relación con este servicio:
  - ▶ No envía datos de secuenciación.
  - ▶ Requiere que el instrumento esté conectado a una red con acceso a Internet.
  - ▶ Está activado de manera predeterminada. Para desactivar este servicio, desactive el ajuste **Send Instrument Performance Data to Illumina** (Enviar datos de rendimiento del instrumento a Illumina).
- 4 Seleccione **Save** (Guardar) para guardar los ajustes y avanzar a la siguiente pantalla.

## Personalización de la configuración del experimento

El software de control incluye ajustes personalizables para establecer las preferencias de configuración del experimento y para la purga de reactivos no usados.

## Establecer opciones de configuración del experimento

- 1 En la pantalla Home (Inicio), seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
- 2 Seleccione **System Customization** (Personalización del sistema).

- 3 Seleccione la casilla de verificación **Use Advanced Load Consumables** (Utilizar consumibles de carga avanzada) para habilitar la opción de cargar todos los consumibles del experimento en una sola pantalla.
- 4 Seleccione la casilla de verificación **Skip Pre-Run Check Confirmation** (Omitir confirmación de comprobación previa al experimento) para iniciar automáticamente la secuenciación o lectura después de que se lleve a cabo correctamente una comprobación automática.
- 5 Seleccione **Save** (Guardar) para guardar los ajustes y salir de la pantalla.

## Establecimiento de la opción de purgado automático

- 1 En la pantalla Home (Inicio), seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
- 2 Seleccione **System Customization** (Personalización del sistema).
- 3 Seleccione la casilla de verificación **Purge Consumables at End of Run** (Purgar consumibles al final del experimento) para purgar los reactivos no usados del cartucho de reactivo y llevarlos al contenedor de reactivos usados de forma automática después de cada experimento.



### NOTA

El purgado automático de consumibles añade tiempo adicional al flujo de trabajo.

- 4 Seleccione **Save** (Guardar) para guardar los ajustes y salir de la pantalla.

## Consumibles y equipos suministrados por el usuario

En NextSeq 550, se emplean los consumibles y equipos siguientes.

### Consumibles suministrados por el usuario para los experimentos de secuenciación

Consumible	Proveedor	Finalidad
NaOH 1 N (hidróxido sódico)	Proveedor de laboratorio general	Desnaturalización de bibliotecas, dilución a 0,2 N
200 mM Tris-HCl, pH7	Proveedor de laboratorio general	Desnaturalización de bibliotecas
Paño humedecido en alcohol isopropílico al 70 % o en etanol al 70 %	WWR, n.º de catálogo 95041-714 (o equivalente) Proveedor de laboratorio general	Limpieza de la celda de flujo y fines generales
Toallita de laboratorio sin pelusa	WWR, n.º de catálogo 21905-026 (o equivalente)	Limpieza de la celda de flujo

## Consumibles suministrados por el usuario para el mantenimiento del instrumento

Consumible	Proveedor	Finalidad
NaOCl al 5 % (hipoclorito de sodio)	Sigma-Aldrich, n.º de catálogo 239305 (o equivalente de laboratorio)	Lavado del instrumento con el lavado manual posterior al experimento; diluido al 0,12 %
Tween 20	Sigma-Aldrich, n.º de catálogo P7949	Lavado del instrumento con las opciones de lavado manual; diluido al 0,05 %
Agua de laboratorio	Proveedor de laboratorio general	Lavado del instrumento (lavado manual)
Reactivo, metanol de grado espectrofotométrico o alcohol isopropílico (99 %), botella de 100 ml	Proveedor de laboratorio general	Limpieza periódica de los componentes de la óptica y soporte para el cartucho de limpieza
Filtro de aire	llumina, n.º de catálogo 20022240	Para instrumentos con filtro de aire. Limpieza del aire que el instrumento recibe para refrigerarse.

### Directrices para el agua de laboratorio

Utilice siempre agua de laboratorio o agua desionizada para llevar a cabo los procedimientos del instrumento. No utilice nunca agua corriente. Utilice solamente los siguientes tipos de agua o equivalentes:

- ▶ Agua desionizada
- ▶ Illumina PW1
- ▶ Agua de 18 Megaohmios (MΩ)
- ▶ Agua Milli-Q
- ▶ Agua Super-Q
- ▶ Agua de biología molecular

### Equipo proporcionado por el usuario

Elemento	Proveedor
Congelador, entre -25 °C y -15 °C, sin hielo	Proveedor de laboratorio general
Hielera	Proveedor de laboratorio general
Refrigerador, entre 2 °C y 8 °C	Proveedor de laboratorio general

# Capítulo 3 Secuenciación

Introducción .....	16
Flujo de trabajo de secuenciación .....	17
Creación de un experimento con el software Local Run Manager .....	18
Creación de un experimento con NCS .....	18
Preparación del cartucho de reactivo .....	18
Preparación de la celda de flujo .....	19
Preparación de bibliotecas para la secuenciación .....	20
Configuración de un experimento de secuenciación .....	21
Supervisión del progreso del experimento .....	27
Lavado automático posterior al experimento .....	29

## Introducción

Para realizar un experimento de secuenciación en NextSeq 550, prepare un cartucho de reactivos y una celda de flujo. A continuación, el software le preguntará por la configuración y se iniciará el experimento. La generación de grupos y la secuenciación se realizan en el instrumento. Tras el experimento, se inicia un lavado del instrumento de forma automática usando componentes cargados en él.

## Generación de grupos

Durante la generación de grupos, las moléculas individuales de ADN se unen a la superficie de la celda de flujo y, a continuación, se amplifican para formar grupos.

## Secuenciación

Las imágenes de los grupos se obtienen mediante el uso de procesos químicos de secuenciación de dos canales y combinaciones de filtro específicas para cada uno de los terminadores de cadena marcados con fluorescencia. Tras finalizar la adquisición de imágenes de una placa en la celda de flujo, se procede a la adquisición de imágenes de la placa siguiente. El proceso se repite para cada ciclo de secuenciación. Después del análisis de imágenes, el software ejecuta las llamadas de bases, el filtrado y la puntuación de calidad.

Supervise el progreso y las estadísticas del experimento en las siguientes ubicaciones.

- ▶ La interfaz de NCS
- ▶ BaseSpace Sequence Hub
- ▶ Local Run Manager
- ▶ Un ordenador en red que use el software Sequencing Analysis Viewer (SAV). Consulte [Sequencing Analysis Viewer](#) en la página 29.

## Análisis

A medida que el experimento avanza, el software de control transfiere de forma automática archivos de llamada de bases (BCL) a BaseSpace Sequence Hub, a Local Run Manager o a otra ubicación de salida especificada para el análisis secundario.

En función de la aplicación, hay varios métodos de análisis disponibles. Para obtener más información consulte la *ayuda de BaseSpace* ([help.basespace.illumina.com](http://help.basespace.illumina.com)) o la *Guía del software Local Run Manager* (n.º de documento 1000000002702).

## Duración del experimento de secuenciación

La duración del experimento de secuenciación depende del número de ciclos realizados. La longitud máxima del experimento es la de un experimento "paired-end" de 150 ciclos por cada lectura ( $2 \times 150$ ) y, en el caso de las lecturas de índices, de hasta ocho ciclos más por cada una de las dos lecturas.

Para obtener más información sobre las duraciones previstas y otras especificaciones del sistema, visite la [página de especificaciones de NextSeq 550](#) en el sitio web de Illumina.

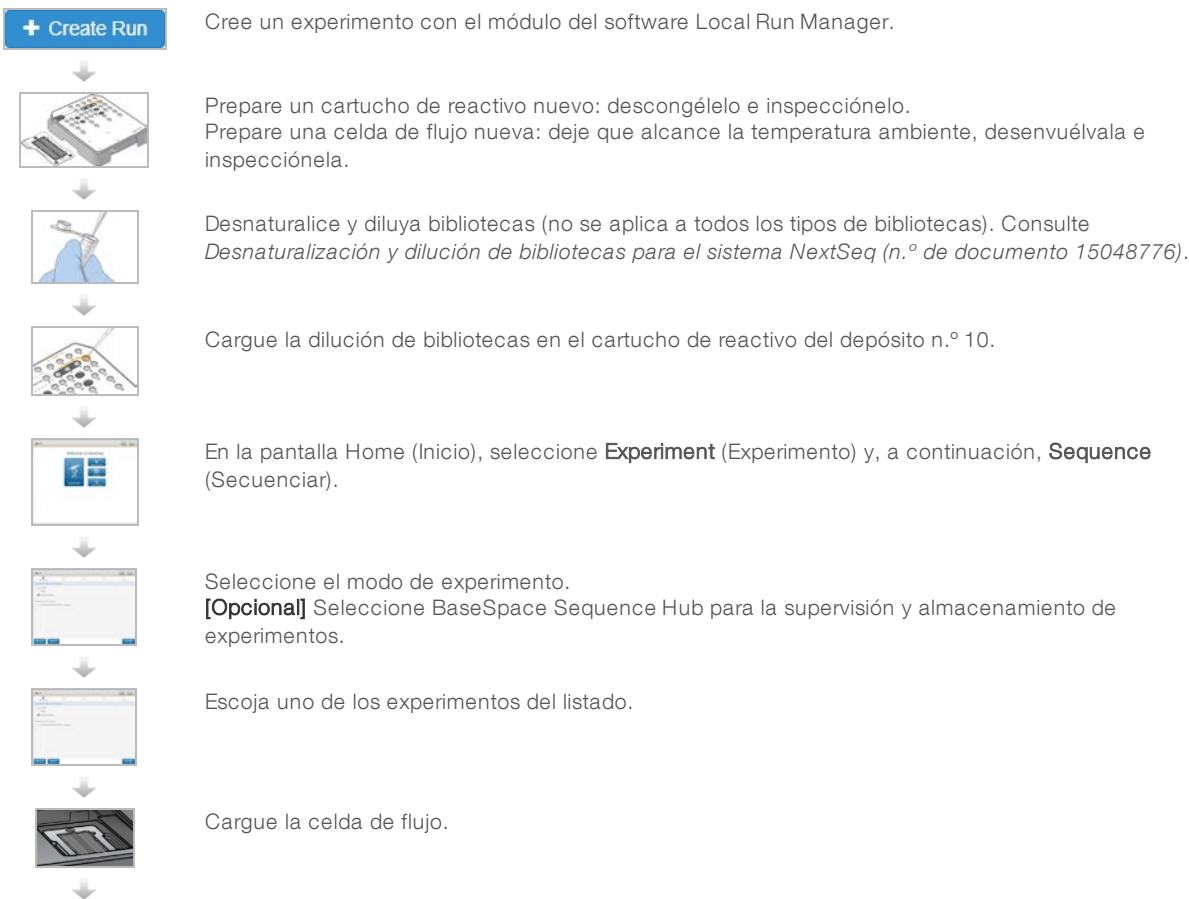
## Número de ciclos de una lectura

En un experimento de secuenciación, el número de ciclos realizados en una lectura es un ciclo más que el número de ciclos analizados. Por ejemplo, un experimento "paired-end" de 150 ciclos realiza dos lecturas de 151 ciclos ( $2 \times 151$ ) para un total de 302 ciclos. Al final del experimento, se habrán analizado  $2 \times 150$  ciclos. El ciclo adicional es necesario para los cálculos de hebra retrasada y hebra adelantada.

## Flujo de trabajo de secuenciación

Asegúrese de que se llevan a cabo todos los pasos del flujo de trabajo de NextSeq 550 en el orden especificado.

Este flujo de trabajo de secuenciación se aplica al modo de experimento Local Run Manager. Para crear un experimento sin usar el software Local Run Manager, use el modo de experimento Manual. Consulte [Creación de un experimento con NCS en la página 18](#).





Vacíe el contenedor de reactivos usados y vuelva a cargarlo.  
Cargue el cartucho de tampones y el cartucho de reactivo.



Revise los resultados de la comprobación previa al experimento. Seleccione **Start** (Iniciar).



Supervise el experimento desde Local Run Manager en la interfaz del software de control, o desde un ordenador en red mediante BaseSpace Sequence Hub o Sequencing Analysis Viewer.



El lavado del instrumento se inicia de forma automática tras finalizar la secuenciación.

## Creación de un experimento con el software Local Run Manager

El proceso de configuración de los parámetros de experimentos y análisis en Local Run Manager varía dependiendo del módulo de flujo de trabajo de análisis que se use. Consulte la guía del módulo Local Run Manager para obtener instrucciones específicas sobre cómo crear un experimento.

- 1 En la pantalla de inicio, seleccione **Edit Runs** (Editar experimentos).
- 2 Seleccione **Create Run** (Crear experimento) en el panel de Local Run Manager.
- 3 Introduzca un nombre de experimento y las muestras para el experimento y, si procede, importe los manifiestos.
- 4 Guarde el experimento y cierre la ventana del panel de Local Run Manager.

Para crear un experimento en NCS, sin usar el software Local Run Manager, use el modo de experimento Manual. Consulte *Creación de un experimento con NCS* en la página 18 y *Modos de experimento* en la página 21.

## Creación de un experimento con NCS

Si crea un experimento con NCS (modo de experimento manual), los parámetros de experimento y análisis se introducen justo antes de cargar la celda de flujo.

- 1 Revise los parámetros de experimento y análisis necesarios en *Introducción de los parámetros de experimento y análisis en NCS (modo de experimento Manual)* en la página 23.
- 2 Determine ahora los parámetros de experimento y análisis para que no haya retrasos cuando inicie el experimento de secuenciación.

## Preparación del cartucho de reactivo

- 1 Extraiga el cartucho de reactivo almacenado a una temperatura de entre  $-25^{\circ}\text{C}$  y  $-15^{\circ}\text{C}$ .
- 2 Introdúzcalo en un baño con agua a temperatura ambiente hasta que se descongele (aprox. 60 minutos). No sumerja el cartucho.



- 3 Golpéelo ligeramente sobre la mesa para sacar el agua de la base y, a continuación, seque la base.



#### NOTA

**[Método alternativo]** Descongele los reactivos durante toda la noche a una temperatura de 2 °C a 8 °C. Los reactivos necesitan un mínimo de 18 horas para descongelarse. A esta temperatura, los reactivos permanecen estables hasta una semana.

- 4 Invierta el cartucho cinco veces para mezclar los reactivos.
- 5 Inspeccione las posiciones 29, 30, 31 y 32 para asegurarse de que los reactivos estén descongelados.
- 6 Golpetee ligeramente en el banco para reducir las burbujas de aire.



#### ADVERTENCIA

Este conjunto de reactivos contiene sustancias químicas potencialmente peligrosas. Evite su inhalación, ingestión y el contacto con la piel o los ojos, puesto que puede provocar lesiones. Utilice un equipo de protección, incluidos gafas, guantes y batas de laboratorio adecuados para el riesgo de exposición. Manipule los reactivos utilizados como residuos químicos y deséchelos de conformidad con las normativas y leyes regionales, nacionales y locales aplicables. Para obtener más información sobre seguridad, salud y medioambiente, consulte la hoja de datos de seguridad en [support.illumina.com/sds.html](http://support.illumina.com/sds.html).

## Preparación de la celda de flujo

- 1 Extraiga un nuevo embalaje de celda de flujo de su almacenamiento a una temperatura de entre 2 °C y 8 °C.
- 2 Deje el paquete de la celda de flujo desenvuelto a temperatura ambiente durante 30 minutos.

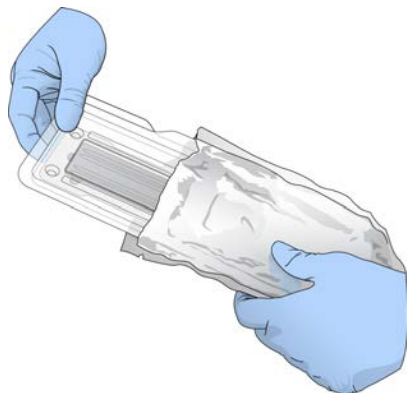


#### NOTA

Si el embalaje de aluminio está intacto, la celda de flujo puede permanecer a temperatura ambiente hasta 12 horas. Evite el enfriamiento y el calentamiento repetidos de la celda de flujo.

- 3 Extraiga la celda de flujo del embalaje de aluminio.

**Figura 10** Extracción del embalaje de aluminio



- 4 Abra el estuche de plástico transparente y extraiga la celda de flujo.

**Figura 11** Extracción del estuche



- 5 Limpie la superficie de cristal de la celda de flujo con un paño sin pelusa humedecido en alcohol. Seque el cristal con una toallita de laboratorio sin pelusa.

## Preparación de bibliotecas para la secuenciación

La concentración de carga y el volumen de las bibliotecas varían en función de la versión de NCS que esté utilizando.

Versión de software de control	Volumen de bibliotecas	Concentración de bibliotecas
NCS v1.3 o posterior	1,3 ml	1,8 pM
NCS v1.2 o anterior	3 ml	3 pM

## Desnaturalización y dilución de bibliotecas

Desnaturalice y diluya las bibliotecas con los siguientes volumen de carga y concentración de carga.

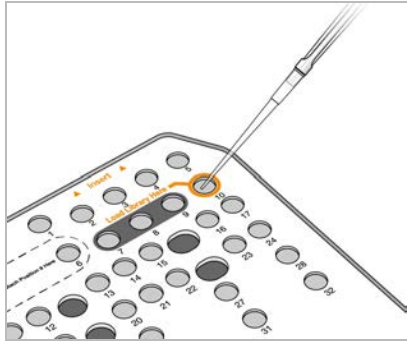
Tipo de kit	Volumen de carga	Concentración de carga
Rendimiento elevado	1,3 ml	1,8 pM
Rendimiento medio	1,3 ml	1,5 pM

En la práctica, la concentración de carga puede variar en función de los métodos de cuantificación y preparación de bibliotecas. Para obtener instrucciones, consulte la *Guía de bibliotecas de desnaturalización y dilución para el sistema NextSeq (n.º de documento 15048776)*.

## Carga de bibliotecas en el cartucho de reactivo

- 1 Limpie el sello metálico que cubre el depósito n.º 10 marcado como **Load Library Here** (Cargar biblioteca aquí) con una toallita sin pelusa.
- 2 Perfore el sello con una punta de pipeta de 1 ml limpia.
- 3 Cargue 1,3 ml de bibliotecas de 1,8 pM preparadas en el depósito n.º 10 marcado como **Load Library Here** (Cargar biblioteca aquí). Evite tocar el sello metálico cuando dispense las bibliotecas.

**Figura 12** Carga de bibliotecas



## Configuración de un experimento de secuenciación

- 1 En la pantalla Home (Inicio), seleccione **Experiment** (Experimento).
- 2 En la pantalla Select Assay (Seleccionar ensayo), seleccione **Sequence** (Secuenciar).  
El comando Sequence (Secuenciar) abre la puerta del compartimento de adquisición de imágenes, suelta los consumibles del experimento anterior y abre el conjunto de pantallas de configuración del experimento. Suele producirse un breve retraso.

## Modos de experimento

Al configurar un experimento de secuenciación, debe seleccionar uno de los siguientes modos de experimento para determinar dónde debe introducirse la información del experimento y cómo se analizarán los datos.

Modo de experimento	Información de experimento	Análisis de datos*
Local Run Manager	Introducir en Local Run Manager.	El software guarda los datos en la carpeta de resultados especificada para analizarlos de forma automática en Local Run Manager.
Manual	Introducir en NCS.	El software guarda los datos en una carpeta de resultados especificada para su posterior análisis fuera del instrumento.

\* Con fines analíticos, BaseSpace Sequence Hub puede asociarse con cualquiera de los dos modos de experimento. Cuando el modo de experimento es Local Run Manager y BaseSpace Sequence Hub está configurada, ambas aplicaciones analizan los datos.

Local Run Manager es el modo de experimento predeterminado y ofrece el flujo de trabajo más optimizado. Puede crear y guardar los experimentos en Local Run Manager. La información se enviará luego al software de control, donde podrá seleccionar un experimento y continuar con la configuración del experimento. Una vez que la secuenciación haya finalizado, Local Run Manager realiza automáticamente el análisis de los datos. No se requieren hojas de muestras ni aplicaciones de análisis independientes.



### NOTA

Local Run Manager no es una función del software de control. Se trata de un software integrado para registrar las muestras para secuenciar, especificar los parámetros del experimento y analizar los datos.

## BaseSpace Sequence Hub (Opcional)


Al configurar un experimento de secuenciación, debe seleccionar una de las siguientes opciones de BaseSpace Sequence Hub.

Opción	Descripción y requisitos
<b>Run Monitoring and Storage</b> (Almacenamiento y supervisión del experimento)	Envía archivos InterOp, archivos de registro y datos del experimento a BaseSpace Sequence Hub para su análisis y supervisión remotas. Hace falta una cuenta de BaseSpace Sequence Hub, una conexión a Internet y una hoja de muestras.
<b>Run Monitoring Only</b> (Solo supervisión del experimento)	Envía archivos InterOp y de registro a BaseSpace Sequence Hub para la supervisión remota del experimento. Esta opción es la predeterminada. Hace falta una cuenta de BaseSpace Sequence Hub y conexión a Internet.

## Selección del Modo de experimento y BaseSpace Sequencing Hub

- En la pantalla Run Setup (Configuración del experimento), seleccione uno de los siguientes modos de experimento.
  - ▶ Local Run Manager
  - ▶ Manual
- [Opcional]** Seleccione **Use BaseSpace Sequence Hub Setting** (Usar configuración de BaseSpace Sequence Hub) y, a continuación, una de las siguientes opciones.
  - ▶ Run Monitoring and Storage (Almacenamiento y supervisión del experimento)
  - ▶ Run Monitoring Only (Solo supervisión del experimento)
 Introduzca el nombre de usuario y la contraseña de BaseSpace Sequence Hub.
- Seleccione **Next** (Siguiente).

## Selección del experimento (modo de experimento Local Run Manager)

- Seleccione el nombre de un experimento en la lista de experimentos disponibles. Utilice las flechas arriba y abajo para desplazarse por la lista o introduzca un nombre de experimento en el campo Search (Buscar).
- Confirme los parámetros del experimento.
  - ▶ **Run Name** (Nombre del experimento): nombre del experimento asignado en Local Run Manager.
  - ▶ **Library ID** (ID de biblioteca): nombre de las bibliotecas agrupadas asignado en Local Run Manager.
  - ▶ **Recipe** (Fórmula): nombre de la fórmula, bien **NextSeq High** (Alto) o bien **NextSeq Mid** (Medio) en función del cartucho de reactivo utilizado en el experimento.
  - ▶ **Read Type** (Tipo de lectura): lectura única o "paired-end".
  - ▶ **Read Length** (Longitud de lectura): número de ciclos de cada lectura.
  - ▶ **[Opcional]** Cebadores personalizados, si corresponde.
- [Opcional]** Seleccione el icono **Editar**  para cambiar los parámetros del experimento. Cuando termine, seleccione **Save** (Guardar).
  - ▶ **Run parameters** (Parámetros del experimento): cambie el número de lecturas o el número de ciclos por lectura.
  - ▶ **Custom primers** (Cebadores personalizados): cambie la configuración de los cebadores personalizados. Para obtener más información, consulte la *Guía de cebadores personalizados de NextSeq* (n.º de documento 15057456).

- ▶ **Purge consumables for this run** (Purgar consumibles para este experimento): cambie el ajuste para purgar los consumibles de forma automática tras el experimento actual.

4 Seleccione **Next** (Siguiente).

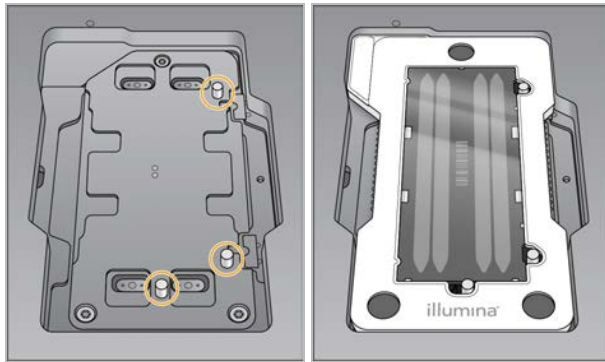
## Introducción de los parámetros de experimento y análisis en NCS (modo de experimento Manual)

- 1 Introduzca el nombre de experimento que desee.
- 2 **[Opcional]** Introduzca el Id. de biblioteca que desee.
- 3 En la lista desplegable Recipiente (Fórmula), seleccione una fórmula. Solo se muestran las fórmulas compatibles.
- 4 Seleccione un tipo de lectura, **Single Read** (Única) o **Paired End** ("Paired-end").
- 5 Introduzca el número de ciclos de cada lectura en el experimento de secuenciación.
  - ▶ **Read 1** (Lectura 1): introduzca un valor de, como máximo, 151 ciclos.
  - ▶ **Read 2** (Lectura 2): introduzca un valor de, como máximo, 151 ciclos. Este valor suele coincidir con el número de ciclos de la lectura 1.
  - ▶ **Index 1** (Índice 1): introduzca el número de ciclos necesario para el cebador del índice 1 (i7).
  - ▶ **Index 2** (Índice 2): introduzca el número de ciclos necesario para el cebador del índice 2 (i5).El software de control confirma las entradas con los criterios siguientes:
  - ▶ El número total de ciclos no supera el máximo número permitido de ciclos.
  - ▶ Los ciclos para la lectura 1 son superiores a los cinco ciclos utilizados para la generación de plantillas.
  - ▶ Los ciclos de la lectura del índice no superan los ciclos de la lectura 1 y la lectura 2.
- 6 **[Opcional]** Si utiliza cebadores personalizados, seleccione la casilla de verificación para los cebadores usados. Para obtener más información, consulte *Guía de cebadores personalizados de NextSeq (n.º de documento 15057456)*.
  - ▶ **Read 1** (Lectura 1): el cebador personalizado para la lectura 1.
  - ▶ **Read 2** (Lectura 2): el cebador personalizado para la lectura 2.
  - ▶ **Index 1** (Índice 1): el cebador personalizado para el índice 1.
  - ▶ **Index 2** (Índice 2): el cebador personalizado para el índice 2.
  - ▶ **Output folder location** (Ubicación de la carpeta de resultados): cambie la ubicación de la carpeta de resultados del experimento actual. Seleccione **Browse** (Examinar) para ir a una ubicación de red.
  - ▶ **[Opcional] Sample Sheet** (Hoja de muestras): Seleccione **Browse** (Examinar) para acceder a una hoja de muestras (opcional).
  - ▶ **Purge consumables for this run** (Purgar consumibles para este experimento): cambie el ajuste para purgar los consumibles de forma automática tras el experimento actual.
- 7 Seleccione **Next** (Siguiente).
- 8 **[Opcional]** Seleccione el icono Edit (Editar) para cambiar los parámetros del experimento.
- 9 Seleccione **Next** (Siguiente).

## Carga de la celda de flujo

- 1 Retire la celda de flujo usada de un experimento anterior.
- 2 Alinee la celda de flujo sobre los pasadores de alineación y colóquela en la platina.

**Figura 13** Carga de la celda de flujo



- 3 Seleccione **Load** (Cargar).  
La puerta se cierra de forma automática, el ID de la celda de flujo aparece en pantalla y se comprueban los sensores.
- 4 Seleccione **Next** (Siguiente).

## Vaciado del contenedor de reactivos usados

- 1 Retire el contenedor de reactivos usados y deseche el contenido de conformidad con las normativas aplicables.

**Figura 14** Extracción del contenedor de reactivos usados



### NOTA

Cuando retire el contenedor, coloque la otra mano debajo para sujetarlo.

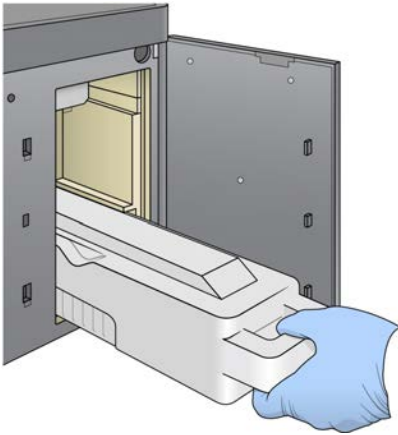


### ADVERTENCIA

Este conjunto de reactivos contiene sustancias químicas potencialmente peligrosas. Evite su inhalación, ingestión y el contacto con la piel o los ojos, puesto que puede provocar lesiones. Utilice un equipo de protección, incluidos gafas, guantes y batas de laboratorio adecuados para el riesgo de exposición. Manipule los reactivos utilizados como residuos químicos y deséchelos de conformidad con las normativas y leyes regionales, nacionales y locales aplicables. Para obtener más información sobre seguridad, salud y medioambiente, consulte la hoja de datos de seguridad en [support.illumina.com/sds.html](http://support.illumina.com/sds.html).

- 2 Deslice el contenedor de reactivos usados vacío dentro del compartimento de tampones hasta que se detenga. Oirá un clic que indica que el contenedor está colocado.

Figura 15 Carga del contenedor de reactivos usados vacío



## Carga del cartucho de tampones

- 1 Retire el cartucho de tampones usado del compartimento superior.
- 2 Deslice un nuevo cartucho de tampones dentro del compartimento de tampones hasta que se detenga. Oirá un clic que indica que el cartucho está colocado; el ID del cartucho de tampones aparece en la pantalla y se comprueba el sensor.

Figura 16 Carga del cartucho de tampones



- 3 Cierre la puerta del compartimento de tampones y seleccione **Next** (Siguiente).

## Carga del cartucho de reactivo

- 1 Retire el cartucho de reactivo usado del compartimento de reactivos. Deseche el contenido no usado de conformidad con las normativas aplicables.



### ADVERTENCIA

Este conjunto de reactivos contiene sustancias químicas potencialmente peligrosas. Evite su inhalación, ingestión y el contacto con la piel o los ojos, puesto que puede provocar lesiones. Utilice un equipo de protección, incluidos gafas, guantes y batas de laboratorio adecuados para el riesgo de exposición. Manipule los reactivos utilizados como residuos químicos y deséchelos de conformidad con las normativas y leyes regionales, nacionales y locales aplicables. Para obtener más información sobre seguridad, salud y medioambiente, consulte la hoja de datos de seguridad en [support.illumina.com/sds.html](http://support.illumina.com/sds.html).

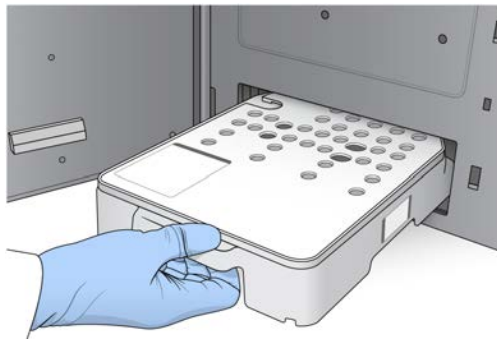


### NOTA

Para garantizar un desecho seguro del reactivo no usado, el depósito de la posición 6 es extraíble. Para obtener más información, consulte *Extracción del depósito usado de la posición n.º 6* en la página 26.

- 2 Deslice el cartucho de reactivo dentro del compartimento de reactivos hasta que el cartucho se detenga y, a continuación, cierre la puerta del compartimento de reactivos.

Figura 17 Carga del cartucho de reactivo



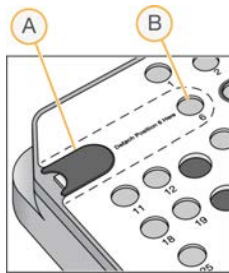
- 3 Seleccione **Load** (Cargar).  
El software desplaza el cartucho hasta su sitio de forma automática (tarda unos 30 segundos), el ID del cartucho de reactivo aparece en la pantalla y se comprueban los sensores.
- 4 Seleccione **Next** (Siguiendo).

## Extracción del depósito usado de la posición n.º 6

- 1 Tras extraer el cartucho de reactivo **usado** del instrumento, retire la cubierta protectora de goma que hay sobre la ranura que se encuentra junto a la posición n.º 6.



**Figura 18** Posición n.º 6 extraíble



- A Cubierta protectora de goma
- B Posición n.º 6

- 2 Presione la pestaña de plástico transparente y empuje hacia la izquierda para extraer el depósito.
- 3 Deseche el depósito de conformidad con las normativas aplicables.

## Revisión de la comprobación automática

El software ejecuta una comprobación automática del sistema. Durante la comprobación, aparecen en la pantalla los siguientes indicadores:

- ▶ **Marca de verificación gris** 🕒 : todavía no se ha efectuado la comprobación.
- ▶ **Icono de progreso** 🔄 : la comprobación está en curso.
- ▶ **Marca de verificación verde** ✅ : se ha superado la comprobación.
- ▶ **Cruz roja** ❌ : no se ha superado la comprobación. Todos los elementos que no la superen, precisan una acción antes de continuar. Consulte [Solución de errores de la comprobación automática en la página 47](#).

Para detener una comprobación automática que esté en curso, seleccione el icono 🛑 en la esquina inferior derecha. Para reiniciar la comprobación, seleccione el icono 🔄. La comprobación reanuda la primera comprobación incompleta o con error.

Para ver los resultados de cada comprobación dentro de una categoría, seleccione el icono 🔍 para ampliar la categoría.

## Inicio del experimento

Una vez finalizada la comprobación automática, seleccione **Start** (Iniciar). Empieza el experimento de secuenciación.

Para configurar el sistema de modo que el experimento se inicie de forma automática después de que se lleve a cabo correctamente la comprobación, consulte [Establecer opciones de configuración del experimento en la página 13](#).

## Supervisión del progreso del experimento

- 1 Supervise el progreso del experimento, las intensidades y las puntuaciones de calidad mientras los criterios de medición aparecen en la pantalla.

**Figura 19** Progreso y criterios de medición del experimento de secuenciación



- A **Run progress** (Progreso del experimento): muestra el paso actual y el número de ciclos completados para cada lectura. La barra de progreso no es proporcional a la velocidad del experimento de cada paso. Utilice el tiempo restante de la esquina superior derecha para determinar la duración real.
- B **Q-Score** (Puntuación Q): muestra la distribución de las puntuaciones de calidad (puntuaciones Q). Consulte [Puntuación de calidad en la página 64](#).
- C **Intensity** (Intensidad): muestra el valor de las intensidades de grupos del percentil 90 para cada placa. Los colores del diagrama indican cada base: rojo es A, verde es C, azul es G y negro es T. Los colores coinciden con los indicadores de las bases utilizados en el software de análisis de secuenciación (SAV).
- D **Cluster Density (K/mm<sup>2</sup>)** (Densidad de grupos [K/mm<sup>2</sup>]): muestra el número de grupos detectado para el experimento.
- E **Clusters Passing Filter (%)** (Grupos que superan el filtro [%]): muestra el porcentaje de grupos que superan el filtro. Consulte [Grupos que superan el filtro en la página 63](#).
- F **Estimated Yield (Gb)** (Rendimiento estimado [Gb]): muestra el número proyectado de bases para el experimento.



**NOTA**

Tras seleccionar Home (Inicio), no es posible volver a ver los criterios de medición del experimento. No obstante, puede acceder a los criterios de medición del experimento en BaseSpace Sequence Hub o desde un ordenador independiente mediante el uso de Sequencing Analysis Viewer (SAV).













**Ciclos de criterios de medición del experimento**

Los criterios de medición del experimento aparecen en distintos puntos de un experimento.

- ▶ Durante los pasos de generación de grupos, no se mostrarán los criterios de medición.
- ▶ Los primeros cinco ciclos se reservan para la generación de plantillas.
- ▶ Los criterios de medición del experimento aparecen tras el ciclo 25, incluida la densidad de grupos, los grupos que superan el filtro, el rendimiento y las puntuaciones de calidad.

**Transferencia de datos**

En función de la configuración de análisis seleccionada, durante el experimento aparece un icono en la pantalla para indicar el estado de la transferencia de datos.

Estado	Local Run Manager	Carpeta de resultados	Illumina BaseSpace Sequence Hub
Conectado			
Conectado y transfiriendo datos			
Desconectado			
Desactivado			

Si la transferencia de datos se interrumpe durante el experimento, los datos se almacenan temporalmente en el ordenador del instrumento. Al restablecer la conexión, la transferencia de datos se reanuda de manera automática. Si la conexión no se restablece antes de finalizar el experimento, se deben eliminar manualmente los datos del ordenador del instrumento para que pueda empezar el siguiente experimento.

## Servicio de copia universal

El paquete de software del sistema NextSeq incluye un servicio de copia universal (Universal Copy Service). RTA v2 solicita al servicio que copie los archivos desde una ubicación de origen hasta una ubicación de destino y el servicio procesa las solicitudes de copia en el orden recibido. Si se produce una excepción, el archivo se vuelve a poner en la cola de copia según el número de archivos que haya en la cola de copia.

## Sequencing Analysis Viewer

El software Sequencing Analysis Viewer muestra los criterios de medición generados durante el experimento. Estos datos aparecen en forma de diagramas, gráficos y tablas según los datos generados por RTA y escritos en los archivos InterOp. Los datos se actualizan conforme avanza el experimento. Seleccione **Refresh** (Actualizar) en cualquier momento durante el experimento para ver los datos actualizados. Para obtener información adicional, consulte la *Guía del usuario de Sequencing Analysis Viewer (SAV)*, n.º de referencia 15020619.

Sequencing Analysis Viewer está incluido en el software instalado en el ordenador del instrumento. También puede instalar Sequencing Analysis Viewer en otro ordenador conectado a la misma red que el instrumento para supervisar de forma remota los criterios de medición del experimento.

## Lavado automático posterior al experimento

Al finalizar el experimento de secuenciación, el software inicia un lavado automático posterior al experimento. El lavado posterior al experimento usa una solución de lavado, suministrada en el cartucho de tampones, y NaOCl, suministrado en el cartucho de reactivos.

Cuando finaliza el experimento de secuenciación, el software inicia un lavado automático posterior al experimento con una solución de lavado suministrada en el cartucho de tampones y NaOCl suministrado en el cartucho de reactivo.

El lavado automático posterior al experimento dura aproximadamente 90 minutos. Al finalizar el lavado, el botón Home (Inicio) se activa. Los resultados de secuenciación permanecen visibles en la pantalla durante el lavado.

## Después del lavado

Después del lavado, los dispensadores permanecen en la posición bajada para evitar que entre aire en el sistema. Deje los cartuchos en su lugar hasta el próximo experimento.

# Capítulo 4 Lectura

Introducción .....	31
Flujo de trabajo de lectura .....	32
Descarga de la carpeta DMAP .....	32
Carga del BeadChip en el adaptador .....	33
Configuración de una lectura .....	34
Supervisión del progreso de lectura .....	36

## Introducción

Para realizar una lectura en el sistema NextSeq 550, son necesarios los siguientes componentes del experimento:

- ▶ Un BeadChip tintado e hibridizado
- ▶ El adaptador reutilizable del BeadChip
- ▶ Archivos Decode Map (DMAP) para el BeadChip que esté usando
- ▶ Un archivo de manifiesto para el BeadChip que esté usando
- ▶ Un archivo de grupos para el BeadChip que esté usando

Los archivos de resultados se generan durante la lectura y, después, se ponen en cola para transferirlos a la carpeta de resultados especificada.

Lleve a cabo el análisis con el software BlueFuse Multi, que precisa que los datos de lectura estén disponibles en el formato de archivo de llamada de genotipo (GTC). De forma predeterminada, el sistema NextSeq 550 genera un archivo de formato GTC con los datos normalizados y las llamadas de genotipo asociadas. Otra opción consiste en configurar el instrumento para que genere archivos de datos de intensidad (IDAT) adicionales. Para obtener más información, consulte [Configuración de lectura del BeadChip en la página 58](#).

## Decode File Client

La carpeta DMAP contiene información que determina las ubicaciones de las bolas en el BeadChip y cuantifica la señal asociada a cada bola. Una carpeta DMAP es exclusiva para cada código de barras del BeadChip.

La utilidad Decode File Client le permite descargar carpetas DMAP directamente de los servidores de Illumina utilizando un protocolo HTTP estándar.

Para acceder a la utilidad Decode File Client, diríjase a la [página de asistencia de Decode File Client](#) en el sitio web de Illumina (support.illumina.com/array/array\_software/decode\_file\_client/downloads.html). Instale el Decode File Client en un ordenador que tenga acceso a la ubicación de red de la carpeta DMAP.

Para obtener más información, consulte [Descarga de la carpeta DMAP en la página 32](#).

## Archivos de grupos y archivos de manifiesto

Para cada BeadChip, el software necesita acceder a un archivo de grupos y a uno de manifiesto. Cada archivo de grupos y de manifiesto es único para un tipo de BeadChip. Compruebe que utiliza archivos de grupos que incluyan NS550 en el nombre de archivo. Estos archivos son compatibles con el sistema NextSeq.

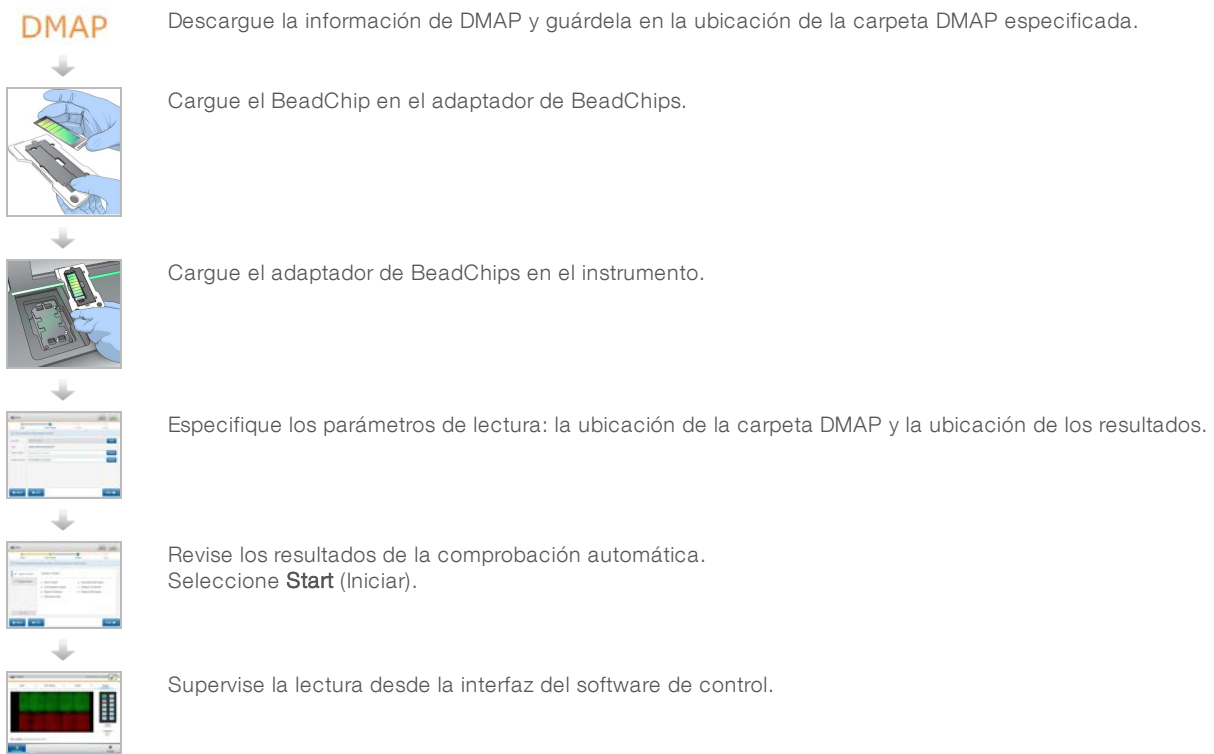
- ▶ **Archivo de manifiesto:** los archivos de manifiesto describen el SNP o contenido de sonda de un BeadChip. Los archivos de manifiesto emplean el formato \*.bpm.

- ▶ **Archivos de grupos:** los archivos de grupos describen las posiciones de los grupos para la matriz de genotipado de Illumina y se emplean cuando se analizan los datos para hacer la llamada de genotipo. Los archivos de grupos emplean el formato \*.egt.

La ubicación de los archivos se especifica en la pantalla BeadChip Scan Configuration (Configuración de lectura del BeadChip). En la pantalla Home (Inicio) de NCS, seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento), **System Configuration** (Configuración del sistema) y, a continuación, seleccione **BeadChip Scan Configuration** (Configuración de lectura del BeadChip).

Cuando se instala el instrumento NextSeq 550, el representante de Illumina descarga estos archivos y especifica la ruta en el software de control. No es necesario cambiar estos archivos, salvo en el caso de que se produzca una pérdida o de que haya una nueva versión disponible. Para obtener más información, consulte [Sustitución de los archivos de manifiesto y archivos de grupos en la página 53](#).

## Flujo de trabajo de lectura



## Descarga de la carpeta DMAP

Puede acceder a la carpeta DMAP usando el Decode File Client por la cuenta o por el BeadChip (vista predeterminada).

### Acceso a la carpeta DMAP por la cuenta

- 1 En la ficha principal de Decode File Client, seleccione una opción de descarga:
  - ▶ AutoPilot (Piloto automático)
  - ▶ All BeadChips not yet downloaded (Todos los BeadChips no descargados aún)
  - ▶ All BeadChips (Todos los BeadChips)
  - ▶ BeadChips by Purchase Order (BeadChips por orden de compra)

- ▶ BeadChips by barcode (BeadChips por código de barras)
- 2 Introduzca la información requerida.
  - 3 Localice la carpeta DMAP que desea descargar.
  - 4 Compruebe que dispone de suficiente espacio libre en el destino de la descarga.
  - 5 Inicie la descarga. El estado de la descarga se puede ver en la ficha Download Status and Log (Estado y registro de la descarga).
  - 6 Guarde la carpeta DMAP en la ubicación de la carpeta DMAP especificada.

## Acceso a la carpeta DMAP por el BeadChip

- 1 Identifique los BeadChips utilizando dos de las opciones siguientes:
  - ▶ BeadChip barcode (Código de barras del BeadChip)
  - ▶ BeadChips box ID (ID de la caja del BeadChip)
  - ▶ Purchase order number (N.º de orden de compra)
  - ▶ Sales order number (N.º de pedido)
- 2 Localice la carpeta DMAP que desea descargar.
- 3 Compruebe que dispone de suficiente espacio libre en el destino de la descarga.
- 4 Inicie la descarga. El estado de la descarga se puede ver en la ficha Download Status and Log (Estado y registro de la descarga).
- 5 Guarde la carpeta DMAP en la ubicación de la carpeta DMAP especificada.

## Carga del BeadChip en el adaptador

- 1 Presione sobre la pinza de retención del adaptador. La pinza se inclina ligeramente hacia atrás para abrirse.
- 2 Sujeto el BeadChip por los bordes, posicione el código de barras cerca de la pinza de retención y colóquelo en la plataforma empotrada del adaptador.

**Figura 20** Carga del BeadChip en el adaptador



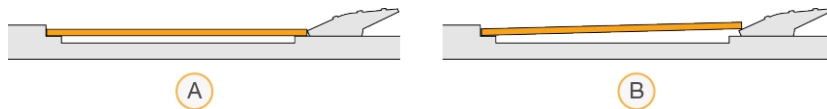
- 3 Mediante las aberturas situadas a cada lado del BeadChip, compruebe que este está colocado en la plataforma empotrada del adaptador.

**Figura 21** El BeadChip se coloca y se asegura



- 4 Libere con cuidado la pinza de retención para asegurar el BeadChip.
- 5 Inspeccione el BeadChip desde un lateral para comprobar que está bien asentado en el adaptador. Si es necesario, vuelva a colocarlo.

**Figura 22** Inspección de la posición del BeadChip



- A Posición correcta: el BeadChip se asienta bien en el adaptador al soltar la pinza.  
 B Posición incorrecta: el BeadChip no se asienta bien en el adaptador al soltar la pinza.

## Configuración de una lectura

- 1 En la pantalla Home (Inicio), seleccione **Experiment** (Experimento) y, a continuación, **Scan** (Leer). El comando Scan (Leer) abre la puerta del compartimento de adquisición de imágenes, suelta los consumibles del experimento anterior (si hay) y abre el conjunto de pantallas de configuración de la lectura. Suele producirse un breve retraso.

## Descarga de consumibles de secuenciación

Si hay consumibles de secuenciación usados cuando configura una lectura, el software le solicita que descargue el cartucho de reactivo y el cartucho de tampones para poder proceder con el paso siguiente.

- 1 Si se lo pide, retire los consumibles de secuenciación usados durante el experimento de secuenciación anterior.
  - a Retire el cartucho de reactivo del compartimento de reactivos. Deseche el contenido no usado de conformidad con las normativas aplicables.
  - b Retire el cartucho de tampones usado del compartimento de tampones.



### ADVERTENCIA

Este conjunto de reactivos contiene sustancias químicas potencialmente peligrosas. Evite su inhalación, ingestión y el contacto con la piel o los ojos, puesto que puede provocar lesiones. Utilice un equipo de protección, incluidos gafas, guantes y batas de laboratorio adecuados para el riesgo de exposición. Manipule los reactivos utilizados como residuos químicos y deséchelos de conformidad con las normativas y leyes regionales, nacionales y locales aplicables. Para obtener más información sobre seguridad, salud y medioambiente, consulte la hoja de datos de seguridad en [support.illumina.com/sds.html](http://support.illumina.com/sds.html).

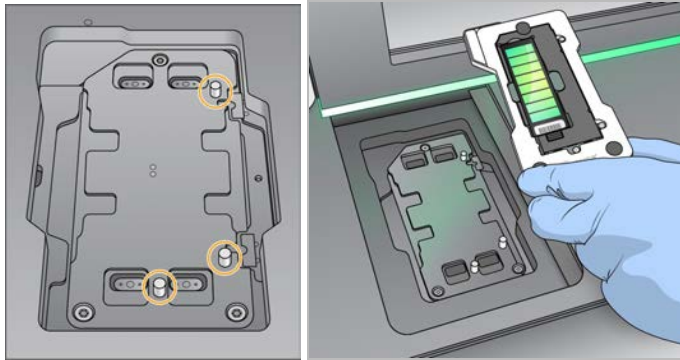
- 2 Cierre la puerta del compartimento de reactivos y la del compartimento de tampones.



## Carga del adaptador de BeadChips

- 1 Utilice los pasadores de alineación para colocar el adaptador de BeadChip en la platina.

**Figura 23** Carga del adaptador de BeadChips






- 2 Seleccione **Load** (Cargar).  
La puerta se cierra de forma automática, el ID del BeadChip aparece en pantalla y se comprueban los sensores. Suele producirse un breve retraso. Si no se puede leer el código de barras del BeadChip, aparece un cuadro de diálogo que le permite introducir el código de barras manualmente. Consulte *El software no puede leer el código de barras del BeadChip* en la página 52.
- 3 Seleccione **Next** (Siguiente).


## Configuración de la lectura



- 1 En la pantalla Scan Setup (Configuración de lectura), confirme la información siguiente:
  - ▶ **Barcode** (Código de barras): el software lee el código de barras del BeadChip al cargar el BeadChip. Si el código de barras se ha introducido de forma manual, el botón Edit (Editar) aparece para poder modificarlo.
  - ▶ **Type** (Tipo): el campo para el tipo de BeadChip se rellena automáticamente en función del código de barras del BeadChip.
  - ▶ **DMAP Location** (Ubicación de DMAP): la ubicación de la carpeta DMAP se especifica en la pantalla BeadChip Scan Configuration (Configuración de lectura del BeadChip). Si desea cambiar la ubicación solo para la lectura actual, seleccione **Browse** (Examinar) y vaya a la ubicación correcta.
  - ▶ **Output Location** (Ubicación de resultados): la ubicación de los resultados se especifica en la pantalla BeadChip Scan Configuration (Configuración de lectura del BeadChip). Si desea cambiar la ubicación solo para la lectura actual, seleccione **Browse** (Examinar) y vaya a la ubicación deseada.
- 2 Seleccione **Next** (Siguiente).


## Revisión de la comprobación automática

El software ejecuta una comprobación automática del sistema. Durante la comprobación, aparecen en la pantalla los siguientes indicadores:

- ▶ **Marca de verificación gris**  : todavía no se ha efectuado la comprobación.
- ▶ **Icono de progreso**  : la comprobación está en curso.
- ▶ **Marca de verificación verde**  : se ha superado la comprobación.

- ▶ **Cruz roja** : no se ha superado la comprobación. Todos los elementos que no la superen, precisan una acción antes de continuar. Consulte [Solución de errores de la comprobación automática en la página 47](#).

Para detener una comprobación automática que esté en curso, seleccione el icono  en la esquina inferior derecha. Para reiniciar la comprobación, seleccione el icono . La comprobación reanuda la primera comprobación incompleta o con error.

Para ver los resultados de cada comprobación dentro de una categoría, seleccione el icono  para ampliar la categoría.

## Inicio de la lectura

Una vez finalizada la comprobación automática, seleccione **Start** (Iniciar). Comenzará la lectura.

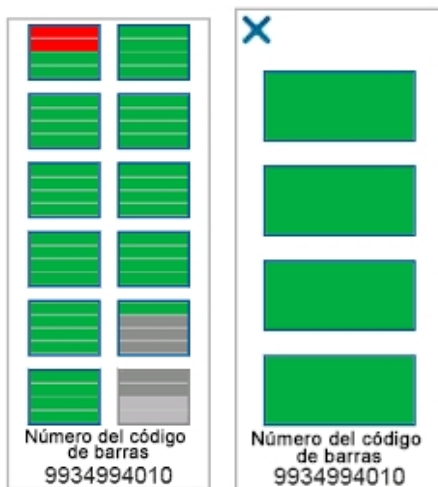
Para configurar el sistema de manera que la lectura se inicie de forma automática después de que se lleve a cabo correctamente la comprobación, consulte [Establecer opciones de configuración del experimento en la página 13](#).

## Supervisión del progreso de lectura

- 1 Supervise el progreso de la lectura mediante la imagen del BeadChip. Cada color de la imagen indica el estado de la lectura.
  - ▶ **Gris claro**: no escaneada
  - ▶ **Gris oscuro**: escaneada, pero no registrada
  - ▶ **Verde**: escaneada y registrada correctamente
  - ▶ **Rojo**: error en la lectura y el registro

Si falla el registro, puede volver a realizar la lectura de las muestras que contienen secciones fallidas. Consulte [Fallo de lectura del BeadChip en la página 52](#).
- 2 Seleccione la imagen del BeadChip para cambiar entre la vista completa y la vista detallada de una muestra seleccionada.
  - ▶ En la vista completa, se ven las muestras que están en el BeadChip y las secciones que hay en cada muestra.
  - ▶ En la vista detallada, se ve cada sección de la muestra seleccionada.

Figura 24 Imagen del BeadChip: vista completa y vista detallada





## NOTA

La finalización de una lectura es definitiva. Si finaliza una lectura antes de que esta haya terminado, los datos de la lectura *no* se guardan.

## Transferencia de datos

Cuando finaliza la lectura, los datos se ponen en cola para transferirlos a la carpeta de resultados de lectura. Los datos se guardan de forma temporal en el ordenador del instrumento. Cuando se inicia una lectura posterior, la carpeta temporal se elimina del ordenador del instrumento de forma automática.

El tiempo necesario para la transferencia de datos depende de su conexión de red. Antes de empezar una nueva lectura, asegúrese de que los datos se han guardado en la carpeta de resultados. Para comprobarlo, asegúrese de que en la carpeta del código de barras hay archivos GTC. Para obtener más información, consulte *Estructura de carpetas de resultados de lectura en la página 70*.

Si se interrumpe la conexión, la transferencia de datos se reanuda automáticamente cuando se restablece la conexión.

# Capítulo 5 Mantenimiento

Introducción .....	38
Realización de un lavado manual .....	38
Sustitución del filtro de aire .....	41
Actualizaciones de software .....	42
Apagado del instrumento .....	44

## Introducción

Entre los procedimientos de mantenimiento se incluyen los lavados manuales del instrumento, la sustitución del filtro de aire y las actualizaciones de software del sistema cuando estén disponibles.

- ▶ **Lavados del instrumento:** un lavado automático posterior al experimento después de cada experimento de secuenciación mantiene el rendimiento del instrumento. No obstante, es preciso realizar un lavado manual periódicamente en determinadas condiciones. Consulte *Realización de un lavado manual en la página 38*.
- ▶ **Actualizaciones de software:** cuando esté disponible una versión actualizada del software del sistema, puede instalarla automáticamente mediante uno de los dos métodos siguientes.
  - ▶ Mediante una conexión a BaseSpace Sequence Hub
  - ▶ Manualmente, tras descargar el instalador desde el sitio web de Illumina. Consulte *Actualizaciones de software en la página 42*.
- ▶ **Sustitución del filtro de aire:** si el instrumento incluye un filtro de aire, su sustitución asegurará un flujo de aire correcto a través del instrumento.

## Mantenimiento preventivo

Illumina recomienda programar un servicio de mantenimiento preventivo cada año. Si no dispone de contrato de servicios, póngase en contacto con el comercial de su región o con el servicio de asistencia técnica de Illumina para acordar un servicio de mantenimiento preventivo facturable.

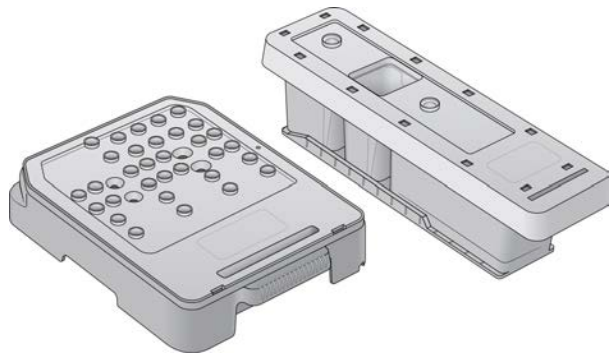
## Realización de un lavado manual

Los lavados manuales se inician en la pantalla Home (Inicio). Entre las opciones de lavado, están el lavado rápido y el lavado manual posterior al experimento.

Tipos de lavado	Descripción
<b>Lavado rápido</b> Duración: 20 minutos	Lava el sistema con una solución de lavado proporcionada por el usuario de agua de laboratorio y Tween 20 (cartucho de lavado de tampones). <ul style="list-style-type: none"><li>• Es necesario cada 14 días que el instrumento permanezca inactivo con el cartucho de reactivo y cartucho de tampones colocados.</li><li>• Es necesario cada siete días que el instrumento se encuentre seco (cartucho de reactivo y cartucho de tampones retirados).</li><li>• Necesario después de un apagado.</li></ul>
<b>Lavado manual posterior al experimento</b> Duración: 90 minutos	Lava el sistema con una solución de lavado proporcionada por el usuario de agua de laboratorio y Tween 20 (cartucho de lavado de tampones) e hipoclorito de sodio al 0,12 % (cartucho de lavado de reactivos). Necesario en caso de no haber llevado a cabo un lavado automático posterior al experimento.

Para llevar a cabo un lavado manual, se debe usar el cartucho de lavado de reactivos y el cartucho de lavado de tampones que vienen con el instrumento, así como una celda de flujo usada. Una celda de flujo usada se puede utilizar hasta 20 veces para los lavados del instrumento.

**Figura 25** Cartucho de lavado de reactivos y cartucho de lavado de tampones



## Preparación para un lavado manual posterior al experimento

Consumibles que debe proporcionar el usuario	Volumen y descripción
<ul style="list-style-type: none"> <li>• NaOCl</li> </ul>	1 ml, diluido al 0,12 % Se carga en el cartucho de lavado de reactivos (en la posición n.º 28).
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Tween 20 al 100 %</li> <li>• Agua de laboratorio</li> </ul>	Se utiliza para realizar una solución de lavado Tween 20 de 125 ml al 0,05 %. Se carga en el cartucho de lavado de tampones (en el depósito central).

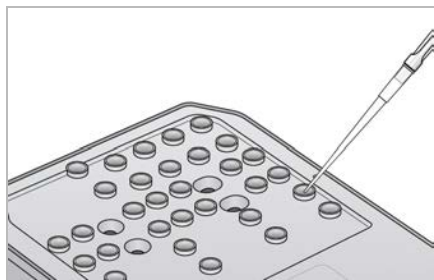


### NOTA

Utilice siempre una dilución de NaOCl nueva preparada en las últimas **24 horas**. Si prepara un volumen superior a 1 ml, almacene la dilución sobrante a una temperatura entre 2 °C y 8 °C para utilizar en las próximas 24 horas. De lo contrario, deseche la dilución de NaOCl sobrante.

- 1 Combine los siguientes volúmenes en un tubo de microcentrifugación para conseguir 1 ml de NaOCl al 0,12 %:
  - ▶ NaOCl al 5 % (24 µl)
  - ▶ Agua de laboratorio (976 µl)
- 2 Invierta el tubo para mezclar.
- 3 Añada 1 ml de NaOCl al 0,12 % al cartucho de lavado de reactivos. El depósito correcto es el equivalente a la posición n.º **28** en el cartucho precargado.

**Figura 26** Carga de NaOCl



- 4 Combine los siguientes volúmenes para que dé como resultado una solución de lavado de Tween 20 al 0,05 %:
  - ▶ Tween 20 al 100 % (62 µl)

- ▶ Agua de laboratorio (125 ml)
- 5 Añada 125 ml de solución de lavado al depósito central del cartucho de lavado de tampones.
  - 6 Seleccione **Perform Wash** (Realizar lavado) y, a continuación, **Manual Post-Run Wash** (Lavado manual posterior al experimento).

## Preparación para un lavado rápido

Consumibles que debe proporcionar el usuario	Volumen y descripción
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Tween 20 al 100 %</li> <li>• Agua de laboratorio</li> </ul>	<p>Se utiliza para realizar una solución de lavado Tween 20 de 40 ml al 0,05 %.</p> <p>Se carga en el cartucho de lavado de tampones (en el depósito central).</p>

- 1 Combine los siguientes volúmenes para que dé como resultado una solución de lavado de Tween 20 al 0,05 %:
  - ▶ Tween 20 al 100 % (20 µl)
  - ▶ Agua de laboratorio (40 ml)
- 2 Añada 40 ml de solución de lavado al depósito central del cartucho de lavado de tampones.
- 3 Seleccione **Perform Wash** (Realizar lavado) y, a continuación, **Quick Wash** (Lavado rápido).

## Carga de una celda de flujo usada y de los cartuchos de lavado

- 1 Si no hay ninguna celda de flujo usada, cargue una. Seleccione **Load** (Cargar) y, a continuación, **Next** (Siguiente).
- 2 Retire el contenedor de reactivos usados y deseche el contenido de conformidad con las normativas aplicables.



### ADVERTENCIA

Este conjunto de reactivos contiene sustancias químicas potencialmente peligrosas. Evite su inhalación, ingestión y el contacto con la piel o los ojos, puesto que puede provocar lesiones. Utilice un equipo de protección, incluidos gafas, guantes y batas de laboratorio adecuados para el riesgo de exposición. Manipule los reactivos utilizados como residuos químicos y deséchelos de conformidad con las normativas y leyes regionales, nacionales y locales aplicables. Para obtener más información sobre seguridad, salud y medioambiente, consulte la hoja de datos de seguridad en [support.illumina.com/sds.html](http://support.illumina.com/sds.html).

- 3 Deslice el contenedor de reactivos usados vacío dentro del compartimento de tampones hasta que se detenga.
- 4 Extraiga el cartucho de tampones usados del experimento anterior si todavía no lo ha hecho.
- 5 Cargue el cartucho de lavado de tampones que contiene la solución de lavado.
- 6 Extraiga el cartucho de reactivo usado del experimento anterior si todavía no lo ha hecho.
- 7 Cargue el cartucho de lavado de reactivos.
- 8 Seleccione **Next** (Siguiente). La comprobación previa al lavado comienza de forma automática.

## Inicio del lavado

- 1 Seleccione **Start** (Iniciar).
- 2 Una vez finalizado el lavado, seleccione **Home** (Inicio).

## Después del lavado

Después del lavado, los dispensadores permanecen en la posición bajada para evitar que entre aire en el sistema. Deje los cartuchos en su lugar hasta el próximo experimento.

## Sustitución del filtro de aire

En los instrumentos que lo incluyen, el filtro de aire permite que el aire fluya a través del instrumento. El software muestra una notificación para cambiar el filtro de aire cada 90 días. Cuando se le solicite, seleccione **Remind in 1 day** (Recordarme en 1 día) o bien siga el procedimiento que se describe a continuación y seleccione **Filter Changed** (Filtro cambiado). Tras la selección de la opción **Filter Changed** (Filtro cambiado) la cuenta regresiva de 90 días se restablece.

- 1 Extraiga el filtro de aire nuevo del envase y anote la fecha de instalación en el marco del filtro.
- 2 En la parte trasera del instrumento, presione sobre la parte superior de la bandeja del filtro para liberar la bandeja.
- 3 Sujete la parte superior de la bandeja del filtro y tire hacia arriba para levantar la bandeja por completo y extraerla del instrumento.
- 4 Extraiga y deseche el filtro de aire antiguo.
- 5 Inserte el nuevo filtro de aire en la bandeja.

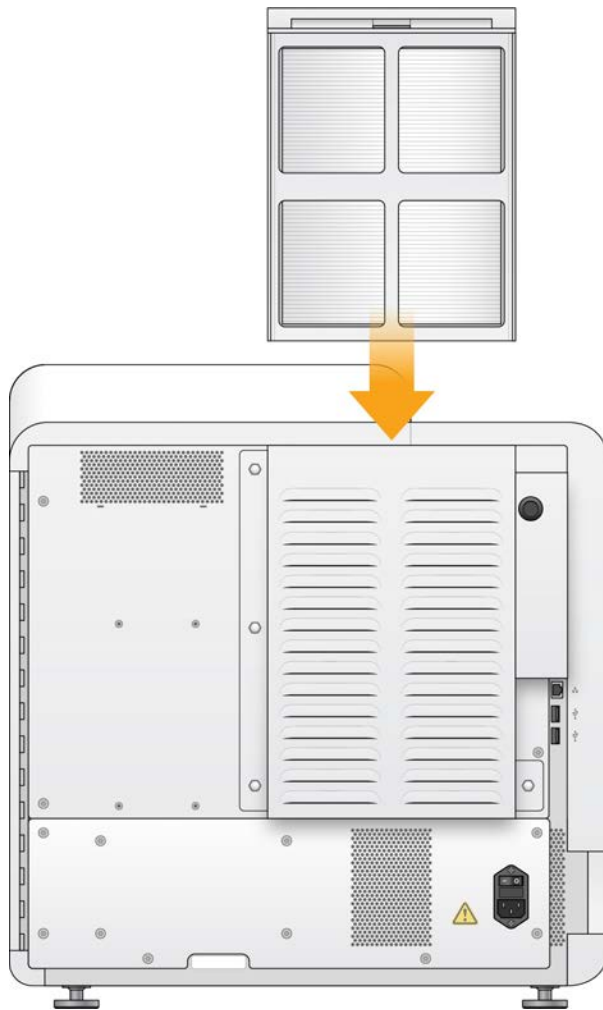


### NOTA

El filtro de aire no funcionará correctamente si se coloca del revés. Asegúrese de que introduce el filtro de aire en la bandeja de forma que pueda ver la flecha "hacia arriba" de color verde y que no pueda ver la etiqueta de advertencia. La flecha debe apuntar hacia el asa de la bandeja del filtro.

- 6 Deslice la bandeja del filtro para introducirla en el instrumento. Presione sobre la parte superior de la bandeja del filtro hasta que se oiga un chasquido que indique que se ha colocado en su posición.

Figura 27 Inserción del filtro de aire




## Actualizaciones de software

Las actualizaciones de software se suministran en un paquete llamado System Suite, que incluye el software siguiente:

- ▶ Software de control de NextSeq (NCS)
- ▶ Fórmulas de NextSeq
- ▶ Software Local Run Manager
- ▶ RTA2
- ▶ Software de servicio de NextSeq (NSS)
- ▶ Servicio de copia universal
- ▶ Controlador del Acceso directo a memoria (DMA, Direct Memory Access)

Puede instalar las actualizaciones de software de forma automática con una conexión a Internet o de forma manual desde una ubicación de red o USB.



- ▶ **Actualizaciones automáticas:** si el instrumento está conectado a una red con acceso a Internet, aparecerá un icono de alerta  en el botón Manage Instrument (Administrar instrumento) de la pantalla Home (Inicio) cuando haya una actualización de software disponible.
- ▶ **Actualizaciones manuales:** descargue el instalador de System Suite de la [página de asistencia técnica de NextSeq 550](#) en el sitio web de Illumina. Si piensa realizar una actualización manual, asegúrese de finalizarla antes de preparar las muestras y consumibles para un experimento de secuenciación.

## Actualización automática de software

- 1 Seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
- 2 Seleccione **Software Update** (Actualización de software).
- 3 Seleccione **Install the update already downloaded from BaseSpace** (Instalar la actualización descargada de BaseSpace).
- 4 Seleccione **Update** (Actualizar) para iniciar la actualización. Se abre un cuadro de diálogo para confirmar el comando.
- 5 Siga los mensajes del asistente de instalación:
  - a Acepte el acuerdo de licencia.
  - b Revise las notas de la versión.
  - c Revise la lista de software incluido en la actualización.

Al finalizar la actualización, el software de control se reinicia automáticamente.



### NOTA

Si se incluye una actualización de firmware, es necesario efectuar un reinicio automático del sistema después de que el firmware se haya actualizado.

## Actualización manual de software

- 1 Descargue el instalador de System Suite del sitio web de Illumina y guárdelo en una ubicación de red. De manera alternativa, copie el archivo de instalación del software en una unidad USB portátil.
- 2 Seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
- 3 Seleccione **Software Update** (Actualización de software).
- 4 Seleccione **Manually install the update from the following location** (Instalar manualmente la actualización desde la siguiente ubicación).
- 5 Seleccione **Browse** (Examinar) para ir a la ubicación del archivo de instalación del software y, a continuación, seleccione **Update** (Actualizar).
- 6 Siga los mensajes del asistente de instalación:
  - a Acepte el acuerdo de licencia.
  - b Revise las notas de la versión.
  - c Revise la lista de software incluido en la actualización.

Al finalizar la actualización, el software de control se reinicia automáticamente.



#### NOTA

Si se incluye una actualización de firmware, es necesario efectuar un reinicio automático del sistema después de que el firmware se haya actualizado.

## Apagado del instrumento

- 1 Seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).



#### NOTA

Para apagar el instrumento NextSeq 550Dx en el modo de investigación, consulte la sección *Opciones de reinicio y apagado del NextSeq 550Dx en la página 73*.

- 2 Seleccione **Shutdown Options** (Opciones de apagado).

- 3 Seleccione **Shutdown** (Apagar).

El comando Shut Down (Apagar) cierra el software de forma segura y apaga la alimentación del instrumento. Espere al menos 60 segundos antes de volver a encender el instrumento.



#### PRECAUCIÓN

**No** cambie la posición del instrumento. Si lo mueve de forma incorrecta, la alineación óptica podría verse afectada y comprometer la integridad de los datos. Si debe cambiar la posición del instrumento, póngase en contacto con su representante de Illumina.

# Apéndice A Solución de problemas

Introducción .....	45
Archivos de solución de problemas .....	45
Solución de errores de la comprobación automática .....	47
Contenedor de reactivos usados lleno .....	50
Flujo de trabajo de la rehibridación .....	50
Errores de lectura y BeadChip .....	52
Fórmulas personalizadas y carpetas de fórmulas .....	54
Comprobación del sistema .....	54
Mensaje de error de RAID .....	56
Configuración de ajustes del sistema .....	57

## Introducción

Para cuestiones técnicas, visite las páginas de asistencia de NextSeq 550 en el sitio web de Illumina. Las páginas de asistencia proporcionan acceso a la documentación, las descargas y las preguntas frecuentes. Inicie sesión en su cuenta de MyIllumina para acceder a los boletines de asistencia.

Si tiene problemas con el rendimiento o la calidad de los experimentos, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina. Consulte *Asistencia técnica en la página 79*.

Le recomendamos compartir un enlace con el resumen del experimento en BaseSpace Sequence Hub con el servicio de asistencia técnica de Illumina para facilitar la solución de problemas. También puede ayudar a la solución de problemas activando el servicio de supervisión proactiva de Illumina. Para obtener más información sobre el servicio, consulte *Ajustar la opción Send Instrument Performance (Enviar datos de rendimiento del instrumento) en la página 13*.

## Archivos de solución de problemas

Es posible que el representante del servicio de asistencia técnica de Illumina le solicite que proporcione copias de archivos específicos del experimento o de la lectura para solucionar problemas. Normalmente, se utilizan los archivos siguientes para solucionar problemas.

## Archivos de solución de problemas para los experimentos de secuenciación

Archivo clave	Carpeta	Descripción
Archivo de información del experimento (RunInfo.xml)	Carpeta raíz	Contiene la siguiente información: <ul style="list-style-type: none"><li>• Nombre del experimento</li><li>• Número de ciclos del experimento</li><li>• Número de ciclos de cada lectura</li><li>• Si la lectura es una lectura indexada</li><li>• Número de sectores y placas de la celda de flujo</li></ul>
Archivo de parámetros del experimento (RunParameters.xml)	Carpeta raíz	Contiene información sobre los parámetros del experimento y los componentes del experimento. La información incluye el RFID, el número de serie, el número de referencia y la fecha de caducidad.

Archivo clave	Carpeta	Descripción
Archivo de configuración de RTA (RTAConfiguration.xml)	Data\Intensities	Contiene los parámetros de configuración de RTA para el experimento. El archivo RTAConfiguration.xml se crea al inicio del experimento.
Archivos InterOp (*.bin)	InterOp	Archivos binarios de informes utilizados por Sequencing Analysis Viewer. Los archivos InterOp se actualizan durante el experimento.
Archivos de registro	Logs (Registros)	Los archivos de registro describen cada paso llevado a cabo por el instrumento en cada ciclo y enumeran las versiones de software y firmware utilizadas con el experimento. El archivo llamado [NombreDelInstrumento]_CurrentHardware.csv muestra los números de serie de los componentes del instrumento.
Archivos de registro de errores (*ErrorLog*.txt)	RTA Logs (Registros de RTA)	Registro de errores de RTA. Los archivos de registro de errores se actualizan siempre que se produce un error.
Archivos de registro global (*GlobalLog*.tsv)	RTA Logs (Registros de RTA)	Registro de todos los eventos de RTA. Los archivos de registro global se actualizan durante el experimento.
Archivos de registro de carril (*LaneLog*.txt)	RTA Logs (Registros de RTA)	Registro de eventos de procesamiento de RTA. Los archivos de registro de carril se actualizan durante el experimento.

## Errores de RTA

Para solucionar los errores de RTA, compruebe primero el registro de errores de RTA que se almacena en la carpeta RTALogs (Registros de RTA). Este archivo no está presente para los experimentos realizados con éxito. Incluya el registro de errores al notificar los problemas al servicio de asistencia técnica de Illumina.

## Archivos de solución de problemas para las lecturas de matrices

Archivo clave	Carpeta	Descripción
Archivo de parámetros de la lectura (ScanParameters.xml)	Carpeta raíz	Contiene información sobre los parámetros de la lectura. La información incluye la fecha de lectura, el código de barras del BeadChip, la ubicación del archivo de grupos y la ubicación del archivo de manifiesto.
Archivos de registro	Logs (Registros)	Los archivos de registro describen todos los pasos llevados a cabo en el instrumento durante la lectura.

Archivo clave	Carpeta	Descripción
Archivos de criterios de medición	[Código de barras]	Los criterios de medición se proporcionan como criterios de medición de la muestra y como criterios de medición de la sección. <b>[código de barras]_sample_metrics.csv</b> : para cada muestra y canal (rojo y verde), recoge Percent Off Image (Porcentaje fuera de imagen), Percent Outliers (Porcentaje de valores atípicos), P05, P50, P95, Avg FWHM Avg (Prom. FWHM medio), FWHM Stddev (desviación estándar de FWHM) y Min Registration Score (Puntuación mínima de registro). <b>[código de barras]_section_metrics.csv</b> : para cada sección y placa, recoge Laser Z-position (Posición Z del láser), Through Focus Z-position (Posición de Z a través del enfoque), Red FWHM (FWHM rojo), Green FWHM (FWHM verde), Red Avg Pixel Intensity (Intensidad media de píxeles rojos), Green Avg Pixel Intensity (Intensidad media de píxeles verdes), Red Registration Score (Puntuación de registro rojo) y Green Registration Score (Puntuación de registro verde).
Archivo de relectura	[Código de barras]	<b>[código de barras]_rescan.flowcell</b> : recoge las ubicaciones de placas ajustadas para una relectura, que incluyen un solapamiento de placa a placa progresivo.

## Solución de errores de la comprobación automática

Si se producen errores durante la comprobación automática, lleve a cabo las medidas recomendadas que se indican a continuación para solucionar el error. Las comprobaciones automáticas son distintas para la secuenciación y para las lecturas de matrices.

Si falla una comprobación previa al experimento, la identificación de radiofrecuencia (RFID) del cartucho de reactivo no está bloqueada y puede usarse en un experimento posterior. Sin embargo, la RFID se bloquea después de que se hayan perforado los cierres metálicos.

Comprobaciones del sistema	Acción recomendada
Doors Closed (Puertas cerradas)	Asegúrese de que las puertas del compartimento estén cerradas.
Consumables Loaded (Consumibles cargados)	Los sensores de los consumibles no registran debidamente. Asegúrese de que todos los consumibles estén bien cargados. En las pantallas de configuración del experimento, seleccione <b>Back</b> (Atrás) para volver al paso de carga y repita la configuración del experimento.
Required Software (Software necesario)	Faltan los componentes críticos del software. Lleve a cabo una actualización manual del software para restablecer todos los componentes del software.
Instrument Disk Space (Espacio de disco del instrumento)	El disco duro del instrumento no tiene suficiente espacio para ejecutar un experimento. Es posible que no se hayan transferido los datos de un experimento anterior. Borre los datos del experimento del disco duro del instrumento.
Network Connection (Conexión de red)	La conexión de red se ha interrumpido. Compruebe el estado de la red y la conexión de red física.
Network Disk Space (Espacio de disco de la red)	La cuenta de BaseSpace o el servidor de red están llenos.

Temperatura	Acción recomendada
Temperature (Temperatura)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Temperature Sensors (Sensores de temperatura)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Fans (Ventiladores)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.

Sistema de adquisición de imágenes	Acción recomendada
Imaging Limits (Límites de adquisición de imágenes)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Z Steps-and-Settle	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Bit Error Rate (Tasa de errores de bits)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Flow Cell Registration (Registro de la celda de flujo)	<p>Es posible que la celda de flujo no esté bien colocada.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• En las pantallas de configuración del experimento, seleccione <b>Back</b> (Atrás) para volver al paso de la celda de flujo. La puerta del compartimento de adquisición de imágenes se abre.</li> <li>• Descargue y vuelva a cargar la celda de flujo para asegurarse de que está bien colocada.</li> </ul>

Administración de reactivos	Acción recomendada
Valve Response (Respuesta de la válvula)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Pump (Bomba)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Buffer Mechanism (Mecanismo de los tampones)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Spent Reagents Empty (Reactivos usados vaciados)	Vacíe el contenedor de reactivos usados y vuelva a cargar el contenedor ya vacío.

## Comprobaciones para los experimentos de secuenciación

Si falla una comprobación previa al experimento, la identificación de radiofrecuencia (RFID) del cartucho de reactivo no está bloqueada y puede usarse en un experimento posterior. Sin embargo, la RFID se bloquea después de que se hayan perforado los cierres metálicos.

Comprobaciones del sistema	Acción recomendada
Doors Closed (Puertas cerradas)	Asegúrese de que las puertas del compartimento estén cerradas.
Consumables Loaded (Consumibles cargados)	<p>Los sensores de los consumibles no registran debidamente. Asegúrese de que todos los consumibles estén bien cargados.</p> <p>En las pantallas de configuración del experimento, seleccione <b>Back</b> (Atrás) para volver al paso de carga y repita la configuración del experimento.</p>
Required Software (Software necesario)	<p>Faltan los componentes críticos del software.</p> <p>Lleve a cabo una actualización manual del software para restablecer todos los componentes del software.</p>
Instrument Disk Space (Espacio de disco del instrumento)	<p>El disco duro del instrumento no tiene suficiente espacio para ejecutar un experimento. Es posible que no se hayan transferido los datos de un experimento anterior.</p> <p>Borre los datos del experimento del disco duro del instrumento.</p>
Network Connection (Conexión de red)	La conexión de red se ha interrumpido. Compruebe el estado de la red y la conexión de red física.
Network Disk Space (Espacio de disco de la red)	La cuenta de BaseSpace o el servidor de red están llenos.

Temperatura	Acción recomendada
Temperature (Temperatura)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Temperature Sensors (Sensores de temperatura)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.

Temperatura	Acción recomendada
Fans (Ventiladores)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Sistema de adquisición de imágenes	Acción recomendada
Imaging Limits (Límites de adquisición de imágenes)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Z Steps-and-Settle	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Bit Error Rate (Tasa de errores de bits)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Flow Cell Registration (Registro de la celda de flujo)	<p>Es posible que la celda de flujo no esté bien colocada.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>En las pantallas de configuración del experimento, seleccione <b>Back</b> (Atrás) para volver al paso de la celda de flujo. La puerta del compartimento de adquisición de imágenes se abre.</li> <li>Descargue y vuelva a cargar la celda de flujo para asegurarse de que está bien colocada.</li> </ul>
Administración de reactivos	Acción recomendada
Valve Response (Respuesta de la válvula)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Pump (Bomba)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Buffer Mechanism (Mecanismo de los tampones)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Spent Reagents Empty (Reactivos usados vaciados)	Vacíe el contenedor de reactivos usados y vuelva a cargar el contenedor ya vacío.

## Comprobaciones para las lecturas de matrices

Comprobaciones del sistema	Acción recomendada
Doors Closed (Puertas cerradas)	Asegúrese de que las puertas del compartimento estén cerradas.
Consumables Loaded (Consumibles cargados)	<p>Los sensores de los consumibles no registran debidamente. Asegúrese de que todos los consumibles estén bien cargados.</p> <p>En las pantallas de configuración del experimento, seleccione <b>Back</b> (Atrás) para volver al paso de carga y repita la configuración del experimento.</p>
Required Software (Software necesario)	<p>Faltan los componentes críticos del software.</p> <p>Lleve a cabo una actualización manual del software para restablecer todos los componentes del software.</p>
Verify Input Files (Verificar archivos de entrada)	Compruebe que la ruta del archivo de grupos y del archivo de manifiesto es correcta y que están los archivos.
Instrument Disk Space (Espacio de disco del instrumento)	<p>El disco duro del instrumento no tiene suficiente espacio para ejecutar un experimento. Es posible que no se hayan transferido los datos de un experimento anterior.</p> <p>Borre los datos del experimento del disco duro del instrumento.</p>
Network Connection (Conexión de red)	La conexión de red se ha interrumpido. Compruebe el estado de la red y la conexión de red física.
Network Disk Space (Espacio de disco de la red)	La cuenta de BaseSpace o el servidor de red están llenos.

Sistema de adquisición de imágenes	Acción recomendada
Imaging Limits (Límites de adquisición de imágenes)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Z Steps-and-Settle	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Bit Error Rate (Tasa de errores de bits)	Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
Auto-Center (Autocentrado)	Descargue el adaptador de BeadChips. Compruebe que el BeadChip está bien colocado en el adaptador y, a continuación, vuelva a cargar el adaptador.

## Contenedor de reactivos usados lleno

Inicie siempre un experimento con un contenedor de reactivos usados vacío.

Si inicia un experimento sin un contenedor vacío, cuando el contenedor se llena, los sensores del sistema activan el software para que detenga el experimento. Los sensores del sistema no pueden pausar un experimento durante la generación de grupos, la resíntesis "paired-end" ni el lavado automático posterior al experimento.

Cuando se pausa el experimento, se abre un cuadro de diálogo con opciones para levantar los dispensadores y vaciar el contenedor lleno.

## Vaciado del contenedor de reactivos usados

- 1 Seleccione **Raise Sippers** (Levantar dispensadores).
- 2 Extraiga el contenedor de reactivos usados y deseche el contenido de manera adecuada.
- 3 Vuelva a colocar el contenedor vacío en el compartimento de tampones.
- 4 Seleccione **Continue** (Continuar). El experimento se reanuda automáticamente.

## Flujo de trabajo de la rehibridación

Es posible que se deba realizar un experimento de rehibridación si los criterios de medición generados durante los primeros ciclos muestran intensidades por debajo de 2500. Algunas bibliotecas con poca diversidad pueden mostrar intensidades por debajo de 1000, lo que es previsible y no se puede resolver con la rehibridación.



### NOTA

El comando End Run (Finalizar experimento) es definitivo. No es posible reanudar el experimento, no se pueden reutilizar los consumibles del experimento y tampoco se guardan los datos de secuenciación del experimento.

Cuando el usuario finaliza un experimento, el software lleva a cabo los pasos siguientes antes de que el experimento termine:

- ▶ Coloca la celda de flujo en un estado seguro.
- ▶ Desbloquea la RFID de la celda de flujo para un experimento posterior.
- ▶ Asigna una fecha de caducidad de rehibridación a la celda de flujo.
- ▶ Escribe los registros del experimento para los ciclos realizados. Suele producirse un retraso.
- ▶ Omite el lavado automático posterior al experimento.



Cuando inicie un experimento de rehibridación, el software realizará los pasos siguientes para llevar a cabo el experimento:

- ▶ Crea una carpeta de experimento con un nombre basado en un nombre único del experimento.
- ▶ Comprueba que la fecha de rehibridación de la celda de flujo no haya caducado.
- ▶ Ceba los reactivos. Suele producirse un retraso.
- ▶ Se salta el paso de generación de grupos.
- ▶ Elimina el cebador de lectura 1 anterior.
- ▶ Hibrida un cebador de lectura 1 nuevo.
- ▶ Continúa con la lectura 1 y el resto del experimento según los parámetros del experimento especificados.

## Puntos para finalizar un experimento de rehibridación

La posterior rehibridación solo es posible si finaliza el experimento en los puntos siguientes:

- ▶ **Después del ciclo 5:** las intensidades aparecen tras el registro de la cadena molde, para lo que son necesarios los primeros cinco ciclos de secuenciación. Aunque es seguro finalizar un experimento después del ciclo 1, se recomienda finalizarlo después del ciclo 5. No finalice un experimento durante la generación de grupos.
- ▶ **Lectura 1 o lectura de índice 1:** finalice el experimento *antes* de iniciar la resíntesis "paired-end". La celda de flujo no se puede guardar para la posterior rehibridación una vez iniciada la resíntesis "paired-end".

## Consumibles necesarios

Para efectuar un experimento de rehibridación, hay que contar con un cartucho de tampones y un cartucho de reactivo de NextSeq nuevos, independientemente de cuándo se haya detenido el experimento.

## Finalización del experimento actual

- 1 Seleccione **End Run** (Finalizar experimento). Cuando se le pregunte si quiere confirmar el comando, seleccione **Yes** (Sí).
- 2 Cuando se le pregunte si quiere guardar la celda de flujo, seleccione **Yes** (Sí). Al guardar la celda de flujo no se garantiza que el experimento actual pueda rescatarse. Tenga en cuenta la fecha de caducidad para la rehibridación.
- 3 Retire la celda de flujo guardada y resérvela a una temperatura de entre 2 °C y 8 °C hasta que esté listo para configurar el experimento de rehibridación.



### NOTA

Puede almacenar la celda de flujo hasta siete días a una temperatura de entre 2 °C y 8 °C en el estuche protector de plástico *sin* el paquete desecante. Para obtener los mejores resultados, rehibride la celda de flujo guardada en tres días.

## Realización de un lavado manual

- 1 En la pantalla Home (Inicio), seleccione **Perform Wash** (Realizar lavado).
- 2 En la pantalla Wash Selection (Selección de lavado), seleccione **Manual Post-Run Wash** (Lavado manual posterior al experimento). Consulte *Realización de un lavado manual en la página 38*.



## NOTA

Si no ha extraído el cartucho de reactivo y el cartucho de tampón del experimento detenido, puede utilizarlos para el lavado manual. De lo contrario, lleve a cabo un lavado manual con el cartucho de lavado de reactivos y el cartucho de lavado de tampones.

## Configuración de un experimento en el instrumento

- 1 Prepare un cartucho de reactivo nuevo.
- 2 Si se ha almacenado la celda de flujo guardada, deje que alcance la temperatura ambiente (15-30 minutos).
- 3 Limpie y cargue la celda de flujo guardada.
- 4 Extraiga el contenedor de reactivos usados y deseche el contenido de manera adecuada; a continuación, vuelva a cargar el contenedor vacío.
- 5 En la pantalla Run Setup (Configuración del experimento), seleccione uno de los siguientes modos de experimento.
  - ▶ Local Run Manager
  - ▶ Manual
- 6 **[Opcional]** Seleccione **Use BaseSpace Sequence Hub Setting** (Usar configuración de BaseSpace Sequence Hub) y, a continuación, una de las siguientes opciones.
  - ▶ Run Monitoring and Storage (Almacenamiento y supervisión del experimento)
  - ▶ Run Monitoring Only (Solo supervisión del experimento)
 Introduzca el nombre de usuario y la contraseña de BaseSpace Sequence Hub.
- 7 Cargue el nuevo cartucho de tampones y el nuevo cartucho de reactivo.
- 8 Seleccione **Next** (Siguiente) para continuar con la comprobación previa al experimento e inicie el experimento.

## Errores de lectura y BeadChip

### El software no puede leer el código de barras del BeadChip

Cuando aparezca el cuadro de diálogo de error del código de barras, seleccione una de las siguientes opciones:

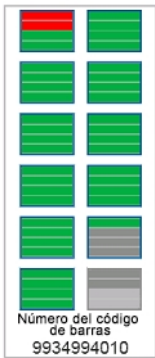
- ▶ Seleccione **Rescan** (Volver a realizar la lectura). El software intenta leer el código de barras de nuevo.
- ▶ Seleccione el campo de texto y escriba el código de barras numérico tal y como se muestra en la imagen. En función del BeadChip, los números del código de barras tienen hasta 12 dígitos. Seleccione **Save** (Guardar). La imagen del código de barras se guarda en la carpeta de resultados.
- ▶ Seleccione **Cancel** (Cancelar). La puerta del compartimento de adquisición de imágenes se abre para descargar el adaptador de BeadChips.

### Fallo de lectura del BeadChip

Las imágenes se registran después de su lectura. El registro identifica las bolas relacionando su ubicación en la imagen leída con la información que figura en el archivo del mapa de bolas, o carpeta DMAP.

Las secciones que no se pueden registrar están marcadas en rojo en la imagen del BeadChip.

**Figura 28** BeadChip en el que se muestran las secciones fallidas



Una vez que finaliza la lectura y que los datos de esta se guardan en la carpeta de resultados, el botón Rescan (Volver a realizar la lectura) se activa.

Cuando se selecciona Rescan (Volver a realizar la lectura), el software lleva a cabo los pasos siguientes:

- ▶ Vuelve a realizar la lectura de las muestras que contienen secciones fallidas usando un solapamiento de placa a placa progresivo.
- ▶ Genera los archivos de resultados en la carpeta de resultados original.
- ▶ Sobrescribe los archivos de resultados anteriores correspondientes a las secciones fallidas.
- ▶ Aumenta de uno en uno el contador de lecturas para cada relectura, pero lo hace en segundo plano. El software no cambia el nombre de la carpeta de resultados.

## Relectura o inicio de una nueva lectura

- 1 Seleccione **Rescan** (Volver a realizar la lectura) para realizar la lectura de muestras que contienen secciones fallidas.
- 2 Si la lectura sigue dando error, termínela.
- 3 Retire el BeadChip y el adaptador y compruebe que el BeadChip no está sucio ni tiene polvo. Utilice aire comprimido u otro método comprimido de desempolvadura para quitar la suciedad.
- 4 Vuelva a cargar el BeadChip e inicie una lectura nueva.

Cuando se inicia una nueva lectura, el software lleva a cabo los siguientes pasos:

- ▶ Realiza la lectura de todo el BeadChip.
- ▶ Genera los archivos de resultados en una carpeta de resultados nueva.
- ▶ Aumenta de uno en uno el contador de lecturas en función del recuento de lecturas de la última relectura.

## Sustitución de los archivos de manifiesto y archivos de grupos

- 1 Diríjase a la página de asistencia técnica de Illumina ([support.illumina.com](http://support.illumina.com)) correspondiente al BeadChip que está utilizando y haga clic en la ficha **Downloads** (Descargas).
- 2 Descargue los archivos que se deben sustituir o actualizar y cópielos en la ubicación de red deseada.



### NOTA







Asegúrese de seleccionar archivos de grupos y de manifiesto que sean compatibles con el sistema NextSeq 550. Los archivos compatibles llevan **NS550** en el nombre del archivo.

- 3 Solo si ha cambiado la ubicación, actualícela en la pantalla BeadChip Scan Configuration (Configuración de lectura del BeadChip) de la forma siguiente:
  - a En la pantalla Home (Inicio) de NCS, seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
  - b Seleccione **System Configuration** (Configuración del sistema).
  - c Seleccione **BeadChip Scan Configuration** (Configuración de lectura del BeadChip).
- 4 Seleccione **Browse** (Examinar) y vaya a la ubicación de los archivos sustituidos o actualizados.

## Fórmulas personalizadas y carpetas de fórmulas

No modifique las fórmulas originales: realice siempre una copia de la original con un nuevo nombre. Si se modifica una fórmula original, el actualizador de software ya no podrá reconocerla para las actualizaciones posteriores, y no se instalarán versiones más recientes.

Guarde las fórmulas personalizadas en la carpeta de fórmulas correspondiente. Las carpetas de fórmulas se organizan como se indica a continuación.

-  **Custom** (Personalizado)
  -  **High** (Alto): fórmulas personalizadas que se utilizan con un kit de rendimiento elevado.
  -  **Mid** (Medio): fórmulas personalizadas que se utilizan con un kit de rendimiento medio.
-  **High** (Alto): fórmulas originales que se utilizan con un kit de rendimiento elevado.
-  **Mid** (Medio): fórmulas originales que se utilizan con un kit de rendimiento medio.
-  **Wash** (Lavado): contiene la fórmula de lavado manual.

## Comprobación del sistema

No se precisa ejecutar ninguna comprobación del sistema para el funcionamiento normal o el mantenimiento del instrumento. No obstante, un representante del servicio de asistencia técnica de Illumina puede solicitarle que ejecute una comprobación del sistema para solucionar posibles problemas.

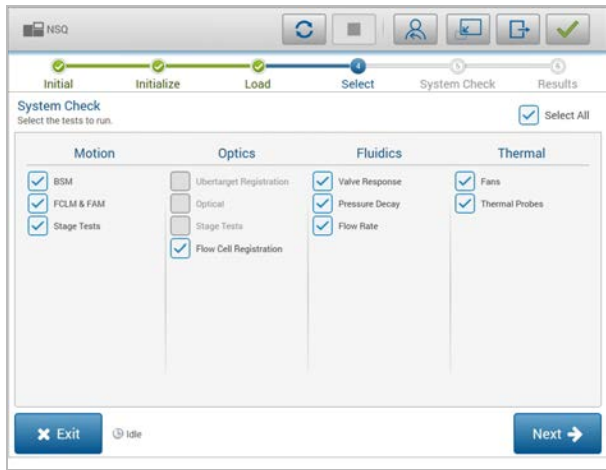


### NOTA

Si se debe realizar un lavado del instrumento, realícelo antes de iniciar una comprobación del sistema.

Al iniciar una comprobación del sistema, se cierra automáticamente el software de control y se inicia el software de servicio de NextSeq (NSS). El software de servicio se inicia y se abre la pantalla Load (Cargar), que está configurada para utilizar la opción de carga avanzada.

Figura 29 Comprobaciones del sistema disponibles



Las casillas de verificación desactivadas de la pantalla Select (Selección) indican pruebas que requieren la asistencia de un representante del servicio de campo de Illumina.

## Realización de una comprobación del sistema

- 1 En la pantalla Manage Instrument (Administrar instrumento), seleccione **System Check** (Comprobación del sistema). Cuando se le solicite cerrar el software de control, seleccione **Yes** (Sí).
- 2 Cargue los consumibles como se describe a continuación:
  - a Si todavía no hay ninguna celda de flujo usada en el instrumento, cargue una.



### NOTA

Illumina recomienda utilizar una celda de flujo de rendimiento elevado para las comprobaciones del sistema.

- b Vacíe el contenedor de reactivos usados y vuelva a colocarlo en el instrumento.
  - c Cargue el cartucho de lavado de tampones que contiene 120 ml de agua de laboratorio en el depósito central.
  - d Cargue el cartucho de lavado de reactivos. Asegúrese de que el cartucho de lavado de reactivos está limpio y vacío.
- 3 Seleccione **Load** (Cargar). El software mueve la celda de flujo y el cartucho de lavado de reactivos a su posición. Seleccione **Next** (Siguiendo).
  - 4 Seleccione **Next** (Siguiendo). Se inicia la comprobación del sistema.
  - 5 **[Opcional]** Cuando haya finalizado la comprobación del sistema, seleccione **View** (Visualizar) junto al nombre de comprobación para visualizar los valores asociados a cada comprobación.
  - 6 Seleccione **Next** (Siguiendo). Se abre el informe de comprobación del sistema.
  - 7 Seleccione **Save** (Guardar) para guardar el informe en un archivo comprimido. Vaya a una ubicación de red para guardar el archivo.
  - 8 Cuando termine, seleccione **Exit** (Salir).
  - 9 Cuando se le solicite cerrar el software de servicio y reiniciar el software de control, seleccione **Yes** (Sí). El software de control se reinicia automáticamente.

## Comprobaciones de movimiento

Comprobación del sistema	Descripción
BSM	Comprueba la ganancia y la distancia del mecanismo de aspiración del tampón (BSM) para confirmar que el módulo funciona correctamente.
FCLM y FAM	Comprueba la ganancia y la distancia del mecanismo de carga de la celda de flujo (FCLM) y del módulo de automatización de fluidos (FAM) para confirmar que los módulos funcionan correctamente.
Stage Tests (Pruebas de platina)	Comprueba los límites de desplazamiento y el rendimiento de la platina XY y las seis platinas Z, una para cada cámara.

## Comprobación del sistema óptico

Comprobación del sistema	Descripción
Flow Cell Registration (Registro de la celda de flujo)	Mide la inclinación de la celda de flujo en un plano óptico, comprueba la función de la cámara, comprueba el módulo de adquisición de imágenes y verifica el registro de la celda de flujo en la posición correcta de adquisición de imágenes.

## Comprobaciones de la fluídica

Comprobación del sistema	Descripción
Valve Response (Respuesta de la válvula)	Comprueba la precisión de los movimientos de la válvula y la bomba, así como la amplitud de movimiento de la jeringa de la bomba.
Pressure Decay (Caída de la presión)	Comprueba la tasa de fuga de un sistema de fluídica con cierre, que confirma que la celda de flujo está bien montada en la posición de secuenciación.
Flow Rate (Velocidad de flujo)	Comprueba el funcionamiento de los sensores de burbujas, que se utilizan para detectar la presencia de aire en los conductos de reactivo. Mide la velocidad de flujo para detectar oclusiones o fugas.

## Comprobaciones térmicas

Comprobación del sistema	Descripción
Fans (Ventiladores)	Comprueba la velocidad de los ventiladores del sistema en pulsos por minuto (PPM) para confirmar que los ventiladores funcionan. Los ventiladores que no funcionan devuelven un valor negativo.
Thermal Probes (Sondas térmicas)	Comprueba la temperatura media de cada sensor térmico. Los sensores térmicos que no funcionan devuelven un valor negativo.

## Mensaje de error de RAID

El ordenador de NextSeq está equipado con dos discos duros. Si un disco duro empieza a fallar, el sistema genera un mensaje de error de RAID y le sugiere que se ponga en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina. Normalmente, es necesario sustituir un disco duro.

Puede proceder con los pasos de configuración del experimento y el funcionamiento normal. El propósito del mensaje es planificar los trabajos de mantenimiento de forma anticipada para evitar interrupciones en el funcionamiento normal del instrumento. Para continuar, seleccione **Acknowledge** (Aceptar) y, a continuación, **Close** (Cerrar).

## Configuración de ajustes del sistema

El sistema se configura durante la instalación. No obstante, si es necesario realizar un cambio o si el sistema se debe volver a configurar, utilice las opciones de configuración del sistema.

- ▶ **Network Configuration** (Configuración de red): proporciona opciones de ajuste de dirección IP, dirección de servidor de nombres de dominio (DNS, Domain Name Server), nombre del ordenador y nombre de dominio.
- ▶ **BaseSpace Sequence Hub**: si está en uso BaseSpace Sequence Hub, proporciona opciones de ubicación a la que se transferirán los datos para su almacenamiento y análisis.
- ▶ **BeadChip Scan Configuration** (Configuración de lectura del BeadChip): proporciona opciones para especificar lo siguiente.
  - ▶ Ubicación predeterminada de la carpeta DMAP
  - ▶ Ubicación de la carpeta de resultados
  - ▶ Formato de archivo de imágenes guardadas
  - ▶ Tipo de archivo de resultados

## Ajuste de la configuración de red

- 1 En la pantalla Manage Instrument (Administrar instrumento), seleccione **System Configuration** (Configuración del sistema).
- 2 Seleccione **Network Configuration** (Configuración de red).
- 3 Seleccione **Obtain an IP address automatically** (Obtener una dirección IP de forma automática) para obtener la dirección IP mediante el uso del servidor DHCP.



### NOTA

El protocolo de configuración de host dinámico (DHCP, por sus siglas en inglés) es un protocolo de red estándar que se utiliza en redes IP para distribuir de forma dinámica los parámetros de configuración de la red.

Por otra parte, también puede seleccionar **Use the following IP address** (Utilizar la dirección IP siguiente) para conectar el instrumento a otro servidor de forma manual, como se indica a continuación. Póngase en contacto con el administrador de su red para obtener las direcciones específicas del centro.

- ▶ Introduzca una dirección IP. La dirección IP es una serie de cuatro números separados por un punto, similar a 168.62.20.37, por ejemplo.
  - ▶ Introduzca la máscara de subred, que es una subdivisión de la red IP.
  - ▶ Introduzca la puerta de enlace predeterminada, que es el enrutador de la red que se conecta a Internet.
- 4 Seleccione **Obtain a DNS server address automatically** (Obtener una dirección de servidor DNS de forma automática) para conectar el instrumento al servidor de nombres de dominio asociado con la dirección IP.

De forma alternativa, seleccione **Use the following DNS server addresses** (Utilizar las siguientes direcciones de servidor DNS) para conectar el instrumento al servidor de nombres de dominio manualmente del modo siguiente.

- ▶ Introduzca la dirección DNS deseada. La dirección DNS es el nombre del servidor utilizado para traducir nombres de dominio en direcciones IP.
  - ▶ Introduzca la dirección DNS alternativa. La dirección alternativa se utiliza si la DNS no puede traducir un nombre de dominio concreto en una dirección IP.
- 5 Seleccione **Save** (Guardar) para pasar a la pantalla Computer (Ordenador).



#### NOTA

El nombre del ordenador del instrumento se asigna al ordenador del instrumento en el momento de su fabricación. Cualquier cambio realizado en el nombre del ordenador puede afectar a la conectividad y requerir un administrador de red.

- 6 Conecte el ordenador del instrumento a un dominio o grupo de trabajo como se explica a continuación.
- ▶ **Para instrumentos conectados a Internet:** seleccione **Member of domain** (Miembro del dominio) y, a continuación, introduzca el nombre de dominio asociado a la conexión a Internet de su centro. Los cambios de dominio requieren un nombre y contraseña de usuario administrador.
  - ▶ **Para instrumentos no conectados a Internet:** seleccione **Member of work group** (Miembro del grupo de trabajo) y, a continuación, introduzca el nombre del grupo de trabajo. El nombre del grupo de trabajo es exclusivo de su centro.
- 7 Seleccione **Save** (Guardar).

## Establecer la configuración de BaseSpace Sequence Hub

- 1 En la pantalla Home (Inicio), seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
- 2 Seleccione **System Configuration** (Configuración del sistema).
- 3 Seleccione **BaseSpace Sequence Hub Configuration** (Configuración de BaseSpace Sequence Hub).
- 4 Seleccione entre las opciones siguientes para especificar la ubicación a la que se transfieren los datos para su análisis.
  - ▶ En la lista Hosting Location (Ubicación de alojamiento), seleccione la ubicación del servidor en el que se cargan los datos: **EU (Frankfurt)** (UE [Fráncfort]) o **USA (N. Virginia)** (EE. UU. [Norte de Virginia]).
  - ▶ Si cuenta con una suscripción Enterprise, seleccione la casilla de verificación **Private Domain** (Dominio privado) e introduzca el nombre del dominio (URL) utilizado para el inicio de sesión único en BaseSpace Sequence Hub.  
Por ejemplo: <https://yourlab.basespace.illumina.com>.
- 5 Seleccione **Save** (Guardar).

## Configuración de lectura del BeadChip

- 1 En la pantalla Manage Instrument (Administrar instrumento), seleccione **System Configuration** (Configuración del sistema).
- 2 Seleccione **BeadChip Scan Configuration** (Configuración de lectura del BeadChip).
- 3 Para especificar una ubicación predeterminada para la carpeta DMAP, seleccione **Browse** (Examinar) y vaya a la ubicación de la carpeta que desee dentro de la red del centro.



#### NOTA

Antes de cada lectura, descargue y copie el contenido DMAP en esta ubicación. El contenido DMAP es necesario para cada BeadChip, y se corresponde unívocamente con el código de barras del BeadChip.



- 4 Para especificar una ubicación de resultados predeterminada, seleccione **Browse** (Examinar) y vaya a la ubicación que desee dentro de la red del centro.
- 5 Seleccione un formato de archivo de imagen para las imágenes guardadas. El tipo de imagen predeterminado es **JPG**.
- 6 Seleccione un formato de archivo de resultados para los datos de la lectura. El tipo de archivo de resultados predeterminado es **GTC solamente**.
- 7 Seleccione **Save** (Guardar).
- 8 En la pantalla Scan Map (Mapa de lecturas), especifique la ruta completa del archivo de grupos y del archivo de manifiesto para cada tipo de BeadChip. Seleccione **Browse** (Examinar) para cada tipo de archivo y vaya a la carpeta que contiene estos archivos.

# Apéndice B Análisis en tiempo real

Descripción general de Análisis en tiempo real .....	60
Flujo de trabajo del análisis en tiempo real .....	61

## Descripción general de Análisis en tiempo real

El sistema NextSeq 550 utiliza una implementación del software de análisis en tiempo real (RTA) denominada RTA2. RTA2 se ejecuta en el ordenador del instrumento y extrae las intensidades de las imágenes, realiza una llamada de bases y asigna una puntuación de calidad a dicha llamada. RTA2 y el software de control se comunican a través de una interfaz web HTTP y de archivos de memoria compartidos. Si RTA2 se interrumpe, el procesamiento no se reanuda y los datos del experimento no se guardan.



### NOTA

No se calcula el rendimiento de demultiplexado. En consecuencia, la ficha Index (Índice) de Sequencing Analysis Viewer (SAV) aparece vacía.

## Entradas de RTA2

RTA2 precisa las siguientes entradas principales:

- ▶ Las imágenes de las placas contenidas en la memoria del sistema local.
- ▶ RunInfo.xml, que se genera automáticamente al iniciar el experimento. El archivo proporciona la siguiente información.
  - ▶ Nombre del experimento
  - ▶ Número de ciclos
  - ▶ Si una lectura es una lectura indexada
  - ▶ Número de placas de la celda de flujo
- ▶ RTA.exe.config, que es un archivo de configuración de software en formato XML.

RTA2 recibe comandos del software de control que indican la ubicación de RunInfo.xml y si se ha especificado una carpeta de resultados opcional.

## Archivos de resultados de RTA v2

Las imágenes de cada canal se transfieren en memoria como placas. Las placas son pequeñas áreas de adquisición de imágenes en la celda de flujo definidas como el campo de visión por la cámara. A partir de estas imágenes, el software produce un resultado en forma de conjunto de archivos de filtro y archivos de llamadas de bases clasificadas por calidad. Todos los demás archivos admiten archivos de resultados.

Tipos de archivo	Descripción
Archivos de llamadas de bases	Cada placa analizada se incluye en un archivo de llamadas de bases (*.bcl) agregado para cada carril y para cada ciclo. El archivo de llamadas de bases agregado contiene la llamada de bases y la puntuación de calidad asociada para cada grupo en ese carril.
Archivos de filtro	Cada placa produce información de filtro que se agrega a un archivo de filtro (*.filter) para cada carril. El archivo de filtro especifica si un grupo ha superado los filtros.
Archivos de ubicación de grupos	Los archivos de ubicación de grupos (*.locs) contienen las coordenadas X e Y para cada grupo en una placa. Durante la generación de plantillas, se genera un archivo de ubicación de grupos para cada carril.
Archivos de índice de llamadas de bases	Se produce un archivo de índice de llamada de bases (*.bcl) para cada carril con el fin de preservar la información de placa original. El archivo de índice contiene un par de valores para cada placa, que son el número de placa y el número de grupos para esa placa.

Los archivos de resultados se utilizan para los análisis sucesivos en BaseSpace. De manera alternativa, utilice el software de conversión bcl2fastq para la conversión a FASTQ y soluciones de análisis de otros proveedores. Para los archivos de NextSeq hace falta disponer de bcl2fastq v2.0 o posterior. Para obtener la última versión de bcl2fastq, visite la [página de descargas de NextSeq](#) en el sitio web de Illumina.

RTA v2 proporciona criterios de medición en tiempo real de experimentos de calidad guardados como archivos InterOp. Los archivos InterOp son archivos de resultados binarios que contienen criterios de medición relacionados con placas, ciclos y lecturas y son necesarios para la visualización de criterios de medición en tiempo real con Sequencing Analysis Viewer (SAV). Para obtener la última versión de SAV, visite la [página de descargas del SAV](#) en el sitio web de Illumina.

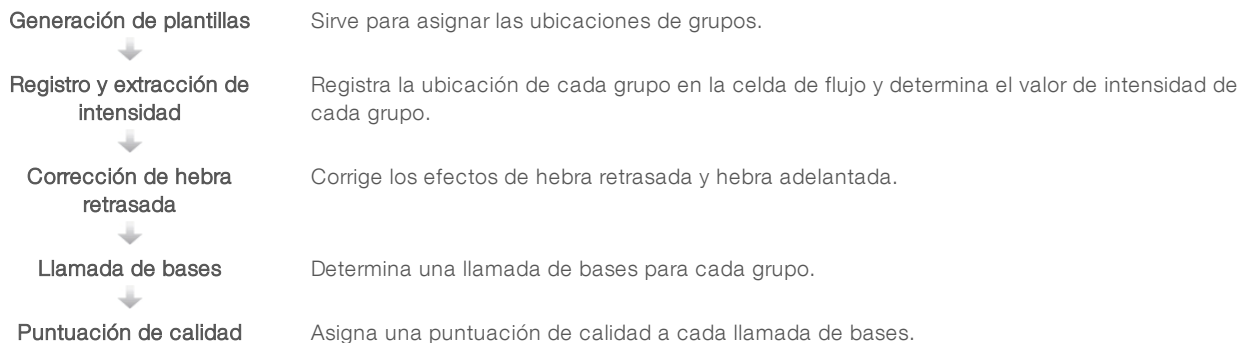
## Gestión de errores

RTA2 crea archivos de registro y los guarda en la carpeta RTALogs (Registros de RTA). Los errores se registran en un archivo de errores con formato \*.tsv.

Los archivos de error y de registro siguientes se transfieren a la ubicación de destino de los resultados finales tras completar el procesamiento:

- ▶ \*GlobalLog\*.tsv contiene un resumen de los eventos importantes del experimento.
- ▶ \*LaneNLog\*.tsv enumera los eventos de procesamiento de cada carril.
- ▶ \*Error\*.tsv enumera los errores que se han producido durante un experimento.
- ▶ \*WarningLog\*.tsv enumera las advertencias que se han producido durante un experimento.

## Flujo de trabajo del análisis en tiempo real



## Generación de plantillas

El primer paso del flujo de trabajo de RTA es la generación de plantillas, que define la posición de cada grupo en una placa mediante el uso de las coordenadas X e Y.

La generación de plantillas requiere datos de imagen de los primeros cinco ciclos del experimento. Tras el último ciclo de la plantilla para la adquisición de imágenes de una placa, se genera la plantilla.



### NOTA

Para detectar un grupo durante la generación de plantillas, debe haber como mínimo una base distinta de G en los primeros **cinco** ciclos. Para las secuencias de índices, RTA v2 precisa como mínimo una base distinta de G en los primeros **dos** ciclos.

Las plantillas se utilizan como referencia para el siguiente paso de registro y extracción de intensidad. Las posiciones de los grupos para el conjunto de la celda de flujo se escriben en archivos de ubicación de grupos (\*.locs), uno para cada carril.

## Registro y extracción de intensidad

El registro y la extracción de intensidad comienza después de la generación de plantillas.

- ▶ El registro alinea imágenes producidas durante cada ciclo de adquisición de imágenes posterior en relación con la plantilla.
- ▶ La extracción de intensidad determina un valor de intensidad para cada grupo de la plantilla para una imagen determinada.

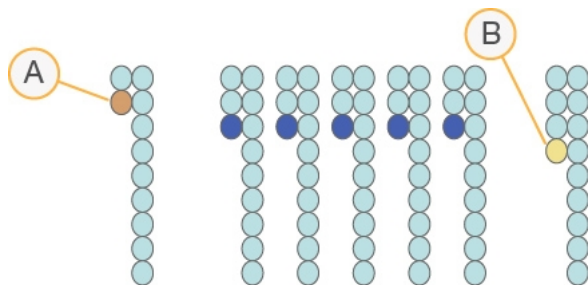
Si se produce un error en el registro de cualquier imagen en un ciclo, no se generará ninguna llamada de bases para esa placa en ese ciclo. Utilice el software Sequencing Analysis Viewer (SAV) para examinar las imágenes en miniatura e identificar las imágenes que no se han podido registrar.

## Corrección de hebra retrasada

Durante la reacción de secuenciación, cada cadena de ADN de un grupo se amplía en una base por cada ciclo. Las hebras retrasadas y hebras adelantadas se producen cuando una cadena queda fuera de su lugar con respecto al ciclo de incorporación.

- ▶ La hebra retrasada se produce cuando una base se atrasa.
- ▶ La hebra adelantada se produce cuando una base se avanza.

**Figura 30** Hebra retrasada y hebra adelantada



- A Lectura con una base con hebra retrasada
- B Lectura con una base con hebra adelantada

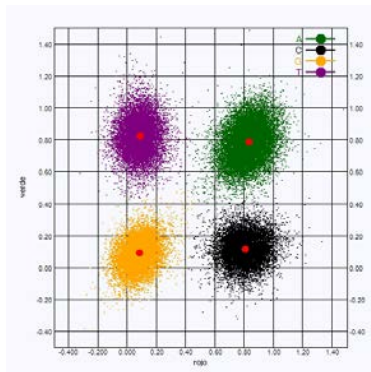
RTA2 corrige los efectos de la fase de hebra retrasada y de la fase de hebra adelantada, lo que aumenta al máximo la calidad de los datos en cada uno de los ciclos del experimento.

## Llamada de bases

La llamada de bases determina una base (A, C, G o T) para cada grupo de una placa determinada en un ciclo específico. NextSeq 550 utiliza la secuenciación de dos canales, que precisa solo dos imágenes para codificar los datos de cuatro bases de ADN: una del canal rojo y otra del canal verde.

Las intensidades extraídas de una imagen en comparación con otra imagen redundan en cuatro poblaciones distintas, cada una de las cuales corresponde a un nucleótido. El proceso de llamada de bases determina a qué población pertenece cada grupo.

**Figura 31** Visualización de intensidades de grupos



**Tabla 1** Llamadas de bases en secuenciación de dos canales

Base	Canal rojo	Canal verde	Resultado
A	1 (encendido)	1 (encendido)	Los grupos que presentan intensidad en el canal rojo y verde.
C	1 (encendido)	0 (apagado)	Los grupos que presentan intensidad solo en el canal rojo.
G	0 (apagado)	0 (apagado)	Grupos que no presentan intensidad en una ubicación de grupos conocida.
T	0 (apagado)	1 (encendido)	Los grupos que presentan intensidad solo en el canal verde.

## Grupos que superan el filtro

Durante el experimento, RTA2 filtra incidencias para eliminar las lecturas que no satisfagan el umbral de calidad de los datos. Los grupos que se solapan o de baja calidad se eliminan.

En el caso del análisis de dos canales, RTA2 utiliza un sistema basado en la población para determinar la castidad de una llamada de bases. Los grupos superan el filtro (PF, pass filter) cuando, como máximo, una llamada de bases en los primeros 25 ciclos muestra un valor de castidad de <0,63. Los grupos que no superan el filtro no se someten a llamada de bases.

## Consideraciones sobre el indexado

El proceso de llamada de bases de las lecturas de índices difiere de la llamada de bases durante otras lecturas.

Las lecturas de índice deben comenzar, al menos, con una base diferente de G en cualquiera de los dos primeros ciclos. Si una lectura de índice comienza con dos llamadas de bases G, no se genera ninguna intensidad de señal. La señal debe estar presente en cualquiera de los dos primeros ciclos para garantizar el rendimiento del demultiplexado.

Para aumentar la solidez del demultiplexado, seleccione secuencias de índices que proporcionen señal en al menos un canal, preferiblemente los dos canales, por cada ciclo. Al seguir estas directrices, se evitan las combinaciones de índices que solo dan lugar a bases G en cualquier ciclo.

- ▶ Canal rojo: A o C
- ▶ Canal verde: A o T

Este proceso de llamada de bases garantiza la precisión al analizar muestras de bajo plexado.

## Puntuación de calidad

Una puntuación de calidad, o puntuación Q, es una predicción de la probabilidad de obtener una llamada de bases incorrecta. Una puntuación Q superior implica que la llamada de bases tiene una calidad mayor y es más probable que sea correcta.

La puntuación Q es una forma concisa de comunicar probabilidades de error pequeñas. Q(X) representa puntuaciones de calidad, donde X es la puntuación. En la siguiente tabla, figura la relación entre la puntuación de calidad y la probabilidad de error.

Puntuación Q, Q(X)	Probabilidad de error
Q40	0,0001 (1 entre 10 000)
Q30	0,001 (1 entre 1000)
Q20	0,01 (1 entre 100)
Q10	0,1 (1 entre 10)



### NOTA

La puntuación de calidad se basa en una versión modificada del algoritmo Phred.

Para la puntuación de calidad, se calcula un conjunto de predictores para cada llamada de bases y, a continuación, se utilizan los valores de los predictores para determinar la puntuación Q en la tabla de calidad. Las tablas de calidad se crean para proporcionar predicciones de calidad con una precisión óptima de experimentos generados mediante una configuración específica de la plataforma de secuenciación y una versión de composición química concreta.

Tras determinar la puntuación Q, los resultados se registran en archivos de llamada de bases.

# Apéndice C Archivos y carpetas de resultados

Archivos de resultados de secuenciación .....	65
Estructura de carpetas de resultados de secuenciación .....	69
Archivos de resultados de lectura .....	70
Estructura de carpetas de resultados de lectura .....	70

## Archivos de resultados de secuenciación

Tipos de archivo	Descripción, ubicación y nombre del archivo
Archivos de llamada de bases	Cada placa analizada se incluye en un archivo de llamada de bases, agregado en un archivo para cada carril y para cada ciclo. El archivo agregado contiene la llamada de bases y la puntuación de calidad codificada para cada grupo en ese carril. Data\Intensities\BaseCalls\L00[X]: los archivos se almacenan en una carpeta para cada carril. <b>[Ciclo].bcl.bgzf</b> , donde [Ciclo] representa el número de ciclo de cuatro dígitos. Los archivos de llamadas de bases se comprimen mediante el uso de la compresión de bloques gzip.
Archivo de índice de llamadas de bases	Para cada carril, un archivo de índice binario recopila la información de placas original en un par de valores para cada placa, que son el número de placa y el número de grupos para la placa. Los archivos de índice de llamadas de bases se generan al crear por primera vez un archivo de llamadas de bases para ese carril. Data\Intensities\BaseCalls\L00[X]: los archivos se almacenan en una carpeta para cada carril. <b>s_[Carril].bci</b>
Archivos de ubicación de grupos	Para cada placa, las coordenadas X e Y para cada grupo se agregan a un archivo de ubicación de grupos para cada carril. Los archivos de ubicación de grupos son el resultado de la generación de plantillas. Data\Intensities\L00[X]: los archivos se almacenan en una carpeta para cada carril. <b>s_[carril].locs</b>
Archivos de filtro	El archivo de filtro especifica si los grupos han superado los filtros. La información de filtro se añade a un archivo de filtro para cada carril y lectura. Estos archivos se generan en el ciclo 26 mediante el uso de 25 ciclos de datos. Data\Intensities\BaseCalls\L00[X]: los archivos se almacenan en una carpeta para cada carril. <b>s_[carril].filter</b>
Archivos InterOp	Archivos de informes binarios utilizados por Sequencing Analysis Viewer (SAV). Los archivos InterOp se actualizan durante el experimento. Carpeta InterOp
Archivo de configuración de RTA	Creado al inicio del experimento, el archivo de configuración de RTA contiene los parámetros de configuración del experimento. [Carpeta raíz], <b>RTAConfiguration.xml</b>
Archivo de información del experimento	Indica el nombre del experimento, el número de ciclos de cada lectura, si es una lectura indexada y el número de sectores y placas de la celda de flujo. El archivo de información del experimento se crea al inicio del experimento. [Carpeta raíz], <b>RunInfo.xml</b>
Archivos de vistas en miniatura	Una imagen en miniatura para cada canal de color (rojo y verde) para las placas 1, 6 y 12 de todas las cámaras, superficies superiores e inferiores, en cada ciclo durante la adquisición de imágenes. Thumbnail_Images\L00[X]\C[X.1]: los archivos se almacenan en una carpeta para cada carril y una subcarpeta para cada ciclo. <b>s_[carril]_[placa]_[canal].jpg</b> : en el nombre de archivo, la placa se representa con un número de cinco dígitos que indica la superficie, el sector, la cámara y la placa. Si desea obtener más información, consulte <i>Numeración de placas en la página 67</i> y <i>Asignación de nombre a imágenes en miniatura en la página 68</i> .

## Placas de la celda de flujo

Las placas son pequeñas áreas de adquisición de imágenes en la celda de flujo definidas como el campo de visión por la cámara. El número total de placas depende del número de imágenes de carriles, sectores y superficies adquiridas en la celda de flujo y del funcionamiento conjunto de las cámaras para la obtención de las imágenes.

- ▶ Las celdas de flujo de rendimiento elevado tienen un total de 864 placas.
- ▶ Las celdas de flujo de rendimiento medio tienen un total de 288 placas.

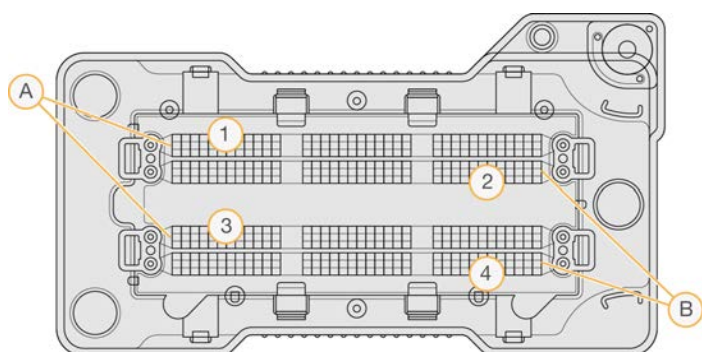
**Tabla 2 Placas de la celda de flujo**

Componente de la celda de flujo	Rendimiento elevado	Rendimiento medio	Descripción
Carriles	4	4	Un carril es un canal físico con puertos de entrada y salida específicos.
Superficies	2	2	La imagen de la celda de flujo se adquiere en dos superficies, la superior y la inferior. Primero se adquiere la imagen de la superficie superior de una placa y, a continuación, la imagen de la superficie inferior de la misma placa antes de pasar a la placa siguiente.
Sectores por carril	3	1	Un sector es una columna de placas en un carril.
Segmentos de cámara	3	3	El instrumento utiliza seis cámaras para la adquisición de imágenes de la celda de flujo en tres segmentos por carril.
Placas por sector por segmento de cámara	12	12	Una placa es el área de la celda de flujo que la cámara ve como una imagen.
Total de imágenes de placas	864	288	El número total de placas equivale a carriles × superficies × sectores × segmentos de cámara × placas por sector por segmento.

## Numeración de carriles

Las imágenes de los carriles 1 y 3, conocidos como par de carriles A, se adquieren al mismo tiempo. Las imágenes de los carriles 2 y 4, conocidos como par de carriles B, se adquieren tras la adquisición de las imágenes del par de carriles A.

**Figura 32** Numeración de carriles



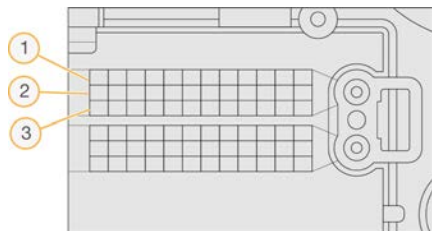
- A Par de carriles A: carriles 1 y 3
- B Par de carriles B: carriles 2 y 4



## Numeración de sectores

Las imágenes de cada carril se adquieren en tres sectores. Los sectores están numerados del 1 al 3 para las celdas de flujo de rendimiento elevado.

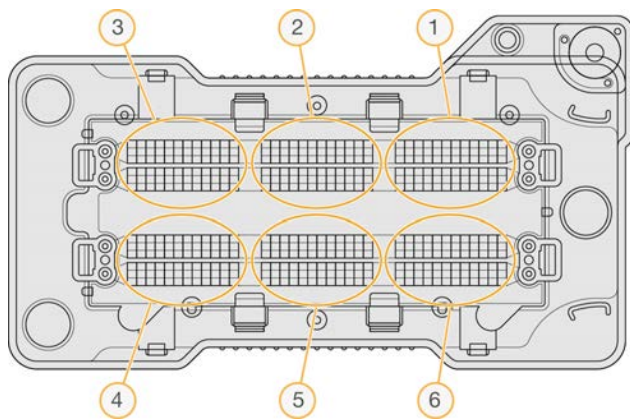
**Figura 33** Numeración de sectores



## Numeración de cámaras

El sistema NextSeq 550 utiliza seis cámaras para efectuar la adquisición de imágenes de la celda de flujo. Las cámaras están numeradas del 1 al 6. Las cámaras del 1 al 3 adquieren imágenes del carril uno. Las cámaras del 4 al 6 adquieren imágenes del carril tres. Después de adquirir imágenes de los carriles 1 y 3, el módulo de adquisición de imágenes se desplaza al eje X para obtener imágenes de los carriles 2 y 4.

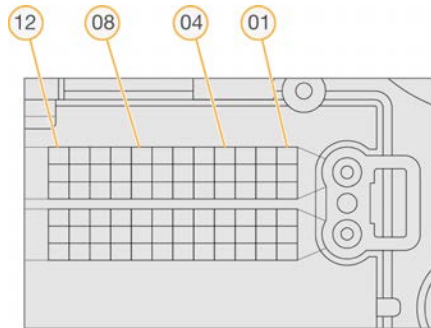
**Figura 34** Numeración de cámaras y segmentos (se muestra una celda de flujo de rendimiento elevado)



## Numeración de placas

Hay 12 placas en cada sector de cada segmento de cámara. Las placas están numeradas del 01 al 12, independientemente del número de sector o del segmento de cámara, y se representan con dos dígitos.

**Figura 35** Numeración de placas



El número de placa completo incluye cinco dígitos para la representación de la ubicación, tal y como se indica a continuación:

- ▶ **Superficie:** 1 representa la superficie superior y 2 representa la superficie inferior
- ▶ **Sector:** 1, 2 o 3
- ▶ **Cámara:** 1, 2, 3, 4, 5 o 6
- ▶ **Placa:** 01, 02, 03, 04, 05, 06, 07, 08, 09, 10, 11 o 12

**Ejemplo:** el número de placa 12508 indica la superficie superior, sector 2, cámara 5 y placa 8.

El número de placa completo de cinco dígitos se utiliza en el nombre de los archivos de imágenes en miniatura y los archivos empíricos de fase de hebra retrasada. Si desea obtener más información, consulte [Archivos de resultados de secuenciación en la página 65](#).

## Asignación de nombre a imágenes en miniatura

Se genera una imagen en miniatura para cada canal de color (rojo y verde) para las placas 1, 6 y 12 de todas las cámaras, superficies superiores e inferiores en cada ciclo durante la adquisición de imágenes. Las imágenes en miniatura se generan en el formato de archivo JPG.

Se asigna a cada imagen un nombre con el número de placa tal y como indica la convención de nomenclatura siguiente, que siempre empieza por **s\_**:

- ▶ **Carril:** 1, 2, 3 o 4
- ▶ **Placa:** número de placa de cinco dígitos que indica la superficie, el sector, la cámara y la placa
- ▶ **Canal:** rojo o verde

**Ejemplo:** s\_3\_12512\_green.jpg, que indica el carril 3, la superficie superior, el sector 2, la cámara 5, la placa 12 y el canal verde.


## Estructura de carpetas de resultados de secuenciación

El software de control genera el nombre de la carpeta de resultados de forma automática.

### **Data** (Datos)

#### **Intensities** (Intensidades)

##### **BaseCalls** (Llamada de bases)

 **L001**: archivos de llamada de bases para el carril 1, agregados en un archivo por ciclo.

 **L002**: archivos de llamada de bases para el carril 2, agregados en un archivo por ciclo.

 **L003**: archivos de llamada de bases para el carril 3, agregados en un archivo por ciclo.

 **L004**: archivos de llamada de bases para el carril 4, agregados en un archivo por ciclo.

 **L001**: un archivo \*.locs agregado para el carril 1.

 **L002**: un archivo \*.locs agregado para el carril 2.

 **L003**: un archivo \*.locs agregado para el carril 3.

 **L004**: un archivo \*.locs agregado para el carril 4.

### **Images** (Imágenes)


#### **Focus** (Enfoque)

 **L001**: imágenes de enfoque para el carril 1.


 **L002**: imágenes de enfoque para el carril 2.

 **L003**: imágenes de enfoque para el carril 3.


 **L004**: imágenes de enfoque para el carril 4.

 **InterOp**: archivos binarios utilizados por Sequencing Analysis Viewer (SAV).

 **Logs (Registros)**: archivos de registro que describen los pasos operativos.

 **Recipe (Fórmula)**: archivo de la fórmula específico del experimento con el nombre del ID del cartucho de reactivo.

 **RTALogs** (Registros de RTA): archivos de registro que describen los pasos del análisis.

 **Thumbnail\_Images** (Miniatura\_Imágenes): imágenes en miniatura para las placas 1, 6 y 12 en cada sector de cada ciclo.

 RTAComplete.xml

 RTAConfiguration.xml

 RunInfo.xml


















 RunNotes.xml

 RunParameters.xml

## Archivos de resultados de lectura

Tipos de archivo	Descripción, ubicación y nombre del archivo
Archivos GTC	<p>Archivo de llamada de genotipo. Se genera un archivo GTC para cada muestra que se escanea en el BeadChip. En el nombre del archivo, se incluye el código de barras y la muestra escaneada.</p> <p><b>[código de barras]_[muestra].gtc</b></p>
Archivos de imagen	<p>Los archivos de imagen se nombran de acuerdo con el área escaneada del BeadChip. En el nombre, se incluye el código de barras, la muestra y la sección en el BeadChip, el sector y el canal de adquisición de imágenes (rojo o verde).</p> <p><b>[código de barras]_[muestra]_[sección]_[sector]_[cámara]_[placa]_[canal].jpg</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Código de barras:</b> el nombre de archivo comienza con el código de barras del BeadChip.</li> <li>• <b>Muestra:</b> un área del BeadChip, numerada como fila (ROX) de arriba abajo y columna (COX) de izquierda a derecha.</li> <li>• <b>Sección:</b> fila numerada dentro de una muestra.</li> <li>• <b>Sector:</b> las imágenes de los BeadChips se adquieren en forma de grupo de placas superpuestas. Por tanto, para adquirir la imagen de la sección solo se utiliza un sector.</li> <li>• <b>Cámara:</b> la cámara empleada para capturar la imagen.</li> <li>• <b>Placa:</b> un área de adquisición de imágenes definida como campo de visión por la cámara.</li> <li>• <b>Canal:</b> un canal es verde o rojo.</li> </ul>

## Estructura de carpetas de resultados de lectura

-  **[Fecha]\_[Nombre de instrumento]\_[N.º de lectura]\_[Código de barras]**
  -  **[Código de barras]**
    -  **Config** (Configuración)
      -  Effective.cfg: registra los ajustes de configuración utilizados durante la lectura.
    -  **Focus** (Enfoque): contiene archivos de imagen usados para enfocar la lectura.
    -  **Logs** (Registros): contiene archivos de registro en los que se recogen todos los pasos llevados a cabo durante la lectura.
    -  **PreScanDiagnosticFiles** (Archivos de diagnóstico previo a la lectura)
      -  **[Fecha\_Hora] Barcode Scan** (Lectura de código de barras)
        -  ProcessedBarcode.jpg: imagen del código de barras del BeadChip.
      -  Diagnóstico de lectura (archivos de registro)
      -  PreScanChecks.csv: registra los resultados de la comprobación automática.
    -  Archivos GTC: archivos de llamada de genotipo (un archivo por muestra).
    -  Archivos IDAT: [Opcional] archivos de datos de intensidad (dos archivos por muestra; uno por cada canal).
    -  Archivos de imagen: imágenes de la lectura correspondientes a cada muestra, sección, sector, cámara, placa y canal.
    -  [Código de barras]\_sample\_metrics.csv
    -  [Código de barras]\_section\_metrics.csv
  -  ScanParameters.xml

# Apéndice D Consideraciones sobre el modo de investigación del NextSeq 550Dx

Introducción .....	71
Compatibilidad de los consumibles de NextSeq 550Dx .....	71
Inicio del instrumento NextSeq 550Dx .....	72
Indicadores de modo del instrumento NextSeq 550Dx .....	73
Opciones de reinicio y apagado del NextSeq 550Dx .....	73

## Introducción

Las instrucciones de esta guía, con algunas excepciones, se aplican al instrumento NextSeq 550Dx cuando está en modo de investigación con NCS v4.0 o una versión posterior. Cuando esté en el modo de investigación con NCS v3.0, consulte *Modo de investigación del NextSeq 550Dx en la guía de referencia del instrumento* (n.º de documento 1000000041922).

La fuente de las instrucciones generales del software Local Run Manager depende del modo que esté en uso en el instrumento NextSeq 550Dx. Cuando esté en el modo de investigación, consulte la *Guía del software Local Run Manager* (n.º de documento 1000000002702). Cuando esté en el modo de diagnóstico, consulte las instrucciones del software Local Run Manager en la *Guía de referencia del instrumento NextSeq 550Dx* (n.º de documento 1000000009513). El software Local Run Manager no está disponible para NCS v3.0.

Las diferencias entre el NextSeq 550Dx en modo de investigación y el NextSeq 550 incluyen lo siguiente.

- ▶ Compatibilidad de consumibles.
- ▶ Puesta en servicio del instrumento.
- ▶ Reinicio y apagado del instrumento.

## Compatibilidad de los consumibles de NextSeq 550Dx

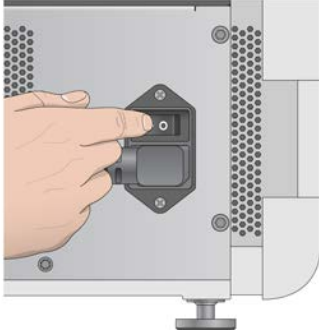
Para llevar a cabo un experimento de secuenciación en el NextSeq 550Dx es necesario utilizar el kit de reactivos de rendimiento elevado de NextSeq 550Dx o el kit de NextSeq 550/550 de un solo uso.

Si utiliza un kit de reactivos de rendimiento elevado de NextSeq 550Dx para un experimento en modo de investigación, todos los componentes deben ser del mismo lote de kit. Un kit de NextSeq 550/550 no se puede utilizar para un experimento en modo de diagnóstico.

## Inicio del instrumento NextSeq 550Dx

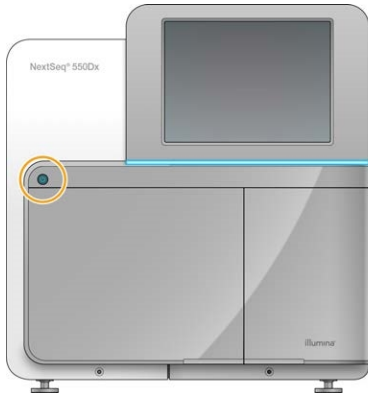
Coloque el interruptor de encendido principal en la posición I (Encendido).

**Figura 36** Interruptor de alimentación situado en la parte trasera del instrumento



- 1 Pulse el botón de encendido situado sobre el compartimento de reactivos. El botón de encendido enciende la alimentación del instrumento e inicia el ordenador y el software integrados en él. De manera predeterminada, el instrumento se reinicia y pasa al modo de diagnóstico.

**Figura 37** Botón de encendido situado en la parte delantera del instrumento



- 2 Espere hasta que el sistema operativo se haya cargado completamente. El software operativo de NextSeq 550Dx (NOS) abre e inicia el sistema de manera automática. Una vez finalizada la inicialización, se abre la pantalla de inicio.
- 3 Introduzca el nombre de usuario y la contraseña de Local Run Manager. Para obtener más información sobre las contraseñas de Local Run Manager, consulte la *Guía de referencia del instrumento NextSeq 550Dx* (n.º de documento 100000009513).
- 4 Seleccione **Login** (Iniciar sesión). La pantalla de inicio se abre junto con los iconos Sequence (Secuenciar), Local Run Manager, Manage Instrument (Administrar instrumento) y (Perform Wash) Realizar lavado.
- 5 Utilice el comando de reinicio en modo de investigación en NOS para apagar el instrumento de forma segura y reiniciar para entrar en el modo de investigación.
  - ▶ Seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
  - ▶ Seleccione **Reboot / Shutdown** (Reiniciar / Apagar).
  - ▶ Seleccione **Reboot to RUO** (Reiniciar en modo de investigación).

- 6 Espere hasta que el sistema operativo se haya cargado completamente. El NCS abre e inicia el sistema automáticamente. Una vez finalizada la inicialización, se abre la pantalla de inicio.
- 7 Si su sistema se ha configurado para solicitar credenciales de inicio de sesión, abra sesión en Windows con el nombre de usuario y la contraseña de su centro.



**NOTA**

Si no está seguro del modo en que se encuentra el instrumento, consulte *Indicadores de modo del instrumento NextSeq 550Dx*.

## Indicadores de modo del instrumento NextSeq 550Dx

En la siguiente tabla figuran los indicadores del modo del instrumento en la pantalla de NCS o de NOS. Para obtener más información sobre cómo cambiar del modo de investigación al modo de diagnóstico, consulte *Opciones de reinicio y apagado del NextSeq 550Dx en la página 73*.

Modo	Pantalla de inicio	Barra de color	Orientación de icono de estado
Modo de diagnóstico	Bienvenido a NextSeqDx	Azul	Horizontal
Modo de investigación	Bienvenido a NextSeq	Naranja	Vertical

## Opciones de reinicio y apagado del NextSeq 550Dx

Acceda a las siguientes funciones del NextSeq 550Dx cuando esté en modo de investigación, seleccionando el botón Opciones de apagado:

- ▶ Reboot to Dx (Reiniciar en Dx): el instrumento se abre en el modo de diagnóstico.
- ▶ Reboot to RUO (Reiniciar en modo de investigación): el instrumento se abre en el modo de investigación.
- ▶ Shutdown (Apagado): el instrumento se abre en el modo de diagnóstico.
- ▶ Exit to Windows (Salir a Windows): en función de sus permisos, puede cerrar NCS y ver el sistema Windows.



**NOTA**

Si utiliza NextSeq 550Dx en modo de investigación, al volver al modo de diagnóstico se le solicita realizar un lavado posterior al experimento.

## Reinicio en modo de diagnóstico

Utilice el comando de reinicio en Dx para apagar el instrumento de forma segura y reiniciar para entrar en el modo de diagnóstico.

- 1 Seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
- 2 Seleccione **Shutdown Options** (Opciones de apagado).
- 3 Seleccione **Reboot to Dx** (Reiniciar en Dx).

## Reinicio en modo de investigación

Utilice el comando de reinicio en modo de investigación para apagar el instrumento de forma segura y reiniciarlo para entrar en el modo de investigación.

- 1 Seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).

- 2 Seleccione **Shutdown Options** (Opciones de apagado).
- 3 Seleccione **Reboot to RUO** (Reiniciar en modo de investigación).

## Apagado del instrumento

- 1 Seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
- 2 Seleccione **Shutdown Options** (Opciones de apagado).
- 3 Seleccione **Shutdown** (Apagar).

El comando Shut Down (Apagar) cierra el software de forma segura y apaga la alimentación del instrumento. Espere al menos 60 segundos antes de volver a encender el instrumento.



### NOTA

De manera predeterminada, el instrumento se reinicia y pasa el modo de diagnóstico cuando se enciende.



### PRECAUCIÓN

**No** cambie la posición del instrumento. Si lo mueve de forma incorrecta, la alineación óptica podría verse afectada y comprometer la integridad de los datos. Si debe cambiar la posición del instrumento, póngase en contacto con su representante de Illumina.

## Salir a Windows

El comando Exit to Windows (Salir a Windows) proporciona acceso al sistema operativo del instrumento y a cualquier carpeta en el ordenador del instrumento. El comando cierra de forma segura el software y sale a Windows.

- 1 Seleccione **Manage Instrument** (Administrar instrumento).
- 2 Seleccione **Shutdown Options** (Opciones de apagado).
- 3 Seleccione **Exit to Windows** (Salir a Windows).



# Índice alfabético

## A

- actualización del software 42
- adaptador
  - cargar BeadChip 35
  - descripción general 6
  - orientación del BeadChip 33
- administrar instrumento
  - apagado 44
- adquisición de imágenes, secuenciación de dos canales 62
- ajustes de configuración 57
- alertas de estado 5
- algoritmo Phred 64
- análisis
  - archivos de resultados 65
  - opciones 21-22
- análisis, principal
  - pureza de la señal 63
- apagado del instrumento 44
- archivos de entrada, lectura
  - archivos de grupos 31, 53
  - archivos de manifiesto 31, 53
  - carpeta DMAP 31
  - carpeta DMAP, descarga 32
- archivos de filtros 65
- archivos de llamadas de bases 65
- archivos de registro
  - GlobalLog 61
  - LaneNLog 61
- archivos de resultados 65
- archivos de resultados de lectura
  - GTC, IDAT 70
- archivos de resultados, lectura
  - GTC, IDAT 70
- archivos de resultados, secuenciación 65
- archivos GTC 70
- archivos InterOp 45, 65
- archivos locs 65
- asistencia al cliente 79
- asistencia técnica 79
- ayuda
  - documentación 2
- ayuda, técnica 79

## B

- barra de estado 3

- BaseSpace Sequence Hub 1, 22
  - configuración 58
  - iconos de transferencia 28
  - inicio de sesión 22, 52
- BeadChip
  - adaptador 6, 33
  - análisis 1
  - cargar 35
  - fallo de registro 52
  - no se puede leer el código de barras 52
  - orientación del código de barras 33
  - tipos 1
- botón de encendido 6, 11

## C

- carpeta de resultados 21
- carpeta DMAP
  - Decode File Client 31
  - descargar 32
- cartucho de reactivo
  - depósito n.º 28 39
  - descripción general 9
  - preparación 18
- cartucho de tampones 10, 25
- celda de flujo
  - adquisición de imágenes 67
  - asignación de nombre a archivos de imagen 68
  - descripción general 8
  - embalaje 19
  - limpieza 19
  - numeración de carriles 66
  - numeración de placas 67
  - número de sector 67
  - pares de carriles 8
  - pasadores de alineación 23
  - placas 66
  - rehibridación 50
  - tipos 1
- ciclos en una lectura 17
- compartimento de adquisición de imágenes 3
- compartimento de reactivos 3
- compartimento de tampones 3
- compartimento del filtro de aire 3-4
- compatibilidad
  - seguimiento de RFID 9
- componentes
  - barra de estado 3

- compartimento de adquisición de imágenes 3
- compartimento de reactivos 3
- compartimento de tampones 3
- compartimento del filtro de aire 3
- comprobación del sistema 54
- comprobación previa al experimento 27, 35
- configuración del experimento, opción avanzada 13
- consideraciones sobre el indexado 63
- consumibles
  - agua de laboratorio 15
  - cartucho de reactivo 9
  - cartucho de tampones 10
  - celda de flujo 8
  - consumibles de lavado 38-39
  - experimentos de secuenciación 14
  - mantenimiento del instrumento 15
- consumibles suministrados por el usuario 14-15
- crear un experimento 18
- criterios de medición
  - ciclos de densidad de grupos 28
  - ciclos de intensidad 28
  - llamada de bases 62
- criterios de medición del experimento 27

## D

- Decode File Client 31
  - acceso por el BeadChip 33
  - acceso por la cuenta 32
- directrices para el agua de laboratorio 15
- documentación 2, 79
- duración del experimento 17

## E

- errores
  - probabilidad 64
- errores de la comprobación previa al experimento 47
- errores y advertencias 5
  - archivos de resultados 61
- experimentos
  - crear 18

## F

- filtro de aire 41
- filtro de castidad 63

- flujo de trabajo
  - BeadChip 35
  - cartucho de reactivo 18, 26
  - cartucho de tampones 25
  - celda de flujo 23
  - comprobación previa al experimento 27, 35
  - consideraciones sobre el indexado 63
  - criterios de medición del experimento 27
  - descripción general 17, 32
  - duración del experimento 17
  - hipoclorito de sodio 39
  - inicio de sesión en BaseSpace Sequence
    - Hub 22, 52
  - Local Run Manager 22
  - modo Local Run Manager 17, 22
  - modo manual 23
  - NCS 22
  - opción de carga avanzada 13
  - preparación de la celda de flujo 19
  - puerta del compartimento de la celda de flujo 21
  - reactivos usados 24
  - secuenciación 61
- flujo de trabajo de secuenciación 17, 61
- formación en línea 2
- formamida, posición 6 26

## G

- generación de plantillas 61
- grupos que superan el filtro 63

## H

- hebras adelantadas 62
- hebras retrasadas 62
- hipoclorito de sodio, lavado 39

## I

- iconos
  - errores y advertencias 5
  - estado 5
  - minimizar NCS 6
- imágenes en miniatura 65
- instrumento
  - ajustes de configuración 57
  - botón de encendido 6
  - puesta en servicio 11
- intensidades 62

interruptor de encendido 11

## L

lavado

- automático 29
- componentes de lavado 38
- consumibles suministrados por el usuario 38
- lavado manual 38

lavado del instrumento 38

lavado posterior al experimento 29

lavado posterior al experimento. 29

llamada de bases 62

- consideraciones sobre el indexado 63

Local Run Manager 21-22

- crear un experimento 18

- módulos 21

longitud de lectura 17

## M

mantenimiento del instrumento

- consumibles 15

mantenimiento preventivo 38

Mensaje de error de RAID 56

modo de experimento

- Local Run Manager 22

- manual 22-23

modo manual

- crear un experimento 18

módulos 21

## N

NextSeq 550Dx

- apagado 73
- apagado del instrumento 74
- indicadores de modo 73
- inicialización de software 72
- interruptor de alimentación 72
- nombre de usuario y contraseña del sistema 72
- puesta en marcha del sistema 72
- reiniciar 73
- reiniciar instrumento a RUO 73
- reiniciar instrumento en Dx 73
- reinicio de instrumento 73
- salida a Windows 74
- software Local Run Manager 71
- nombre de usuario y contraseña 11

nombre de usuario y contraseña del sistema 11

numeración de cámaras 67

numeración de carriles 66

numeración de placas 67

numeración de sectores 67

## O

opción de carga avanzada 13

## P

parámetros de experimento

- editar parámetros 22

- modo Local Run Manager 22

- modo manual 23

pares de carriles 66

puerta del compartimento de la celda de flujo 21

puntuaciones Q 64

purgar consumibles 14

## R

reactivos

- desecho correcto 26

reactivos usados

- contenedor lleno 50

- desecho 24, 40

rehibridación del cebador 50

rehibridación, Lectura 1 50

RTA v2

- cierre 60

RTA2

- gestión de errores 61

RTAv2

- descripción general 60

RunInfo.xml 45, 65

## S

secuenciación

- consumibles suministrados por el usuario 14

Servicio de copia universal 29

Servicio de supervisión proactiva de Illumina 13

software

- actualización automática 43

- actualización manual 43

- ajustes de configuración 57

- análisis de imágenes, llamadas de bases 4

- crear un experimento 18

- duración del experimento 17
- inicialización 11
- integrado en el instrumento 4
- software BlueFuse Multi 1
- software de análisis en tiempo real 1, 4
  - resultados 65
- software de control 4
- solución de problemas
  - archivos específicos de la lectura 46
  - archivos específicos del experimento 45
  - comprobación del sistema 54
  - comprobación previa al experimento 47
  - contenedor de reactivos usados 50
  - criterios de medición de baja calidad 50
  - fallo de registro de lectura 52
  - no se puede leer el código de barras del BeadChip 52
  - opciones de contacto 45
  - sustitución de los archivos de manifiesto y de grupos 53
- superar el filtro (PF) 63

## T

- tablas de calidad 64
- transferencia de datos
  - datos de lectura 37
  - iconos de actividad 28
  - servicio de copia universal 29

## U

- ubicación de carpeta 23
- ubicación de grupos
  - archivos 65
  - generación de plantillas 61

## V

- Visor del análisis de secuenciación 16

## W

- Windows
  - acceder 6
  - contraseña 6

# Asistencia técnica

Si necesita asistencia técnica, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.

Sitio web: [www.illumina.com](http://www.illumina.com)  
Correo electrónico: [techsupport@illumina.com](mailto:techsupport@illumina.com)

## Números del servicio de asistencia al cliente de Illumina

Región	Teléfono gratuito	Regional
Norteamérica	+1.800.809.4566	
Alemania	+49 8001014940	+49 8938035677
Australia	+1.800.775.688	
Austria	+43 800006249	+43 19286540
Bélgica	+32 80077160	+32 34002973
China	400.066.5835	
Dinamarca	+45 80820183	+45 89871156
España	+34 911899417	+34 800300143
Finlandia	+358 800918363	+358 974790110
Francia	+33 805102193	+33 170770446
Hong Kong	800960230	
Irlanda	+353 1800936608	+353 016950506
Italia	+39 800985513	+39 236003759
Japón	0800.111.5011	
Noruega	+47 800 16836	+47 21939693
Nueva Zelanda	0800.451.650	
Países Bajos	+31 8000222493	+31 207132960
Reino Unido	+44 8000126019	+44 2073057197
Singapur	+1.800.579.2745	
Suecia	+46 850619671	+46 200883979
Suiza	+41 565800000	+41 800200442
Taiwán	00806651752	
Otros países	+44.1799.534000	

Hojas de datos de seguridad (SDS): disponibles en el sitio web de Illumina, [support.illumina.com/sds.html](http://support.illumina.com/sds.html).

Documentación del producto: disponible para su descarga en formato PDF en el sitio web de Illumina. Vaya a [support.illumina.com](http://support.illumina.com), seleccione un producto y, a continuación, seleccione **Documentation & Literature** (Documentación y bibliografía).



Illumina

5200 Illumina Way

San Diego, California 92122 (EE. UU.)

+ 1 800 809 ILMN (4566)

+ 1 858 202 4566 (fuera de Norteamérica)

[techsupport@illumina.com](mailto:techsupport@illumina.com)

[www.illumina.com](http://www.illumina.com)

**Para uso exclusivo en investigación.  
Prohibido su uso en procedimientos de diagnóstico.**

© 2018 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados.

**illumina**<sup>®</sup>