



## Bestellformular NextSeq-Sequenzierungsservice

(Stand: 09/2020)

Bitte drucken Sie dieses Formular aus. Um eine rasche Abarbeitung Ihres Auftrages zu gewährleisten, bitten wir Sie, alle zutreffenden Felder möglichst vollständig auszufüllen.

**Schicken oder faxen** Sie dann alle Seiten **unterscriben** an diese Adresse:

Kompetenzzentrum für Fluoreszente Bioanalytik (KFB)  
Dr. Thomas Stempf  
Am BioPark 9  
D - 93053 Regensburg

Tel: +49 (0)941 / 943-5011  
Fax: +49 (0)941 / 943-5018  
Email: info@kfb-regensburg.de

### • Auftraggeber (für Rechnungsstellung)

Titel: \_\_\_\_\_ Nachname: \_\_\_\_\_ Vorname: \_\_\_\_\_

Firma/Institut: \_\_\_\_\_

Adresse: \_\_\_\_\_

Telefon: \_\_\_\_\_ Fax: \_\_\_\_\_

Email: \_\_\_\_\_

Umsatzsteuer-Id-Nr. (nur EU-Ausland): \_\_\_\_\_

KFB-Angebotsnummer: \_\_\_\_\_ (z.B. NX200621B)

Auftrags- oder Projektnummer (falls zutreffend): \_\_\_\_\_

Apothekenummer (nur Auftraggeber aus dem Uniklinikum Regensburg): \_\_\_\_\_

Datum: \_\_\_\_\_ Unterschrift Auftraggeber: \_\_\_\_\_

## • Auftragsdetails NextSeq Sequenzierungs-Service

Probenanzahl: \_\_\_\_\_

Organismus: \_\_\_\_\_

Probentyp: **total RNA**  **genom. DNA**  **libraries, ready-to-sequence**  **sonstiges**

Sequenzierungsplattform: **NextSeq 2000**  **NextSeq 500/550**

Gesamt-Leselänge: **75 Basen**  **100 Basen**  **150 Basen**  **200 Basen**  **300 Basen**

Gewünschte Lesetiefe (Reads pro Probe): \_\_\_\_\_

ODER: Gewünschter NextSeq FlowCell Typ: \_\_\_\_\_

Voraussichtliches Datum der Probenanlieferung: \_\_\_\_\_

### Bei RNA / DNA:

Welche Extraktionsmethode wurde verwendet?  Trizol und verwandte Methoden  
 Säulenreinigung (z.B. Qiagen RNeasy)  
 \_\_\_\_\_

### Bei Zellen oder Gewebeproben:

- Handelt es sich um potenziell infektiöses Material? **Ja**  **Nein**

*Falls Ja, bitte erläutern:*

\_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_

Handelt es sich um gentechnisch veränderte Organismen (GVO) im Sinne von § 3 GenTG:

**Ja**  **Nein**

*Falls Ja, bitte erläutern:*

\_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_

## • KFB-Zusatzservice

RNA-Isolierung durch KFB: **Ja**  **Nein**

Rücksendung evtl. vorhandener Probenreste nach der Sequenzierung: **Ja**  **Nein**

Ich wünsche einen Versand der fastq-Dateien auf USB-Stick/externer Festplatte:

Ich hole die Daten persönlich ab (eigener Datenträger):

## • Probendetails

Bitte mailen Sie eine .xlsx-Datei mit Verweis auf die KFB Angebotsnummer an [info@kfb-regensburg.de](mailto:info@kfb-regensburg.de).

Die Datei sollte insbesondere folgende Informationen enthalten:

Im Falle von RNA/DNA:

- eindeutiger Probenname
- Probenkonzentration [ng/μl]
- Probenvolumen [μl]
- gewünschte Indexing/Multiplexing-Strategie

Im Falle von fertigen Libraries:

- eindeutiger Probenname
- verwendetes Library Prep Kit
- verwendete Adaptoren (inkl. Adaptor-Sequenzen)
- gewünschte Indexing/Multiplexing-Strategie