Regolamento e procedure per l'utilizzo della Strumentazione SEQUENZIATORE DI SECONDA GENERAZIONE, NEXTSEQ 1000 ILLUMINA acquisito nell'ambito del Progetto Dipartimento di Eccellenza MUR 2023-2027

DOCENTE DI RIFERIMENTO
Prof. Monica Gatti monica.gatti@unipr.it

REFERENTE TECNICO
Dott.ssa Gaia Bertani gaia.bertani@unipr.it

Approvato dallo Steering Committee del Dipartimento di Eccellenza in data 03/09/2026

Approvato dal Consiglio del Dipartimento di Scienze degli Alimenti e del Farmaco in data 09/09/2026

Descrizione della strumentazione

Il sistema NextSeq™ 1000 è una piattaforma di Sequenziamento Massivo Parallelo (SMP/NGS) di seconda generazione che utilizza la consolidata tecnologia di sequenziamento mediante sintesi (Sequencing By Synthesis, SBS) sviluppata da Illumina e basata su chimica proprietaria brevettata.
La piattaforma è progettata per garantire elevate prestazioni nell'analisi di acidi nucleici e consente l'esecuzione di sequenziamenti sia in modalità Single-End sia in modalità Paired-End, offrendo la massima flessibilità in funzione delle specifiche esigenze sperimentali. La capacità produttiva del sistema varia in base alla tipologia di corsa effettuata, con un output compreso tra 10 Gbp e 240 Gbp per run. Il numero massimo di reads ottenibili raggiunge i 400 milioni in modalità Single-End e gli 800 milioni in modalità Paired-End, consentendo l'analisi di un elevato numero di campioni e target genomici.
Il sistema è inoltre in grado di sviluppare un throughput superiore a 4 Gbp all'ora, ottimizzando i tempi di sequenziamento e aumentando l'efficienza operativa del laboratorio. L'intero processo di amplificazione clonale delle librerie è completamente automatizzato e integrato all'interno dello strumento, riducendo significativamente la necessità di interventi manuali e contribuendo alla standardizzazione delle procedure analitiche. Il modulo ottico ad alta risoluzione garantisce una rilevazione accurata dei segnali di fluorescenza durante le fasi di lettura, assicurando elevati standard qualitativi nell'acquisizione dei dati.
Le tecnologie di sequenziamento di nuova generazione (NGS) trovano applicazione in numerosi ambiti della ricerca biomedica, alimentare, biotecnologica e farmaceutica.

Personale strutturato abilitato e formatore

Cognome	Nome	Dip.to/Centro	Contatto
Levante	Alessia	Sci. Alimenti e Farmaco	alessia.levante@unipr.it
Bertani	Gaia	Sci. Alimenti e Farmaco	gaia.bertani@unipr.it
Marchi	Laura	Sci. Alimenti e Farmaco	laura.marchi@unipr.it

L'elenco del Personale abilitato viene costantemente mantenuto aggiornato e visibile all'**Allegato 2** del presente Regolamento.

Accesso alla strumentazione e utilizzo

1) I gruppi di ricerca del Dipartimento ALIFAR che hanno utenti abilitati accedono tramite il proprio personale, previa prenotazione su piattaforma Teams dedicata e gestita dal Referente Tecnico. Coloro che non hanno alcun referente, possono contattare il personale di riferimento. L'accesso rimane subordinato alla prenotazione sulla piattaforma Teams. L'utilizzo della strumentazione senza prenotazione comporta l'addebito dell'intera giornata lavorativa, pari a otto ore. L'utilizzo è consentito esclusivamente al personale che ha seguito la formazione iniziale (personale abilitato e formatore) o che è stato a sua volta formato dal personale formatore.
2) Gli utenti degli altri Dipartimenti di Ateneo e gli utenti esterni possono contattare il Responsabile Scientifico, compilando il modulo di richiesta di analisi (**Allegato 1**).

Tariffario

Per quanto concerne i costi di utilizzo della strumentazione sono previste tre categorie di utenti:

1) Utenti ALIFAR: Docenti e Ricercatori dell'Università degli Studi di Parma afferenti al Dipartimento ALIFAR;
2) Utenti Interni: Docenti e Ricercatori dell'Università degli Studi di Parma;
3) Utenti Esterni: Ricercatore e operatori di Università, Enti di Ricerca e Istituzioni pubbliche e private.

Tipologia di analisi	**UTENTI ALIFAR (euro/run)**	**UTENTI INTERNI NON ALIFAR (euro/run)**	**UTENTI ESTERNI (euro/run)**
Solo Run p1 600 cicli (Amplicon sequencing)*	372	1418	2790
Solo Run p2 300 cicli (Shotgun metagenomics and WGS)*	190	746	1446
Tipologia di analisi	**UTENTI ALIFAR (euro/campione)**	**UTENTI INTERNI NON ALIFAR (euro/campione)**	**UTENTI ESTERNI (euro/campione)**
*Amplicon sequencing** (Library preparation and sequencing) Min. 48 campioni*	90	120	130
*Whole genome sequencing bacteria** (Library preparation and sequencing) Min. 50 campioni*	150	200	210
*Shotgun metagenomics** (Library preparation and sequencing) Max output 3 Gbp, Min. 24 campioni*	260	340	350
Tipologia di analisi Analisi dei dati - Servizio aggiuntivo	**UTENTI ALIFAR (euro/campione)**	**UTENTI INTERNI NON ALIFAR (euro/campione)**	**UTENTI ESTERNI (euro/campione)**
Microbiome composition analyses for amplicon sequencing data	30	30	40
Genome assembly	20	20	30
Microbiome composition analyses for metagenome data	50	50	60

* Tariffa per singola run comprensiva della sola esecuzione del sequenziamento (tempo di utilizzo dello strumento e attività del personale tecnico dedicato), con esclusione dei materiali di consumo, dei reagenti e dell'elaborazione dei dati.

** Tariffa a campione comprensiva di reagenti, materiale consumabile, ore del tecnico dedicato. Il costo a campione è stato stimato sulla base della cartuccia utilizzata a pieno carico. E' possibile correre anche un numero inferiore di campioni ma i costi potrebbero subire variazioni.

Agli utenti ALIFAR che contribuiscono con i propri fondi di ricerca all'attivazione di contratti di manutenzione preventiva e/o assicurazione annuali (*full risk*) o al pagamento di interventi di riparazione non verranno addebitati costi, fino al pareggiamento della quota versata.

Allegato1. SEQUENZIATORE NEXTSEQ 1000 ILLUMINA– MODULO DI RICHIESTA DI ANALISI

da inviare al personale autorizzato via mail

Anagrafica Richiedente

UTENTE INTERNO ALL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI PARMA
Dip.to/Centro:
Richiedente:
Utilizzatore:
E-mail:
Telefono:

UTENTE ESTERNO
Ragione Sociale:
P.IVA/CF.
Indirizzo:
Richiedente:
Utilizzatore:
E-mail:
Telefono:

Informazioni sui campioni e il tipo di analisi

N. campioni da analizzare (specificare se si desiderano replicati)	*es. "n. di campioni totali, specificando se si desiderano replicati")*
Tipologia campioni (descrivere brevemente, specificando la matrice e il kit di estrazione utilizzato)	*es. "DNA isolato da ceppo batterico, specificare kit di estrazione utilizzato"*
Purezza e concentrazione del campione	*es. "Specificare la purezza dell'acido nucleico ottenuta tramite Nanodrop, e la concentrazione ottenuta mediante metodo spettrofluorimetrico"*
Tipologia di analisi scelta	*Es. "Specificare se si desidera Amplicon sequencing, Shotgun metagenomics o Whole genome sequencing"*
Min. Output a campione desiderato	*es. "Output min. 3 Gbp a campione"*
Fattori di rischio	☐ infiammabile ☐ irritante ☐ tossicità acuta ☐ nocivo ☐ corrosivo ☐ comburente ☐ cancerogeno/mutageno ☐ pericoloso per l'ambiente

La prenotazione può essere disdetta fino al terzo giorno lavorativo precedente alla data richiesta.

Il mancato utilizzo comporta, in assenza di disdetta in tempo utile, il pagamento del servizio.

Data …….

Firma richiedente (titolare dei fondi)

……

Allegato 2. Elenco del Personale abilitato all'utilizzo della strumentazione

Personale strutturato e formatore			
Cognome	**Nome**	**Dip.to/Centro**	**Contatto**
Levante	Alessia	Sci. Alimenti e Farmaco	alessia.levante@unipr.it
Bertani	Gaia	Sci. Alimenti e Farmaco	gaia.bertani@unipr.it
Marchi	Laura	Sci. Alimenti e Farmaco	laura.marchi@unipr.it
Personale strutturato abilitato			
Cognome	**Nome**	**Dip.to/Centro**	**Contatto**
Personale utilizzatore			