



# PROGRAMA DE USO COMPARTIDO DEL EQUIPO DE SECUENCIAMIENTO MISEQ

**“ADQUISICIÓN DE UN SECUENCIADOR MASIVO DE NUEVA GENERACIÓN PARA EL  
ANÁLISIS GENÓMICO Y METAGENÓMICO DE MICROORGANISMOS DE INTERÉS EN  
SALUD, BIOTECNOLOGÍA Y MEDIO AMBIENTE”**

**CONTRATO 288-INNOVATEPERU-EC-2017**

## PRESENTACIÓN

El presente documento detalla las aplicaciones del Secuenciador masivo Miseq, adquirido mediante el proyecto contrato N° 288-INNOVATEPERU-EC-2017, y que puede ser usado en diversos campos de investigación. Además, se da cuenta del procedimiento que debe seguir para poder acceder al servicio de secuenciamiento usando este equipo. Finalmente se detalla el tarifario para 2 aplicaciones principales.

## LABORATORIO ENCARGADO:

Laboratorio de Biología y Genética Molecular (UBIGEM), Facultad de Medicina Veterinaria,  
UNMSM

- Responsable : Dr. Lenin Maturrano Hernandez
- Dirección : Av. Circunvalación Cdra28, San Borja, Lima
- Teléfono : 619-7000 Anexo 5037
- Correo : [genmoleculat.fmv@unmsm.edu.pe](mailto:genmoleculat.fmv@unmsm.edu.pe)
- Facebook : [www.facebook.com/ubigem](http://www.facebook.com/ubigem)
- Página web : [ubigem.wixisite.com](http://ubigem.wixisite.com)





## 1. APLICACIONES QUE PUEDEN REALIZARSE CON EL EQUIPO:

Existe una amplia variedad de aplicaciones que pueden llevarse a cabo bajo la plataforma de secuenciamiento Miseq, principalmente:

- Secuenciamiento de genoma completo de microorganismos (virus, bacterias y parásitos)
- Metagenómica bacteriana (16S rRNA) y viral
- RNA-seq, Análisis de smallRNA y miRNA
- Secuenciamiento de paneles diseñados
- Genotipificación por Secuenciamiento de amplicones.



Los reactivos, tiempo de operación y costos relacionados con el uso del equipo dependerá de la aplicación que el usuario desarrollará. La capacidad del equipo varía en un rango de 300Mb (17 horas) hasta 15 GB (56 horas) de datos de secuenciamiento por corrida con tamaños de *reads* de 75 hasta 300 pb *pair-end*, siendo capaz de secuenciar entre 1 o 2 corridas o ensayos por semana, hasta 8 ensayos mensuales y 80 anuales. El costo de cada ensayo o corrida será evaluado por el tiempo de uso del equipo, reactivos, y aplicación que decida realizar.

A continuación, se detallan los pasos para el uso compartido del secuenciador Miseq y los servicios de secuenciamiento disponibles.

## 2. PROCEDIMIENTO PARA EL USO COMPARTIDO DEL EQUIPO

### Procedimiento para solicitar el uso.

- Comunicación previa con el coordinador, Dr. Lenin Maturrano para expresar el interés de uso del equipo (correo electrónico: Lenin.maturrano@gmail.com).
- Envío de un documento solicitando el uso del equipo de parte de la entidad que va a usar el equipo, se debe adjuntar la información descrita en el siguiente punto.
- Respuesta con aceptación del uso del equipo a través de un documento con información del costo y fecha.
- Pago del costo por parte de la empresa a la Facultad de Medicina Veterinaria, UNMSM.





- Desarrollo del procedimiento en las fechas acordadas.

### Requisitos de la Institución o grupo de Investigación para el uso del equipo

La institución o Grupo de investigación deberá presentar los siguientes requisitos para poder usar el Sistema de secuenciamiento Miseq.

- Descripción breve de proyecto de investigación que soporta el desarrollo del secuenciamiento
- Aplicación de secuenciamiento que pretende desarrollar:
  - Secuenciamiento de genoma completo: Bacteria o virus
  - Metagenómica bacteriana o viral.
  - Secuenciamiento de amplicones, etc.
- Tipo de muestras a analizar y número de muestras
  - ADN o ARN purificado
  - Muestra por extraer: cultivo bacteriano, sangre, hisopado bucal, heces, etc.
  - Muestra ambiental: suelo, agua, etc.
- Número de muestras a procesar
- Protocolo de extracción de ácidos nucleicos
- Cronograma de actividades (opcional):
  - Preparación de librerías de acuerdo con la aplicación a desarrollar
  - Secuenciamiento.
- Designación del investigador del grupo de investigación que participará del desarrollo del secuenciamiento, este debe contar con experiencia en desarrollo de experimentos en biología molecular (opcional).



### 3. INSTITUCIONES QUE PUEDEN ACCEDER AL USO DEL SECUENCIADOR MASIVO

**Dependencias internas de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos**



Todos los grupos interesados en el uso del secuenciador pueden tener acceso, entre ellas las principales son:

- Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Mayor de San Marcos
  - Laboratorio de Biología y Genética Molecular (Grupo de Investigación SANIGEN)
- Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos
  - Laboratorio de Microbiología y Biotecnología Microbiana
- Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos
  - Laboratorio de Biología Molecular (Grupo de Investigación BIOMAS)

### Instituciones Externas Nacionales

Cualquier institución de investigación como universidades o institutos públicos o privados pueden solicitar el uso del equipo siempre y cuando cumplan con los requisitos indicados en el punto anterior. Actualmente se cuenta con contactos dentro de las siguientes instituciones para la realización de proyectos conjuntos que involucran el uso del secuenciador:

- Universidad Nacional del Altiplano de Puno
  - Facultad de Zootecnia y Veterinaria
- Universidad Nacional de Huancavelica
  - E.P Zootecnia



### Instituciones Externas Extranjeras

Bajo un convenio o proyecto en conjunto con la Facultad de Medicina Veterinaria, otras instituciones externas pueden hacer uso del equipo, al momento se tiene contacto con las siguientes instituciones con los cuales se tienen proyectos de colaboración conjunta:

- Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad de São Paulo
- Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de São Paulo
- Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad Federal de Minas Gerais



#### 4. PROCEDIMIENTO PARA SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO

Adicionalmente al uso compartido del secuenciador Miseq, que involucra el acompañamiento durante el diseño de secuenciamiento y análisis bioinformático, se encuentra disponible el servicio de secuenciamiento para diversas aplicaciones. Y para acceder a dicho servicio seguir los siguientes pasos:

- Comunicación previa con el coordinador, Dr. Lenin Maturrano para expresar el interés de secuenciamiento (correo electrónico: Lenin.maturrano@gmail.com).
- Pago por servicio de acuerdo al tarifario (Punto 5) a la cuenta de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos
- Entrega del material genético (ADN) purificado que será secuenciado en el Laboratorio de Biología y Genética Molecular de la UNMSM.
- Tiempo de entrega de resultados (30 días aprox.)

#### 5. COSTOS DE USO DE EQUIPO: EJEMPLO PARA SECUENCIAMIENTO DE GENOMA COMPLETO BACTERIANO

Como se explicó en el primer punto, el costo asociado con el uso del equipo dependerá de la aplicación, reactivos, número de muestras y tiempo de uso. A continuación, se muestra el tarifario para las principales aplicaciones:





## SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO METAGENÓMICO DE 16S RNA EN COMUNIDADES

### MICROBIANAS:

Aplicación destinada a la caracterización de comunidades bacterianas de un microbioma ya sea ambiental, fecal, entérico o de otro tipo.

Tarifario de Servicio de secuenciamiento: Metagenómica de 16S -Illumina Miseq

SERVICIO*	Costo (incl. IGV)
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Metagenómica de 16S Illumina Miseq System <b>5 muestras</b> 2x250bp : ~100,000 reads/muestra	7,500.00
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Metagenómica de 16S Illumina Miseq System <b>10 muestras</b> 2x250bp : ~100,000 reads/muestra	13,000.00
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Metagenómica de 16S Illumina Miseq System <b>20 muestras</b> 2x250bp : ~100,000 reads/muestra	24,000.00
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Metagenómica de 16S Illumina Miseq System <b>35 muestras</b> 2x250bp : ~100,000 reads/muestra	32,000.00
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Metagenómica de 16S Illumina Miseq System <b>50 muestras</b> 2x300bp : ~100,000 reads/muestra	40,000.00
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Metagenómica de 16S Illumina Miseq System <b>70 muestras</b> 2x300bp : ~100,000 reads/muestra	48,500.00
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Metagenómica de 16S Illumina Miseq System <b>96 muestras</b> 2x300bp : ~100,000 reads/muestra	58,000.00



\*No se incluye la extracción de ADN ni el análisis bioinformático





## SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO DE GENOMAS BACTERIANOS COMPLETOS

Aplicación destinada al secuenciamiento genómico de genomas completos bacterianos, ya sean de importancia en salud humana, animal o biotecnológico.

SERVICIO*	Costo (incl. IGV)
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Genoma completo de bacterias <b>1-2 muestras</b> 2x250bp: >50X	4,500.00
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Genoma completo de bacterias <b>5 muestras</b> 2x250bp : >50x	11,300.00
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Genoma completo de bacterias <b>8 muestras</b> 2x250bp : >50x	14,300.00
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Genoma completo de bacterias <b>12 muestras</b> 2x250bp : >50x	17,300.00
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Genoma completo de bacterias <b>15 muestras</b> 2x300bp : >50x	20,000.00
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Genoma completo de bacterias <b>20 muestras</b> 2x300bp : >50x	22,800.00
SERVICIO DE SECUENCIAMIENTO Genoma completo de bacterias <b>24 muestras</b> 2x300bp : >50x	24,800.00



\*No se incluye la extracción de ADN ni el análisis bioinformático

Dr. Lenin Maturrano Hernández  
Coordinador General  
Contrato N° 288-INNOVATEPERU-EC-2017

Dr. Lenin Maturrano Hernández  
Coordinador General de Proyecto  
Contrato N° 288 - INNOVATEPERU-EC-2017

