

illumina®

MiSeq i100 Series

Documentación del producto

PROPIEDAD EXCLUSIVA DE ILLUMINA

N.º de documento 200055785 v02

Octubre de 2025

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

Este documento y su contenido son propiedad exclusiva de Illumina, Inc. y sus empresas vinculadas ("Illumina"), y están previstos solamente para el uso contractual de sus clientes en relación 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 de 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, autor ni consuetudinarios o derechos similares de terceros.

Para garantizar el uso correcto y seguro de los productos descritos en este documento, el personal cualificado y adecuadamente capacitado debe seguir las instrucciones incluidas en él de manera rigurosa y expresa. Se debe leer y entender por completo 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 DESCRIPTAS EN ESTE, PODRÍAN PRODUCIRSE DAÑOS EN EL PRODUCTO, LESIONES PERSONALES (TANTO EN LOS USUARIOS COMO EN 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 (LO QUE INCLUYE LAS PIEZAS O EL SOFTWARE).

© 2025 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados.

Todas las marcas comerciales pertenecen a Illumina, Inc. o a sus respectivos propietarios. Si desea obtener información concreta sobre las marcas comerciales, consulte www.illumina.com/company/legal.html.

Índice

Cumplimiento y seguridad	1
Consideraciones de seguridad y marcas	1
Marcas normativas y de cumplimiento del producto	2
Descripción general del sistema	5
Descripción general de la secuenciación	8
Flujo de trabajo de secuenciación	10
Componentes del instrumento	10
Software integrado	13
Preparación del centro	20
Requisitos del laboratorio	21
Requisitos eléctricos	22
Sistema de alimentación ininterrumpida	24
Consideraciones medioambientales	24
Conexiones de red	25
Consumibles y equipos	28
Consumibles de secuenciación	28
Consumibles y equipos proporcionados por el usuario	32
Instalación	35
Primera configuración	36
Ajustes	41
Personas	41
Instrumento	47
Red	53
Análisis	60
Cebadores personalizados	65
Preparación y adición de cebadores personalizados	65
Planificación de un experimento utilizando cebadores personalizados	66
Configuraciones del kit	67
Protocolo	68
Inicio y cierre de sesión	68
Planificación de un experimento de secuenciación	69

Inicio de un experimento de secuenciación	76
Preparación del cartucho seco	79
Carga de los consumibles	80
Comprobaciones previas al experimento	81
Supervisión del progreso del experimento	81
Expulsión de consumibles usados	83
Resultados de secuenciación	89
Real-Time Analysis	89
Archivos de resultados de secuenciación	91
Archivos de resultados DRAGEN Secondary Analysis	93
Mantenimiento	94
Soporte remoto	94
Apagado o reinicio del instrumento	94
Pedestal (retirada y fijación)	95
Reubicación del instrumento	97
Sustitución del filtro de aire	97
Sustitución de la almohadilla de la bandeja para gotas	98
Mantenimiento preventivo	100
Preparación del instrumento para la devolución	100
Solución de problemas	105
Recursos y referencias	106
Historial de revisiones	106

Cumplimiento y seguridad

En esta sección se proporciona información de seguridad importante relativa a la instalación, el servicio y el funcionamiento del MiSeq i100 Series. En esta sección, se incluyen enunciados sobre el cumplimiento y los aspectos normativos del producto. Lea esta sección antes de realizar cualquier procedimiento en el sistema.

El país de origen y la fecha de fabricación del sistema se muestran impresos en la etiqueta del instrumento.

Consideraciones de seguridad y marcas

En esta sección se identifican los posibles peligros asociados a la instalación, el mantenimiento y el funcionamiento del instrumento. No utilice el instrumento ni interactúe con este de manera que le exponga a cualquiera de estos peligros.

Advertencias de seguridad general

Asegúrese de que todo el personal haya recibido formación sobre el funcionamiento correcto del instrumento y sobre cualquier posible consideración de seguridad.



Siga todas las instrucciones de funcionamiento cuando trabaje en las zonas marcadas con esta etiqueta con el fin de reducir al mínimo los riesgos para el personal o el instrumento.

Advertencias de seguridad eléctrica

No retire los paneles externos del instrumento. No hay componentes que el usuario pueda reparar en el interior del instrumento. Poner en funcionamiento el instrumento estando alguno de estos paneles retirado constituye una posible exposición a la tensión de línea, así como a tensiones de CC.



El instrumento cuenta con una tensión de 100 a 240 voltios de CA a una frecuencia de 50/60 Hz. Las fuentes de tensión peligrosas se encuentran detrás de los paneles laterales y posteriores, pero también puede accederse a ellas si se retiran otros paneles. El instrumento sigue teniendo cierta tensión aunque esté apagado. Utilícelo con todos los paneles intactos para evitar descargas eléctricas.

Para conocer las especificaciones del cable de alimentación y obtener información sobre la toma a tierra de protección y los fusibles, consulte los [Requisitos eléctricos, en la página 22](#).

Advertencia de seguridad de superficie caliente

No utilice el instrumento si se ha retirado alguno de los paneles.

Advertencia de seguridad de objeto pesado



El instrumento pesa aproximadamente 36 kg (79,4 lb) y podría provocar lesiones graves si se cae o se maneja de forma indebida. Se necesitan dos personas para mover o reubicar el instrumento.

Advertencia de seguridad mecánica

Mantenga los dedos apartados de la puerta de consumibles al cargar y descargar cartuchos de reactivos.

Marcas normativas y de cumplimiento del producto

Directiva sobre residuos de aparatos eléctricos y electrónicos (RAEE)



Esta etiqueta indica que el instrumento cumple la directiva sobre residuos de aparatos eléctricos y electrónicos (RAEE).



Visite support.illumina.com/weee-recycling.html para obtener instrucciones sobre el reciclado del equipo.

Exposición humana a radiofrecuencia

Este equipo cumple los límites de exposición humana a campos eléctricos (CEM) para dispositivos que funcionen dentro del intervalo de frecuencia de 0 Hz a 10 GHz, que se emplea en la identificación de radiofrecuencia (RFID) dentro de un entorno laboral o profesional. (EN 50364:2010, sección 4.0)

Para más información sobre el cumplimiento de la RFID, consulte *Guía de cumplimiento del lector de RFID* (n.º de documento 1000000002699).

Consideraciones sobre la compatibilidad electromagnética

Este equipo se ha diseñado y probado de conformidad con la norma CISPR 11, clase A. En un entorno doméstico, podría producir perturbaciones radioeléctricas. Si esto ocurriera, podría tener que mitigarlas.

No utilice el dispositivo cerca de fuentes de radiación electromagnética intensa, ya que pueden interferir en el funcionamiento correcto del sistema.

Declaraciones reglamentarias y de cumplimiento

Cumplimiento de las normas de la FCC

Este dispositivo cumple el artículo 15 de las normas de la FCC. El funcionamiento está sujeto a estas dos condiciones:

- Este dispositivo no puede causar interferencias dañinas.

- Este dispositivo debe aceptar cualquier interferencia recibida, incluidas aquellas que puedan derivar en un funcionamiento no deseado.

! Los cambios o las modificaciones realizados en esta unidad que no haya aprobado de manera expresa la parte responsable del cumplimiento normativo podrían anular la autorización del usuario para utilizar el equipo.

i Este equipo se ha probado y se ha determinado que cumple los límites de un dispositivo digital de clase A conforme al artículo 15 de las normas de la FCC. Estos límites se han diseñado para ofrecer una protección adecuada frente a interferencias perjudiciales cuando el equipo se utilice en un entorno comercial.

Este equipo genera, utiliza y puede irradiar energía de radiofrecuencia y, si no se instala ni se utiliza de acuerdo con el manual del instrumento, puede causar interferencias perjudiciales en las comunicaciones por radio. Es probable que el funcionamiento de este equipo en una zona residencial produzca interferencias perjudiciales, en cuyo caso se solicitará a los usuarios que corrijan dichas interferencias por sus propios medios.

Cumplimiento de las normas de Brasil

Este equipamento não tem direito à proteção contra interferência prejudicial e não pode causar interferência em sistemas devidamente autorizados. Para maior informação, acesse www.anatel.gov.br.

Cumplimiento de las normas de la IC

Este aparato digital de clase A cumple todos los requisitos de la normativa canadiense relativa a equipos que producen interferencias.

Este dispositivo cumple las normas de RSS para dispositivos exentos de licencia de Industry Canada. El funcionamiento está sujeto a estas dos condiciones:

- Este dispositivo no puede causar interferencias.
- Este dispositivo debe aceptar cualquier interferencia, incluidas aquellas que puedan derivar en un funcionamiento no deseado del dispositivo.

Cumplimiento de las normas de Japón

型式指定を取得した高周波利用設備が内蔵されています。

Cumplimiento de las normas de Nigeria

La Comisión de Comunicaciones de Nigeria permite la conexión y el uso de este equipo de comunicaciones.

Cumplimiento de las normas de Corea

해당 무선 설비는 운용 중 전파 혼신 가능성이 있음.

A급 기기(업무용 방송통신기자재)

이 기기는 업무용(A급) 전자파적합기기로서 판매자 또는 사용자는 이 점을 주의하시기 바라며, 가정 외의 지역에서 사용하는 것을 목적으로 합니다.

Cumplimiento de las normas NCC de Taiwán

本產品內含射頻模組：



低功率電波輻射性電機管理辦法 第十二條 經型式認證合格之低功率射頻電機，非經許可，公司、商號或使用者均不得擅自變更頻率、加大功率或變更原設計之特性及功能。第十四條 低功率射頻電機之使用不得影響飛航安全及干擾合法通信；經發現有干擾現象時，應立即停用，並改善至無干擾時方得繼續使用。前項合法通信，指依電信法規定作業之無線電通信。低功率射頻電機須忍受合法通信或工業、科學及醫療用電波輻射性電機設備之干擾。

Cumplimiento de las normas de Tailandia

Este equipo de telecomunicaciones satisface los requisitos de la Comisión Nacional de Telecomunicaciones.

Cumplimiento de las normas de los Emiratos Árabes Unidos

Número de registro de TRA: ER76564/19

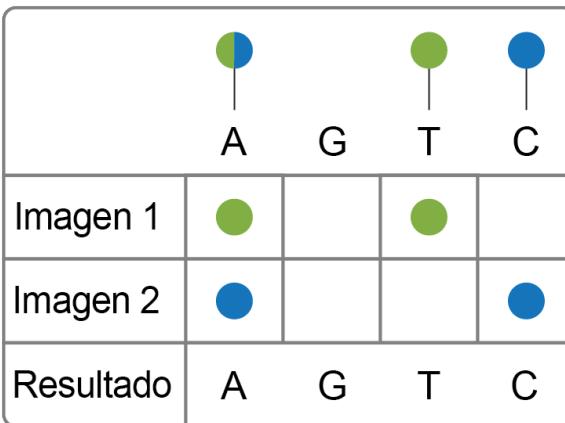
Número de distribuidor: DA0075306/11

Descripción general del sistema

El MiSeq i100 Series incluye los sistemas de secuenciación MiSeq i100 y MiSeq i100 Plus. Esta sección ofrece una descripción general del MiSeq i100 Series, lo que incluye información del hardware, el software, el análisis de datos y la gestión de experimentos. Para obtener especificaciones detalladas, hojas de datos, aplicaciones y productos relacionados, consulte el [sitio de asistencia de MiSeq i100 Series](#).

Prestaciones

Característica	Descripción
Química XLEAP-SBS	El MiSeq i100 Series utiliza la química XLEAP SBS, que produce datos de alta calidad con tiempos de ejecución de secuenciación rápidos en comparación con los tiempos de ejecución SBS estándar. Estas mejoras de rendimiento se logran mediante un bloqueador/enlazador de nucleótidos mejorado y una polimerasa más rápida y de mayor fidelidad para la incorporación de nucleótidos.
Celda de flujo con patrones	El MiSeq i100 Series utiliza células de flujo con patrones, diseñadas para mejorar la calidad y la eficiencia de la secuenciación. Las células de flujo con patrones están compuestas por nanopocillos que contienen sondas de ADN complementarias en ubicaciones específicas fijas en la superficie de la célula de flujo. Esta característica elimina la necesidad de mapear sitios de grupos, acelera el tiempo de secuenciación y optimiza el uso del espacio disponible en la célula de flujo. Debido a la forma en la que se calcula el porcentaje de grupos que pasan el filtro (%PF), los instrumentos con células de flujo con patrones muestran valores de %PF más bajos en comparación con las células de flujo sin patrones. A pesar del menor %PF, el rendimiento general no se ve afectado.
CMOS	El MiSeq i100 Series utiliza una célula de flujo con patrón con nanopocillos integrados en un chip CMOS. Cada nanopocillo está alineado con un fotodiodo que detecta emisiones de luz en el fondo del pocillo, lo que permite un tiempo de secuenciación más rápido.

Característica	Descripción																				
Bicanal	<p>El MiSeq i100 Series utiliza química de dos colores, lo que permite obtener imágenes rápidas de la célula de flujo utilizando canales azules y verdes en cada ciclo de secuenciación.</p> <p>Una característica del MiSeq i100 Series es la estrategia de excitación/emisión, que utiliza excitación de 2 canales y emisión de 1 canal, lo que acelera aún más los tiempos de respuesta de secuenciación.</p>  <table border="1" data-bbox="429 946 994 946"> <tr> <td></td> <td>A</td> <td>G</td> <td>T</td> <td>C</td> </tr> <tr> <td>Imagen 1</td> <td>● (green)</td> <td></td> <td>● (green)</td> <td></td> </tr> <tr> <td>Imagen 2</td> <td>● (blue)</td> <td></td> <td></td> <td>● (blue)</td> </tr> <tr> <td>Resultado</td> <td>A</td> <td>G</td> <td>T</td> <td>C</td> </tr> </table> <p>A: grupos con señales en verde y azul. G: grupos sin señal en verde o azul. T: grupos con la señal solo en verde. C: grupos con la señal solo en azul</p>		A	G	T	C	Imagen 1	● (green)		● (green)		Imagen 2	● (blue)			● (blue)	Resultado	A	G	T	C
	A	G	T	C																	
Imagen 1	● (green)		● (green)																		
Imagen 2	● (blue)			● (blue)																	
Resultado	A	G	T	C																	
Secuenciación de índice primero	El MiSeq i100 Series utiliza la secuenciación de índice primero, lo que permite a los usuarios evaluar los datos de demultiplexación en un plazo de tres horas desde el inicio de un ciclo. La secuenciación de índice primero permite realizar ajustes el mismo día para la planificación de experimentos posteriores, si es necesario.																				
Consumibles a temperatura ambiente	Los consumibles del MiSeq i100 Series se envían y almacenan a temperatura ambiente, lo que reduce el embalaje, facilita la preparación de los consumibles y elimina la necesidad de almacenamiento en frío.																				
Desnaturalización integrada	El MiSeq i100 Series admite plantillas monocatenarias y bicatenarias para secuenciación. La preparación de la genoteca de plantillas implica la dilución con tampones, proporcionados en cada kit de secuenciación, que se cargan en el consumible de secuenciación. La plantilla se desnaturaliza en el instrumento, lo que reduce la complejidad del flujo de trabajo.																				

Característica	Descripción
Illumina Run Manager	Illumina Run Manager está integrado en el MiSeq i100 Series Control Software, que permite la planificación, la revisión y la gestión de series de ajustes seleccionados de forma remota mediante un navegador web. Consulte <i>Illumina Run Manager le permite acceder de forma remota al MiSeq i100 Series Control Software para planificar experimentos, supervisar el estado de la secuenciación, ver resultados y modificar configuraciones seleccionadas. Consulte Navegar Illumina Run Manager, en la página 15 para obtener más información.</i> , en la página 15.
Modo quiosco	El MiSeq i100 Series cuenta con un modo quiosco para mejorar la seguridad del sistema y evitar que usuarios no autorizados accedan al sistema operativo. Si un administrador tiene que acceder al sistema operativo para instalar una aplicación de terceros, como un escáner de virus, comuníquese con Illumina para obtener un código de acceso temporal para acceder al sistema operativo.
DRAGEN Compression	La DRAGEN ORA Compression es una compresión totalmente sin pérdidas con una relación de compresión superior a *.fastq.gz. Consulte el sitio de asistencia de DRAGEN ORA .

Recomendaciones

Característica	Descripción
Calidad de la genoteca	Los dímeros adaptadores/cebadores, las construcciones de genotecas parciales y los contaminantes pueden comprometer la calidad de los datos y el rendimiento de la secuenciación. Se pueden utilizar métodos de electroforesis capilar (por ejemplo, Bioanalyzer, Fragment Analyzer o Tape Station) para el control de calidad y para visualizar restos de preparación de genotecas no deseados. Se puede utilizar un paso adicional de purificación de perlas para eliminar los contaminantes.
Cuantificación de genotecas	La cuantificación precisa de la genoteca es esencial para una carga óptima de plantillas en el sistema. Para obtener mejores resultados, siga las recomendaciones de cuantificación proporcionadas en la guía de preparación de la genoteca. Si no se proporciona orientación, utilice genotecas de cuantificación mediante qPCR normalizada por tamaño para lograr consistencia y precisión.

Característica	Descripción
Concentración de carga	Realice secuenciaciones de titulación para identificar la concentración de carga óptima. Al optimizar la concentración de carga, centre los experimentos de titulación en 100 pM y realice el ajuste fino en incrementos de 25 a 50 pM.
Diversidad de nucleótidos	Las genotecas con baja diversidad de nucleótidos pueden afectar negativamente el registro de plantillas, la calidad de los datos y el rendimiento. Para compensar la baja diversidad de bases en las genotecas, aumente la secuenciación en el control PhiX. Es posible que sean necesarios experimentos de titulación para identificar la cantidad de pico requerida para un rendimiento óptimo.
Representación del tamaño de inserción	Para algunas genotecas, el tamaño de inserción puede disminuir a medida que aumenta la concentración de carga. El rango óptimo para su genoteca y su aplicación puede variar según los requisitos de su flujo de trabajo.

Descripción general de la secuenciación

La información siguiente incluye detalles adicionales sobre el flujo de trabajo de secuenciación.

Generación de grupos

La genoteca se desnaturaliza de manera automática en cadenas individuales en el instrumento. Durante la generación de grupos, las moléculas únicas de ADN se unen a la superficie de la célula de flujo y se amplifican para formar grupos. La generación de grupos dura unas 2 horas.

Secuenciación

Se adquieren imágenes de los grupos con procesos químicos de dos canales, un canal verde y un canal azul, para codificar los datos para los cuatro nucleótidos. Las imágenes de los sensores de la célula de flujo, compuestos por placas, se obtienen a la vez. El proceso se repite para cada ciclo de secuenciación.

Análisis principal

Después del análisis de imágenes, el software Real-Time Analysis (RTA) ejecuta las llamadas de bases¹, el filtrado y la puntuación de calidad². A medida que el experimento avanza, el MiSeq i100 Series Control Software transfiere de forma automática archivos de llamada de bases concatenados³ (CBCL) a la ubicación de salida especificada para el análisis de los datos. Para ver las métricas de calidad generadas por RTA en tiempo real, use el instrumento Software de control, Sequencing Analysis Viewer (SAV) o BaseSpace Sequence Hub.

El análisis secundario comienza una vez finalizada la secuenciación. El método de análisis de datos secundario depende de la configuración del sistema y de la aplicación.

Análisis secundario

BaseSpace Sequence Hub y Software conectado de Illumina (ICA) son los entornos informáticos basados en la nube de Illumina para el análisis de datos, el almacenamiento y la supervisión de experimentos. La supervisión de experimentos solo es visible en el BaseSpace Sequence Hub.

BaseSpace Sequence Hub aloja las aplicaciones DRAGEN y BaseSpace Sequence Hub, que admiten métodos de análisis comunes para la secuenciación. La ICA aloja el DRAGEN para procesos ICA. Puede utilizar procesos ICA prediseñados o crear procesos personalizados utilizando sus datos de secuenciación y análisis.

Si se analizan datos de secuenciación en la nube, los datos CBCL se cargan automáticamente en la nube y estarán disponibles en el BaseSpace Sequence Hub y ICA. El análisis comienza automáticamente una vez que se completa la carga de datos.

Si está realizando el análisis de los datos de secuenciación de forma local, el análisis secundario de DRAGEN se realiza en el instrumento y los archivos de resultados se almacenan en una carpeta de resultados seleccionada.

- Para obtener más información sobre BaseSpace Sequence Hub, consulte la [página de asistencia de BaseSpace Sequence Hub](#).
- Para obtener más información sobre DRAGEN Secondary Analysis, consulte la [página de asistencia de la plataforma DRAGEN Bio-IT](#).
- Para obtener más información sobre Software conectado de Illumina, consulte la [página de asistencia de Software conectado de Illumina](#).
- Para ver una descripción general de todas las aplicaciones, consulte el [sitio de asistencia de BaseSpace Sequence Hub](#).

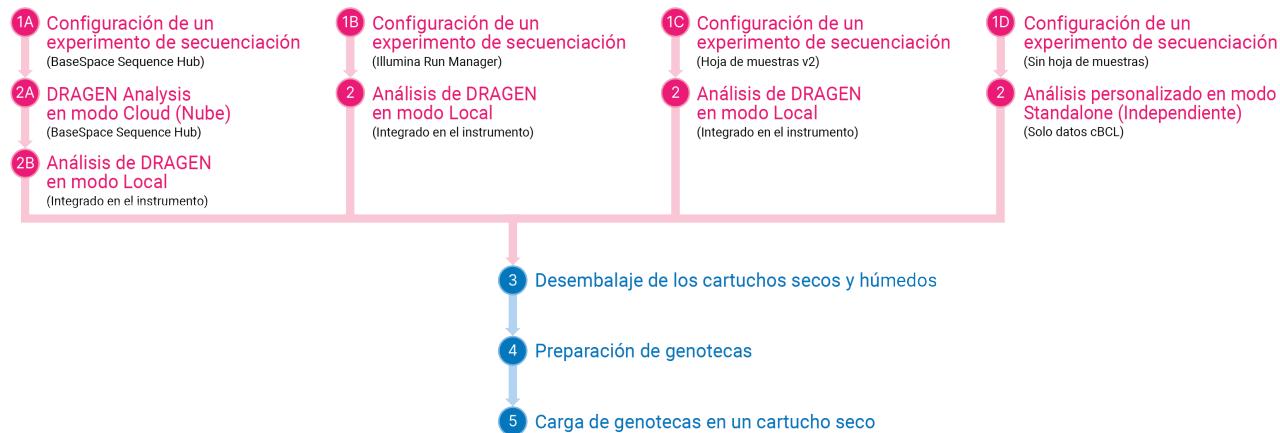
¹Determinación de una base (A, C, G o T) para cada grupo de una placa determinada en un ciclo específico.

²Permite predecir la probabilidad de obtener una llamada de bases incorrecta. Una puntuación Q alta indica una llamada de bases fiable.

³Contiene la llamada de bases y la puntuación de calidad asociada para cada grupo de cada ciclo de secuenciación.

Flujo de trabajo de secuenciación

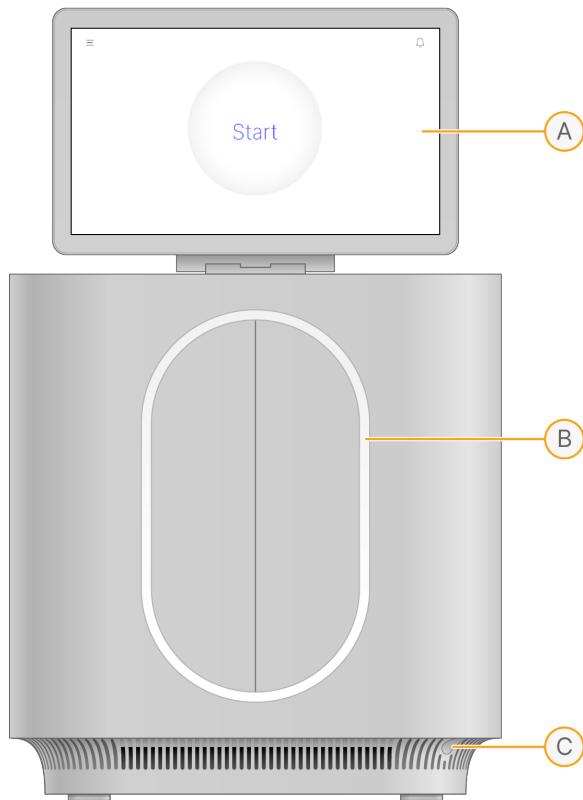
El diagrama siguiente ilustra el protocolo de secuenciación mediante el MiSeq i100 Series.



Componentes del instrumento

El sistema MiSeq i100 Series consta de un monitor de pantalla táctil, una barra de estado, un botón de encendido, puertos Ethernet, puertos USB y compartimentos de consumibles.

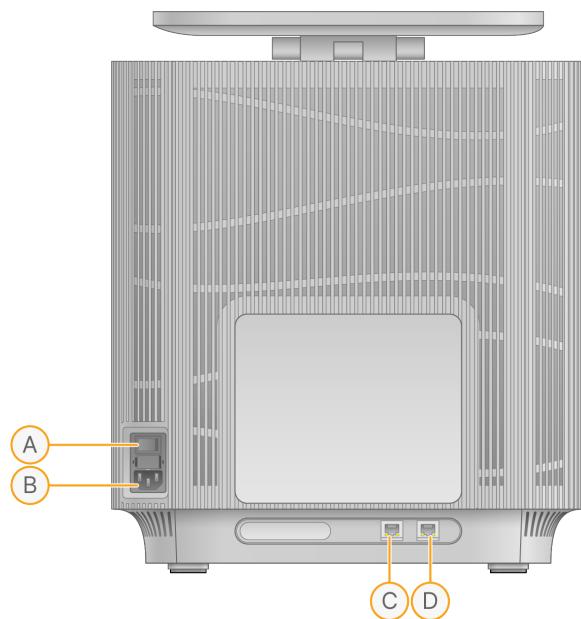
Componentes externos



- A. **Monitor con pantalla táctil:** permite la configuración integrada en el instrumento y el ajuste mediante el uso de la interfaz de MiSeq i100 Series Control Software. Ajuste manualmente el monitor para lograr su ángulo de visión preferido.
- B. **Barra de estado:** el color de la luz progresiva a medida que el sistema avanza por el flujo de trabajo. El azul indica carga de consumibles, el azul y el violeta indican comprobaciones previas al experimento y el multicolor indica secuenciación. Un color rojo fijo indica errores críticos. El rojo y el blanco indican otros errores.
- C. **Botón de encendido:** controla el encendido del instrumento e indica si el sistema está activado (encendido), desactivado (apagado) o desactivado con alimentación de CA (parpadea).

Conecciones de alimentación y auxiliares

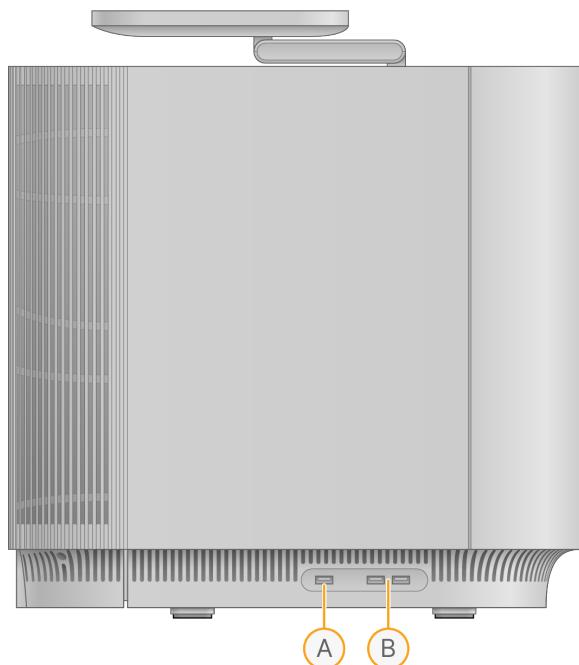
La parte posterior del instrumento tiene dos puertos Ethernet, un interruptor de encendido/apagado y una entrada de alimentación.



- A. **Interruptor de alimentación:** enciende y apaga el instrumento.
- B. **Entrada de alimentación:** conexión del cable de alimentación.
- C. **Puerto Ethernet (LAN1):** conexión del cable Ethernet.
- D. **Puerto Ethernet (LAN2):** conexión del cable Ethernet.

Conecciones periféricas

El lado izquierdo del instrumento tiene puertos USB para conexiones periféricas.

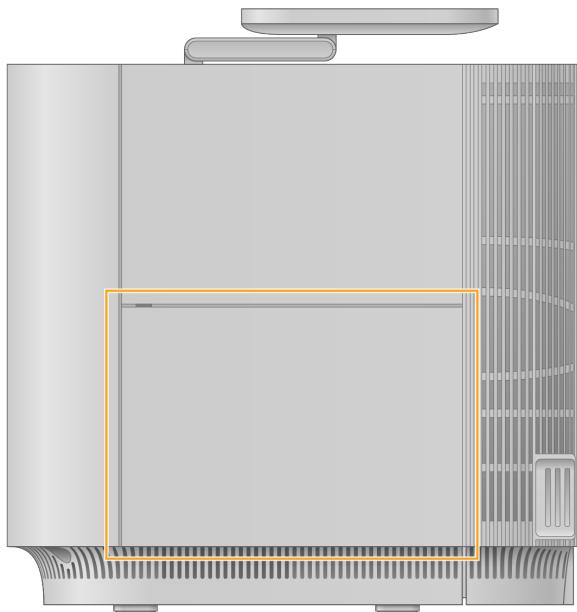


- A. **USB 3.1 Gen 1:** se utiliza para almacenamiento externo.

- B. **USB 2.0 (2):** se utiliza para conectar un ratón y un teclado.

Reactivos usados

El sistema de fluídica dirige el flujo de reactivo desde el cartucho hasta la botella de residuos, que se encuentra en una puerta en el lado derecho del instrumento. Para obtener información detallada de la composición química, consulte la hoja de datos de seguridad (SDS) en support.illumina.com/sds.html.



Software integrado

El paquete de software MiSeq i100 Series incluye aplicaciones integradas que realizan experimentos de secuenciación y análisis.

- **MiSeq i100 Series Control Software:** controla el funcionamiento del instrumento y ofrece una interfaz para configurar el sistema, configurar un experimento de secuenciación, supervisar las estadísticas del experimento conforme avanza la secuenciación y ver los datos de DRAGEN.
- **Real-Time Analysis (RTA):** Lleva a cabo el análisis de imágenes y la llamada de bases durante el experimento. Para obtener más información, consulte *Real-Time Analysis*, en la página 89.
- **Universal Copy Service (UCS):** copia archivos de resultados en la carpeta de resultados durante un experimento. Si es aplicable, el servicio también transfiere datos a BaseSpace Sequence Hub o Software conectado de Illumina (ICA).
- **DRAGEN Secondary Analysis:** Realiza análisis secundarios acelerados por hardware para un menú selecto de aplicaciones.
- **Illumina Run Manager:** Permite el acceso remoto al MiSeq i100 Series Control Software para la planificación, la supervisión y la visualización de resultados de ejecución. Los usuarios con acceso de administrador también pueden seleccionar configuraciones de instrumentos y cuentas.

El MiSeq i100 Series Control Software es interactivo y ejecuta procesos en segundo plano automatizados. [Real-Time Analysis, en la página 89](#) y UCS solo se ejecutan como procesos en segundo plano.

Información del sistema

En el MiSeq i100 Series Control Software, seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda para abrir el menú de navegación global. Seleccione el icono **Settings** (Ajustes) > **About** (Acerca de) para ver la información de contacto de Illumina y la información siguiente del sistema:

- Versión de MiSeq i100 Series Control Software
- Nombre del ordenador
- Versión de la imagen del SO
- Número de serie del instrumento
- Recuento total de experimentos

Importación y exportación de archivos

- Se puede acceder a los archivos de entrada almacenados en la ubicación de almacenamiento externo configurada a través del explorador de archivos en el MiSeq i100 Series Control Software.
- También se puede acceder a los archivos de entrada a través del control remoto MiSeq i100 Series Control Software en un ordenador en red utilizando el explorador de archivos del sistema operativo local. Consulte [Illumina Run Manager le permite acceder de forma remota al MiSeq i100 Series Control Software para planificar experimentos, supervisar el estado de la secuenciación, ver resultados y modificar configuraciones seleccionadas. Consulte Navegar Illumina Run Manager, en la página 15 para obtener más información.](#), en la página 15.
- Los archivos de salida de ejecución y los registros de exportación se pueden encontrar en el almacenamiento externo según la configuración de almacenamiento externo. Consulte [Definir carpeta de resultados predeterminada, en la página 59.](#)

Notificaciones y alertas

Para ver todas las notificaciones del sistema, seleccione el icono de la campana en la esquina superior derecha y, a continuación, seleccione **Notifications** (Notificaciones). La pantalla Notifications (Notificaciones) contiene las siguientes pestañas:

- **Notifications** (Notificaciones): muestra una lista de notificaciones actuales.
- **History** (Historial): muestra los errores y advertencias históricos.

Cuando se produce un error o advertencia, el MiSeq i100 Series Control Software muestra una alerta durante la acción.

- Los errores críticos del sistema requieren atención inmediata para apagar el instrumento y ponerse en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina con el fin de obtener ayuda.

- Los errores del sistema no críticos requieren una acción antes de iniciar o continuar con el experimento. Dependiendo del error, el MiSeq i100 Series Control Software indica la acción adecuada para resolver el error.
- Las advertencias no requieren actuar antes de iniciar o continuar con el experimento. Cuando se produce una advertencia, el MiSeq i100 Series Control Software indica la acción adecuada para resolver la advertencia.
- Las notificaciones proporcionan información sobre eventos que no están relacionados con la acción actual. El número de notificaciones actuales se muestra en el ícono Notifications (Notificaciones) del menú de navegación global. Descarte las notificaciones o resuelva la notificación en la pestaña Notifications (Notificaciones).

Illumina Run Manager

Illumina Run Manager le permite acceder de forma remota al MiSeq i100 Series Control Software para planificar experimentos, supervisar el estado de la secuenciación, ver resultados y modificar configuraciones seleccionadas. Consulte [Navegar Illumina Run Manager, en la página 15](#) para obtener más información.

- Para habilitar el acceso remoto para Illumina Run Manager, el nombre de host y el dominio deben estar configurados para el instrumento y debe estar instalado un certificado TLS válido. Consulte [Nombre de host y dominio, en la página 55](#) y [Certificado TLS, en la página 56](#).
- Para utilizar Illumina Run Manager de forma remota, se debe utilizar un ordenador conectado a la misma red local utilizada para su sistema de secuenciación. Los navegadores compatibles son Chrome/Chromium, Edge, Firefox y Safari.
- Si no tiene un certificado TLS para usar, se puede usar un certificado raíz autogenerado para acceder al instrumento a través de Illumina Run Manager. Consulte el [sitio de asistencia técnica del MiSeq i100 Series](#) para obtener más información sobre cómo crear un certificado raíz autogenerado de confianza.
- Si no hay un servicio DNS disponible, puede utilizar Illumina Run Manager asignando el nombre de host personalizado a una dirección IP. Consulte el [sitio de asistencia técnica del producto MiSeq i100 Series](#) para obtener más información sobre cómo asignar nombres de host.

Navegar Illumina Run Manager

Siga estos pasos para acceder a Illumina Run Manager.

1. Desde un ordenador conectado a la red local, introduzca `https://<hostname>` en su navegador.
2. Inicie sesión utilizando las credenciales de su cuenta del instrumento.

La página Runs (Experimentos) es la página predeterminada que se carga después de iniciar sesión.

- Para acceder a funciones adicionales, seleccione el ícono de menú de la esquina superior izquierda.

- Para volver a la pantalla Runs (Experimentos), seleccione **Close** (Cerrar) o **Exit** (Salir) en función de en qué pantalla esté.

Las funciones siguientes están disponibles. Consulte [Usuarios, en la página 41](#) para obtener información sobre los permisos disponibles para cada grupo de usuarios.

- Runs** (Experimentos): realice cualquiera de las acciones siguientes:
 - Planifique nuevos experimentos de secuenciación. Consulte [Planificación de un experimento de secuenciación, en la página 69](#) para obtener más información.
 - Supervise el progreso de un experimento activo. Consulte [Supervisión del progreso del experimento, en la página 81](#) para obtener más información.
 - Revise las métricas de experimentos y análisis para los experimentos completados.
- Users** (Usuarios): añada y gestione usuarios. Para obtener más información, consulte [Usuarios, en la página 41](#).
- Password policy** (Política de contraseñas): vea y edite los ajustes de las contraseñas. Consulte [Política de contraseñas, en la página 46](#) para obtener más información.
- Applications** (Aplicaciones): vea y gestione las aplicaciones DRAGEN. Consulte [Aplicaciones, en la página 60](#) para obtener más información.
- Resources** (Recursos): importe y gestione genomas y archivos de referencia. Consulte [Archivos de recursos, en la página 61](#) para obtener más información.
- DRAGEN**: instalar o actualizar una licencia de DRAGEN y realizar una autoprueba. Para obtener más información, consulte [Los administradores pueden instalar o desinstalar varias versiones de DRAGEN. También puede actualizar la licencia de DRAGEN., en la página 62](#).
- Custom kits** (Kits personalizados): añada y gestione kits de adaptadores de índice y de preparación de genotecas personalizados. Para obtener más información, consulte [Kits personalizados, en la página 63](#).
- Audit log** (Registro de auditoría): revise el registro de auditoría. Consulte [Registro de auditoría, en la página 47](#) para obtener más información.
- Cloud settings** (Ajustes de la nube): configure los ajustes de la nube. Consulte [Ajustes de la nube, en la página 54](#) para obtener más información.
- External storage** (Almacenamiento externo): configure las opciones de almacenamiento externo. Consulte [Almacenamiento externo, en la página 57](#) para obtener más información.
- Analysis configuration templates** (Plantillas de configuración de análisis): configure los ajustes para el análisis secundario para permitir la planificación de una ejecución en LIMS Clarity.
- About** (Acerca de): vea información de contacto de Illumina y del sistema. Consulte [About \(Acerca de\), en la página 47](#).

Gestión de experimentos

La pantalla Runs (Experimentos) muestra la lista de experimentos planificados, experimentos activos y experimentos terminados. Cada experimento se identifica con el nombre del experimento. Para buscar un experimento, use el nombre del experimento y la aplicación DRAGEN añadida al experimento.

También puede ver la cantidad de almacenamiento de datos del instrumento consumida por todos los experimentos y la cantidad de espacio de almacenamiento aún disponible.

En Illumina Run Manager, puede exportar la hoja de muestras de un experimento. Seleccione el nombre del experimento y, a continuación, seleccione **Sample Sheet** (Hoja de muestras). Seleccione **Save as** (Guardar como) para guardar la hoja de muestras.

Experimentos planeados

La pestaña Planned (Planificados) muestra los experimentos planificados de forma local o en la nube. Puede planificar las ejecuciones localmente en el instrumento a través de Illumina Run Manager. Para planificar los experimentos en la nube, utilice BaseSpace Sequence Hub.

Puede editar o eliminar experimentos planificados localmente en la pestaña Planned (Planificados). Para editar un experimento planificado, seleccione el experimento en la pestaña Planned (Planificados). Para eliminar un experimento planificado, seleccione el icono de puntos suspensivos de la columna Actions (Acciones).

La pestaña Planned (Planificados) muestra la información siguiente:

- **Status** (Estado): el estado del experimento de secuenciación. Los experimentos planificados pueden existir en uno de los estados siguientes:
 - **Planned** (Planificado): el experimento está disponible para seleccionarlo para secuenciación.
 - **Draft** (Borrador): el experimento no está disponible para seleccionarlo para secuenciación.
 - **Needs attention** (Necesita atención): el experimento no está disponible debido a un error (p. ej., se ha interrumpido la conexión con la nube). Revise el error en la pantalla Run details (Detalles del experimento).
- **Run name** (Nombre del experimento): el nombre del experimento.
- **Application** (Aplicación): las aplicaciones de análisis secundarios de DRAGEN asociadas con el experimento. Para obtener más información sobre la instalación de aplicaciones, consulte [Aplicaciones, en la página 60](#).
- **Last modified** (Última modificación): la fecha y la hora en que el experimento se editó por última vez.

Experimentos activos

La pestaña Active (Activos) muestra todos los experimentos en curso. La pestaña Active (Activos) incluye la fecha de comienzo de la secuenciación, el estado de la secuenciación, el % \geq Q30, el rendimiento y las métricas de total de lecturas PF.

Seleccione el nombre del experimento para desplazarse a la página Run details (Detalles del experimento) y ver detalles adicionales sobre el experimento. Seleccione el menú desplegable junto al experimento para ver detalles adicionales sobre el estado de secuenciación y las aplicaciones de DRAGEN asociadas.

Para obtener más información sobre las métricas y el estado del experimento, consulte [Supervisión del progreso del experimento](#), en la página 81.

Experimentos terminados

La pestaña Completed (Terminados) muestra experimentos que han finalizado la secuenciación y el análisis, se cancelaron o no completaron la secuenciación o el análisis. Puede ver la ubicación de los datos de secuenciación y de resultados del análisis, las métricas de secuenciación y la cantidad de almacenamiento de datos del instrumento consumida por el experimento. Puede ver las aplicaciones de DRAGEN asociadas con el experimento, el % \geq Q30, el rendimiento, el total de lecturas PF y el espacio de disco que el experimento ocupa en el instrumento. Cuando los datos de secuenciación se eliminan o se transfieren fuera del instrumento, la métrica de espacio muestra 0 GB.

Para ver resultados de experimentos adicionales, como métricas de la secuenciación detallada y del análisis secundario, seleccione el experimento.

Eliminar un experimento

El instrumento está diseñado para almacenar temporalmente datos de experimentos de secuenciación, y es posible que sea necesario eliminar experimentos completados para crear espacio para experimentos posteriores.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Runs** (Experimentos).
3. Para el experimento que desea eliminar, seleccione el icono de puntos suspensivos en la columna Action (Acción).
4. Seleccione una de las siguientes opciones:
 - **Delete run data** (Eliminar datos del experimento): elimina las carpetas de salida de secuenciación y análisis, pero no elimina el experimento de la pestaña Completed (Terminados). Puede ver los detalles del experimento, pero no puede ver el informe de DRAGEN Secondary Analysis.
 - **Delete run** (Eliminar experimento): elimina los datos del experimento y elimina este último de la pestaña Completed (Terminados).
5. En el cuadro de diálogo, confirme la eliminación del experimento.

Volver a poner en cola un análisis secundario

La función de volver a poner en cola solo está disponible para experimentos que permanecen en el instrumento. Una vez que se hayan eliminado los datos del instrumento, no se podrán volver a poner en cola.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Runs** (Experimentos).
3. Seleccione la pestaña **Completed** (Terminados).
4. Seleccione el experimento de secuenciación para que se vuelva a poner en cola.
5. Vaya a la sección **Secondary analysis** (Análisis secundario).
6. Seleccione **Requeue Analysis** (Volver a poner un análisis en cola).
7. Configure los ajustes de análisis que se han vuelto a poner en cola siguiendo las indicaciones del software.
8. Seleccione **Requeue Analysis** (Volver a poner un análisis en cola).

Preparación del centro

En esta sección, se proporcionan especificaciones y directrices para la preparación de un centro para la instalación y el funcionamiento del MiSeq i100 Series.

Entrega y colocación

Un representante de Illumina entrega el sistema, desembala los componentes y coloca el instrumento. Asegúrese de que el espacio del laboratorio esté preparado antes de la entrega.

Conserve la caja original y los materiales de embalaje por si el instrumento tuviera que moverse de sitio o devolverse.

i Si debe cambiar la posición del instrumento, póngase en contacto con el representante de Illumina.

Dimensiones y contenido de la caja

El sistema de secuenciación y los componentes se envían en un embalaje. Utilice las dimensiones siguientes para determinar el ancho de puerta mínimo necesario para que puedan pasar los embalajes de envío.

Medida	Caja
Altura	78 cm (30,1 in)
Anchura	61 cm (24 in)
Profundidad	90 cm (35,4 in)
Peso	48 kg (105,8 in)

El embalaje incluye lo siguiente:

- Cartucho seco de prueba reutilizable
 - El cartucho es reutilizable hasta 130 usos. Después de 130 usos, el cartucho debe sustituirse.
 - Si el cartucho no se utiliza por completo en un plazo de 5 años, caducará. Todavía se puede utilizar, pero se recomienda sustituirlo para garantizar un rendimiento óptimo.
- Cartucho húmedo de prueba reutilizable
 - El cartucho es reutilizable hasta 130 usos. Después de 130 usos, el cartucho debe sustituirse.
 - Si el cartucho no se utiliza por completo en un plazo de 5 años, caducará. Todavía se puede utilizar, pero se recomienda sustituirlo para garantizar un rendimiento óptimo.
- Almohadilla absorbente (2 en total. 1 preinstalada y 1 de repuesto)
- Botella de residuos con tapón (2 en total. 1 preinstalada y 1 de repuesto)
- Filtro de aire (2 en total, 1 preinstalado y 1 de repuesto)

- Cable Ethernet
- Pedestal
- Conjunto de publicaciones
- Cable de alimentación

Requisitos del laboratorio

Utilice las especificaciones y los requisitos proporcionados en este apartado para configurar el espacio del laboratorio.

Dimensiones del instrumento

Medición	Dimensiones del instrumento
Altura	65 cm (25,6 in)
Anchura	40 cm (15,7 in)
Profundidad	45 cm (17,7 in)
Peso	36 kg (79,4 lb)

Requisitos de colocación

Coloque el instrumento de modo que permita una correcta ventilación, acceso para el mantenimiento del instrumento y acceso al interruptor de alimentación, a la toma de corriente y al cable de alimentación.

- Coloque el instrumento de modo que el personal pueda alcanzar el lado derecho para encender o apagar el interruptor de alimentación. Este interruptor está en el panel trasero junto al cable de alimentación.
- Coloque el instrumento de modo que el personal pueda desconectar con rapidez el cable de alimentación de la toma de corriente.
- Respete las dimensiones siguientes de espacio mínimo de separación para garantizar que se pueda acceder al instrumento desde todos los lados.
- Coloque el SAI en cualquiera de los lados del instrumento. El SAI puede colocarse dentro del espacio mínimo de separación de los laterales del instrumento. Consulte *Sistema de alimentación ininterrumpida*, en la página 24 para obtener más información.

Acceso	Espacio mínimo
Laterales	Deje una distancia mínima de 30 cm (12 in) a cada lado del instrumento.

Acceso	Espacio mínimo
Parte posterior	Deje una distancia mínima de 15 cm (6 in) detrás del instrumento.
Parte superior	Deje una distancia mínima de 61 cm (24 in) encima del instrumento.

Directrices de las mesas de laboratorio

Coloque el instrumento en una mesa de laboratorio resistente y nivelada alejada de fuentes de vibración.

Directrices sobre vibraciones

Durante los experimentos de secuenciación, siga estas directrices para minimizar las vibraciones y garantizar un funcionamiento óptimo:

- Coloque el instrumento en una mesa de laboratorio resistente.
- No coloque teclados, consumibles utilizados u otros objetos encima del instrumento.
- Instale el instrumento alejado de fuentes de vibración que superen las disposiciones de la norma ISO para quirófanos, lo cual es el nivel típico para laboratorios.

Por ejemplo:

- Motores, bombas, comprobadores de agitación, comprobadores de fugas y flujos fuertes de aire en el laboratorio.
- Suelos directamente encima o debajo de ventiladores de sistemas de calefacción y aire acondicionado, así como controladores y helipuertos.
- Obras de construcción o reparación en el mismo suelo que el instrumento.
- Zonas de elevado tránsito de personas.
- Mantenga las fuentes de vibración, tales como elementos caídos y el movimiento de equipos pesados, a una distancia mínima de 100 cm (39.4 in) del instrumento.
- Utilice solo la pantalla táctil, el teclado y el ratón para interactuar con el instrumento. No impacte directamente sobre la superficie del instrumento durante su funcionamiento.

Requisitos eléctricos

No retire los paneles externos del instrumento. No hay componentes que el usuario pueda reparar en el interior del instrumento. Poner en funcionamiento el instrumento estando alguno de estos paneles retirado constituye una posible exposición a la tensión de línea, así como a tensiones de CC.

Tipo	Especificación
Tensión de línea	100-240 voltios de CA a 50/60 Hz

Tipo	Especificación
Consumo de potencia máximo	300 vatios como máximo

Conectores

El centro debe contar con la siguiente instalación de cableado:

Suministro eléctrico	Especificaciones
100-120 voltios de CA	Se necesita una línea específica de 15 A con una tensión adecuada y conexión eléctrica a tierra. Norteamérica y Japón: conector NEMA 5-15.
220-240 voltios de CA	Se necesita una línea de 10 A con una tensión adecuada y conexión eléctrica a tierra. Si la tensión fluctúa más del 10 %, será necesario un regulador de línea eléctrica.

Toma a tierra de protección



El instrumento se conecta a una toma a tierra de protección a través de la carcasa. La toma a tierra de seguridad del cable de alimentación devuelve la toma a tierra de protección a una referencia segura. La conexión de toma a tierra de protección del cable de alimentación debe estar en condiciones óptimas de funcionamiento cuando se utilice este dispositivo.

Cables de alimentación

El instrumento se suministra con un conector C14 de acuerdo con la norma internacional IEC 60320 y se envía con un cable de alimentación específico de cada región. Para conseguir conectores o cables de alimentación equivalentes que cumplan las normativas locales, consulte a otros proveedores, como Interpower Corporation (www.interpower.com). Todos los cables de alimentación tienen una longitud de 2,5 m (8 ft).

Las tensiones peligrosas solo se eliminan del instrumento cuando se desconecta el cable de alimentación de la fuente de alimentación de CA.

! Nunca utilice un cable alargador para conectar el instrumento a un sistema de alimentación.

i Como alternativa, todas las regiones pueden utilizar IEC 60309.

Fusibles

El instrumento no contiene ningún fusible que el usuario pueda reemplazar.

Sistema de alimentación ininterrumpida

Illumina recomienda usar un sistema de alimentación ininterrumpida (SAI) proporcionado por el usuario.

La siguiente tabla muestra ejemplos de modelos de SAI recomendados para el MiSeq i100 Series.

Región	Norteamérica	Japón	Internacional
Especificaciones	APC Smart-UPS 750 VA LCD 120 V N.º de referencia: SMT750C	APC Smart-UPS 750 VA LCD 100 V N.º de referencia SMT750J	APC Smart-UPS 750 VA LCD 230 V N.º de referencia: SMT750IC
Capacidad de salida máxima	500 W/750 VA	500 W/750 VA	500 W/750 VA
Tensión de entrada (nominal)	120 V CA	100 V CA	230 V CA
Frecuencia de entrada	50/60 Hz	50/60 Hz	50/60 Hz
Dimensiones (Al × An × P)	16,1 cm (6,34 in) × 13,8 cm (5,43 in) × 36,9 cm (14,53 in)	16,7 cm × 14 cm × 35,9 cm	16,1 cm × 13,8 cm × 36,9 cm
Peso	12,5 kg (27,56 lb)	13 kg	11,8 kg
Duración habitual del experimento (a 300 vatios)	12 min 2 s	12 min 2 s	12 min 2 s

Consideraciones medioambientales

Elemento	Especificación
Temperatura*	Mantenga una temperatura de entre 15 °C y 30 °C. Durante un experimento, no permita que la temperatura ambiente varíe más de ±2 °C. Si el instrumento no se pone en funcionamiento dentro del intervalo de temperatura, el rendimiento podría ser inferior o el experimento podría fallar.
Humedad*	Mantenga una humedad relativa sin condensación de entre el 20 % y el 80 %.
Altitud	Coloque el instrumento a una altitud inferior a 2000 metros (6500 ft) sobre el nivel del mar.

Elemento	Especificación
Calidad del aire	Utilice el instrumento en un entorno interior con niveles de limpieza de las partículas del aire conforme a la norma ISO 9 (aire de sala normal) o mejores. Mantenga el instrumento lejos de las fuentes de polvo.
Vibración	Limite la vibración continua del suelo del laboratorio al nivel ISO para quirófanos (valor de referencia) o un nivel mejor. Durante un experimento de secuenciación, limite las alteraciones o golpes intermitentes en el suelo cerca del instrumento. No supere el nivel ISO para quirófanos.
Ventilación del laboratorio	La ventilación debe ser adecuada para la manipulación de los materiales peligrosos de los reactivos y conforme con las normativas y leyes regionales, nacionales y locales aplicables. Para obtener más información sobre seguridad, salud y medioambiente, consulte la SDS en support.illumina.com/sds.html .

* Evite una combinación de alta temperatura y alta humedad. Por ejemplo, 30 °C y una humedad relativa del 80 %.

Salida de ruido	Distancia del instrumento
<75 dB	1 m (3,3 ft)
Uso de energía	Energía térmica
Promedio: 250 vatios Máximo: 300 vatios	Promedio: 852,5 BTU/h Máximo: 1023 BTU/h*

* Excluye la energía térmica de un UPS.

Conecciones de red

Los sistemas de Illumina están diseñados para transmitir datos a una cadencia regular durante la actividad de secuenciación. Dependiendo de la tasa de descarga, esta transmisión de datos podría persistir durante algún tiempo después de completarse la secuenciación. Los instrumentos de Illumina asumen una red principalmente activa. Los cortes de la red podrían afectar a la transmisión de datos. Si se produce una interrupción de la red, los instrumentos están diseñados para almacenar en caché todos los datos localmente. Sin embargo, este almacenamiento en caché podría retrasar el inicio del siguiente experimento de secuenciación, dependiendo del espacio de almacenamiento en el instrumento. Los instrumentos están diseñados para reiniciar la transferencia de datos tras el restablecimiento de la red.

Revise las actividades de mantenimiento de la red para conocer posibles riesgos de compatibilidad con el instrumento.

Para obtener información sobre los requisitos de almacenamiento de datos para cada tipo de archivo, consulte [Seguridad del producto Illumina](#).

Siga estas directrices para instalar y configurar una conexión de red:

- Establezca una conexión dedicada entre el instrumento y su sistema de gestión de datos. Utilice el cable Ethernet incluido con el instrumento. Establezca esta conexión directamente o a través de un conmutador de red.
 - Se requiere una conexión de intranet de 1 gigabit por segundo (Gb/s) (de instrumento a almacenamiento de red y firewall de límite) para mantener los tiempos de transferencia de datos. Unas velocidades de conexión más bajas reducen la disponibilidad del instrumento, aumentan los tiempos de transferencia de datos y pueden afectar al rendimiento del experimento de secuenciación.
 - La conexión a Internet es opcional.
- Se recomiendan los conmutadores gestionados.
- Calcule la capacidad total de la carga de trabajo de cada conmutador de red. El número de instrumentos conectados y el equipo auxiliar, como una impresora, pueden afectar a la capacidad.
- Si es posible, aíslle el tráfico de secuenciación del resto del tráfico de la red.
- Con el instrumento se proporciona un cable de red sin apantallar que tiene 3 m (9,8 ft) de longitud para las conexiones de red. Se recomienda un cable CAT-6A para cables de más de 50 m (164 ft).

Utilice el ancho de banda de red siguiente recomendado por instrumento para conexiones basadas en una eficiencia de red del 85-90 %. Los archivos del análisis principal incluyen archivos de resultados de secuenciación BCL y RTA. Los archivos del análisis secundario incluyen los archivos de resultados de DRAGEN en el instrumento.

- 800 megabits por segundo (Mb/s) (solo primario) o aprox. 1 gigabit por segundo (Gb/s) (primario y secundario) de ancho de banda de red sostenido para almacenar datos localmente.
- Ancho de banda de red de 800 Mb/s para cargar datos de análisis principales en la nube.
- Ancho de banda de red de 15 Mb/s solo para la supervisión del experimento o la asistencia de Illumina Proactive.

El instrumento utiliza una conexión de red >1 Gb/s entre el instrumento y el almacenamiento en red. El uso de una conexión <1 Gb/s puede dar lugar a tiempos de copia más largos o retrasar el inicio de los experimentos de secuenciación posteriores.

Conecciones de salida

Conexión	Valor	Finalidad
Puerto	53	Resolución de nombre de dominio con servidores DNS del cliente

Conexión	Valor	Finalidad
Puerto	80	Configuración de BaseSpace Sequence Hub o Illumina Proactive
Puerto	443	Interfaz de usuario (UI) de software de control fuera del instrumento o UCS
Puerto	8080	Configuración de BaseSpace Sequence Hub o Illumina Proactive

Conecciones de entrada

Los puertos de entrada están cerrados de forma predeterminada. Se pueden abrir en el MiSeq i100 Series Control Software. Consulte [Configuración del cortafuegos, en la página 56](#).

Conexión	Valor	Finalidad
Puerto	80	Software de control fuera del instrumento (certificado)
Puerto	443	Software de control fuera del instrumento (UI)

Consumibles y equipos

Esta sección enumera todos los componentes incluidos en el kit de reactivos con condiciones de almacenamiento. Asimismo, esta sección detalla los consumibles y equipos auxiliares que debe comprar para llevar a cabo el protocolo, así como la realización de procedimientos de mantenimiento y solución de problemas.

Consumibles de secuenciación

La secuenciación en MiSeq i100 Series requiere un kit de reactivos MiSeq i100 Series de un solo uso. Cada componente utiliza identificación de radiofrecuencia (RFID) para un seguimiento y una compatibilidad de los consumibles más precisos. El kit de reactivos contiene los siguientes componentes:

- Cartucho seco
- Cartucho húmedo
- Tubo Resuspension Buffer (RSB)
- Buffer de desnaturalización de genotecas (KLD)

Los consumibles se envasan en las siguientes configuraciones:

Nombre del kit	Número de catálogo Illumina
Kits de reactivos 5M de MiSeq i100 Series	20126565 (300 ciclos) 20126566 (600 ciclos)
Kits de reactivos 25M de MiSeq i100 Series	20126567 (100 ciclos) 20126568 (300 ciclos) 20115696 (600 ciclos) 20148254 (1000 ciclos)
Kits de reactivos 50M de MiSeq i100 Series	20141595 (100 ciclos) 20141596 (300 ciclos) 20141597 (600 ciclos)
Kits de reactivos 100M de MiSeq i100 Series	20141598 (100 ciclos) 20141599 (300 ciclos)

Para garantizar un rendimiento adecuado, cuando reciba el kit, inspeccione visualmente cada componente y almacene sus componentes a la temperatura indicada lo antes posible.

Todos los componentes del kit se envían a temperatura ambiente.

Temperaturas y dimensiones de almacenamiento

Utilice las especificaciones siguientes para determinar los requisitos de almacenamiento. Para garantizar un rendimiento adecuado, cuando reciba el kit, almacene sus componentes a la temperatura indicada lo antes posible.

Elemento	Cantidad	Temperatura de almacenamiento	Dimensiones del paquete
Cartucho seco	1	Entre 15 °C y 30 °C	21,6 cm x 12 cm x 5,1 cm (8,5 in x 4,7 in x 2 in)
Cartucho húmedo*	1	Entre 15 °C y 30 °C	15,5 cm x 8,2 cm x 12,1 cm (6,1 in x 3,2 in x 4,8 in)
Tubo RSB	1	Entre 15 °C y 30 °C	Se suministra en el envase del cartucho húmedo.
Tubo KLD	1	Entre 15 °C y 30 °C	Se suministra en el envase del cartucho húmedo.

* Almacenar verticalmente y en el embalaje para evitar fugas.

- !** Manipule los cartuchos con cuidado para evitar que se caigan, ya que dejar caer un cartucho puede dañarlo. Los cartuchos dañados pueden tener fugas de reactivos, lo que podría provocar irritación cutánea. Antes de utilizarlos, inspeccione siempre los cartuchos en busca de fisuras.
- i** Para protegerlos de la humedad y del oxígeno, mantenga los consumibles en los envases originales hasta que estén listos para su uso.

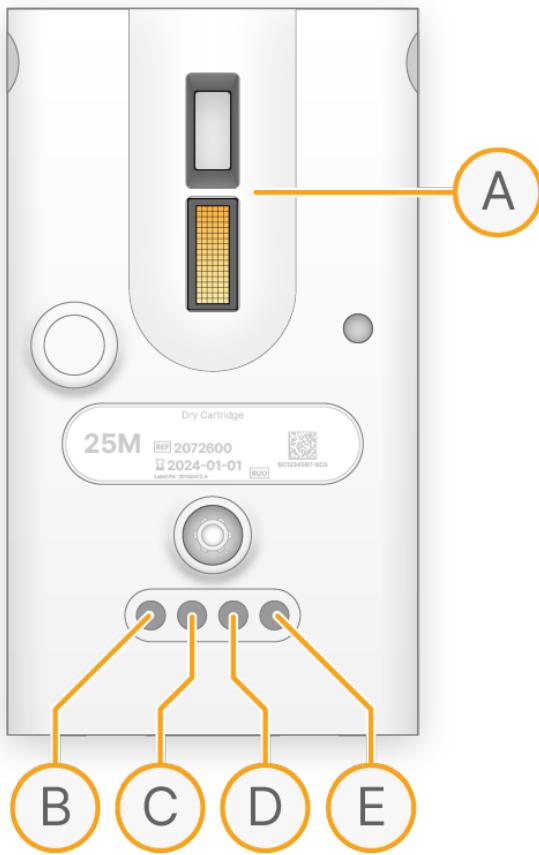
Detalles de los consumibles

Esta sección incluye información adicional sobre los consumibles suministrados.

Cartucho seco

El cartucho seco contiene la celda de flujo y los reactivos para una secuenciación. Una vez iniciada la secuenciación, la genoteca y los reactivos se transfieren de forma automática del cartucho a la celda de flujo. Cuando los transporte, lleve solo un cartucho cada vez y agarre el cartucho por los lados.

- !** Evite tocar la célula de flujo (A) para evitar dañar la célula de flujo y sus interfaces.



- A. **Celda de flujo:** superficie de secuenciación
- B. **Genoteca:** puerto de reactivo para cargar la genoteca de plantillas
- C. **CP1:** puerto de reactivo para cargar cebadores de lectura 1 personalizados
- D. **CP2:** puerto de reactivo para cargar cebadores de lectura 2 personalizados
- E. **CP3:** puerto de reactivo para cargar cebadores de índice personalizados

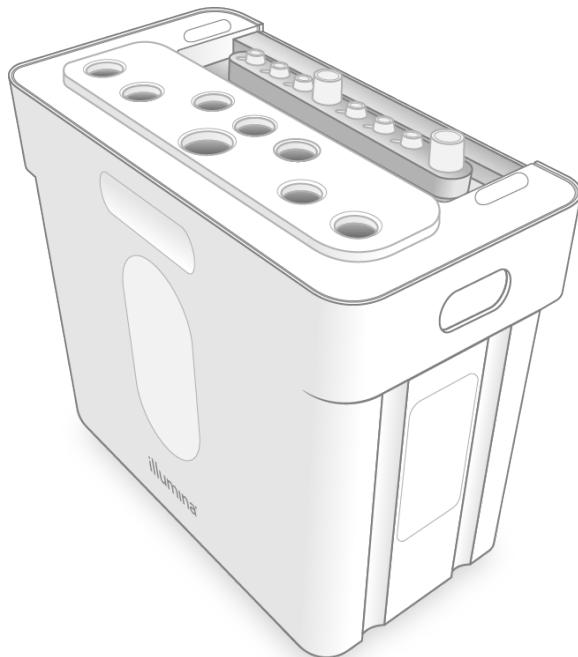
Cartucho húmedo

El cartucho húmedo precargado contiene los reactivos de secuenciación y el buffer, listos para cargarse directamente en el instrumento.

El cartucho húmedo está disponible en dos configuraciones:

- i** Consulte *Consumibles de secuenciación*, en la página 28 para obtener el número de catálogo correcto para el kit de reactivos.

Configuración	Nombre del kit
A	Kits de reactivos 5M de MiSeq i100 Series (300 ciclos) Kits de reactivos 25M de MiSeq i100 Series (100 ciclos) Kits de reactivos 25M de MiSeq i100 Series (300 ciclos) Kits de reactivos 50M de MiSeq i100 Series (100 ciclos) Kits de reactivos 50M de MiSeq i100 Series (300 ciclos)
B	Kits de reactivos 5M de MiSeq i100 Series (600 ciclos) Kits de reactivos 25M de MiSeq i100 Series (600 ciclos) Kits de reactivos 25M de MiSeq i100 Series (1000 ciclos) Kits de reactivos 50M de MiSeq i100 Series (600 ciclos) Kits de reactivos 100M de MiSeq i100 Series (100 ciclos) Kits de reactivos 100M de MiSeq i100 Series (300 ciclos)



Descripción de símbolos

La tabla siguiente describe los símbolos que aparecen en los consumibles o el embalaje de los consumibles.

Símbolo	Descripción
	La fecha en que caduca el consumible. Para unos resultados óptimos, utilice el consumible antes de esta fecha.
	El uso previsto es Solo para uso en investigación (RUO).
	Indica el número de referencia para poder identificar el consumible.
	Indica el código de lote para identificar el lote en que se fabricó el consumible.
	Indica el número de serie.

REF indica el componente individual; mientras que LOT identifica el lote al que pertenece el componente.

Consumibles y equipos proporcionados por el usuario

En la sección siguiente se proporciona información sobre los consumibles y equipos necesarios suministrados por el usuario.

El sistema MiSeq i100 Series cuenta con un monitor de pantalla táctil para la configuración y la gestión de la ejecución, pero también pueden conectar un teclado y un ratón USB a través de los puertos USB 2.0. Consulte [Conexiones periféricas, en la página 12](#).

Consumibles

Consumible	Proveedor	Finalidad
Filtro de aire	Illumina, n.º de catálogo 20116201	Sustitución del filtro de aire. MiSeq i100 se entrega con dos filtros de aire, uno preinstalado y otro de repuesto.

Consumible	Proveedor	Finalidad
Cartucho seco de prueba reutilizable	Illumina, n.º de catálogo 20102505	Realización de una comprobación del sistema. MiSeq i100 se envía con un cartucho seco de prueba reutilizable.
Cartucho húmedo de prueba reutilizable	Illumina, n.º de catálogo 20102509	Realización de una comprobación del sistema. MiSeq i100 se envía con un cartucho húmedo de prueba reutilizable.
Guantes desechables sin talco	Proveedor de laboratorio general	Usos múltiples.
Almohadilla para bandeja para gotas	Illumina, n.º de catálogo 20116211	Sustitución de la almohadilla de bandeja para gotas.
Botella de residuos	Illumina, n.º de catálogo 20116206	Reemplazo de la botella de desechos. MiSeq i100 se envía con una botella de desechos.
Tubo de microcentrifugado, 1,5 ml	VWR, n.º de catálogo 20170-038 o equivalente	Combinar volúmenes al preparar la genoteca.
Puntas de pipeta 20 µl	Proveedor de laboratorio general	Pipeteo para dilución y carga de genotecas.
Puntas de pipeta 200 µl	Proveedor de laboratorio general	Pipeteo para dilución y carga de genotecas.
Puntas de pipeta 1000 µl	Proveedor de laboratorio general	Pipeteo para dilución y carga de genotecas.
[Opcional] PhiX Control v3	Illumina, n.º de catálogo FC-110-3001	Adición de control PhiX para kits con 600 ciclos o menos.
[Opcional] Control PhiX indexado (1000 ciclos)	Illumina, n.º de catálogo 20151542	Adición de control PhiX para kits con 1000 ciclos.
[Opcional] HT1 (tampón de hibridación)	Illumina, n.º de catálogo 20015892	Reactivos utilizados para diluir genotecas desnaturalizadas antes de la secuenciación

Equipo

Elemento	Proveedor
Centrifuga de microtubos	Proveedor de laboratorio general
Pipeta 20 μ l	Proveedor de laboratorio general
Pipeta 200 μ l	Proveedor de laboratorio general
Pipeta 1000 μ l	Proveedor de laboratorio general
Mezclador de vórtice	Proveedor de laboratorio general
[Opcional] Teclado USB	Proveedor general
[Opcional] Ratón USB	Proveedor general

Instalación

Antes de iniciar el proceso de configuración, asegúrese de tener toda la información necesaria en el documento Preparación de la instalación de red. Póngase en contacto con su representante de TI para obtener los detalles de red y almacenamiento necesarios antes de iniciar la configuración. Consulte la [página de asistencia de MiSeq i100 Series](#).

 No mueva el instrumento mientras esté encendido. Mover el instrumento mientras está encendido podría provocar errores críticos del sistema.

Consulte [Componentes del instrumento, en la página 10](#) para obtener más información.

Encienda el instrumento por primera vez

1. Retire la cubierta protectora de plástico que rodea al instrumento.
2. Conecte el cable Ethernet al puerto Ethernet (LAN1) en la parte posterior del instrumento. Consulte [Conexiones de alimentación y auxiliares, en la página 11](#).
MiSeq i100 está equipado con dos puertos LAN, cada uno con su propia dirección MAC. Configure LAN1 (enp66s0) durante la instalación. Puede configurar LAN2 después de la instalación. Consulte [Ajustes de red, en la página 54](#).
3. Conecte el cable de alimentación a la entrada de alimentación en el panel trasero y luego conéctelo a un tomacorriente con conexión a tierra. Consulte [Conexiones de alimentación y auxiliares, en la página 11](#).
4. Fije el pedestal. Consulte [Fijación del pedestal, en la página 96](#).
5. Pulse el lado de encendido (I) del interruptor en la parte trasera del instrumento. Consulte [Conexiones de alimentación y auxiliares, en la página 11](#).
6. Pulse el botón de encendido/apagado que se encuentra en la parte delantera del instrumento para encender el instrumento. Consulte [Componentes externos, en la página 11](#).
7. Ajuste el monitor para lograr su ángulo de visión preferido.

Primera configuración

El MiSeq i100 Series Control Software le guía a través de la primera configuración. Las siguientes secciones resumen los ajustes de configuración que se deben configurar durante la configuración inicial.

-  No altere el instrumento si se muestra el cursor de espera giratorio. La interrupción del proceso puede provocar un error crítico del sistema irrecuperable.
-  Para crear datos precisos de los resultados del análisis, debe establecer la zona horaria del instrumento una vez finalizada la instalación. Consulte [Ajustes de tiempo, en la página 56](#).

Cuenta de administrador

Solo puede crear una cuenta de administrador durante la primera configuración. Una vez configurado, puede crear cuentas de administrador adicionales. Para obtener más información, consulte [Añadir usuarios, en la página 44](#).

- User name (Nombre de usuario)
- Password (Contraseña)

Alias del instrumento

- [Opcional] Alias del instrumento

Si introduce un alias de instrumento, este aparece en la parte inferior de la pantalla en el MiSeq i100 Series Control Software.

Conexión de red

Configurar la conexión de red durante el procedimiento de configuración inicial es opcional, pero recomendable. Si no configura la red, debe configurar un USB o un almacenamiento externo. No puede utilizar Illumina Proactive, BaseSpace Sequence Hub, ni ningún otro servicio en la nube hasta que no se haya configurado la red.

Dirección IP

Para utilizar una dirección IP estática, introduzca manualmente la dirección IP o utilice el protocolo de configuración dinámica de host (DHCP) para automatizar la asignación de la dirección IP.

- Asignar automáticamente la dirección IP (DHCP)
- Introduzca manualmente la dirección IP
 - Dirección IP
 - Máscara de red

- Puerta de enlace

Servidor DNS

Si introduce los servidores DNS manualmente, puede incluir varios servidores separándolos con comas. Si el MiSeq i100 no está en el dominio, puede buscar el dominio para obtener la resolución de nombre.

- Asignar automáticamente la dirección IP del servidor DNS
- [Opcional] Introducir manualmente la dirección IP del servidor DNS
 - Dirección IP del/de los servidor(es) DNS
- [Opcional] Buscar dominio

Servidor proxy

Si un servidor proxy está habilitado, se muestra una opción para introducir un nombre de usuario y contraseña para un proxy autenticado.

- [Opcional] Habilitar proxy
 - Dirección del servidor
 - [Opcional] Puerto
 - Requiere nombre de usuario y contraseña
 - User name (Nombre de usuario)
 - Password (Contraseña)

Cortafuegos

Si debe acceder a MiSeq i100 de forma remota, debe habilitar los puertos 80 y 443.

- Habilitar los puertos de red 80 y 443 para acceso remoto

Illumina Proactive

Illumina Proactive está seleccionado de forma predeterminada.

- Enviar los datos de rendimiento del instrumento a Illumina. No se envían datos de secuenciación.

Comprobaciones del sistema

Una vez implementadas las configuraciones necesarias se inician las comprobaciones del sistema para garantizar el correcto funcionamiento de todos los componentes de MiSeq i100. Las comprobaciones del sistema incluyen la prueba de la puerta de la célula de flujo, el ventilador de refrigeración interno y los mecanismos de carga de reactivos. No manipule el instrumento mientras se somete a las comprobaciones del sistema. Las comprobaciones del sistema utilizan los cartuchos de prueba reutilizables secos y húmedos, que se incluyen con el MiSeq i100.

Cargue los cartuchos de prueba reutilizables de la siguiente manera.

1. Seleccione **Next** (Siguiente) para extender la bandeja seca.
2. Cargue el cartucho de prueba seco después de que se extienda la bandeja seca.
3. Seleccione **Next** (Siguiente) para retraer la bandeja seca y extender la bandeja húmeda.
4. Cargue el cartucho de prueba húmedo después de que se extienda la bandeja húmeda.
5. Seleccione **Next** (Siguiente) para retraer la bandeja húmeda e iniciar las comprobaciones del sistema.

 No ajuste las bandejas manualmente. Si lo hace podría producirse un error crítico del sistema irrecuperable.

Si las comprobaciones del sistema identifican cualquier fallo, las comprobaciones del sistema continúan hasta que se hayan comprobado todos los componentes. En los archivos de registro se registra una lista completa de los componentes que han fallado. Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina para compartir los archivos de registro y abordar cualquier problema a través de la resolución de problemas.

Una vez finalizadas las comprobaciones del sistema, descargue el cartucho de prueba húmedo reutilizable y el cartucho de prueba seco reutilizable seleccionando **Eject Consumables** (Expulsar consumibles) en la pantalla Start (Inicio). Conserve los cartuchos a temperatura ambiente para usarlos en el futuro.

Almacenamiento externo

Almacenamiento en red local

Almacenamiento en red - SMB

1. Introduzca la información siguiente:
 - Server location (Ubicación del servidor)
 - [Opcional] Domain (Dominio)
 - User name (Nombre de usuario)
 - Password (Contraseña)
2. Seleccione **Test configuration** (Probar configuración) para probar la conexión de almacenamiento de red.
3. Una vez finalizada la prueba, seleccione **Save** (Guardar).
4. Proceda a *Especificar carpeta predeterminada*, en la página 39.

Almacenamiento en red: almacenamiento NFS

1. Introduzca la información siguiente:

- Server location (Ubicación del servidor)
 - [Opcional] Domain (Dominio)
 - User name (Nombre de usuario)
 - Password (Contraseña)
2. Seleccione **Test configuration** (Probar configuración) para probar la conexión de almacenamiento de red.
3. Una vez finalizada la prueba, seleccione **Save** (Guardar).
4. Proceda a *Especificación de carpeta predeterminada*, en la página 39.

Almacenamiento USB

Solo se recomienda añadir una unidad USB para el almacenamiento externo cuando MiSeq i100 no esté conectado a una red. También se puede utilizar una unidad USB para importar hojas de muestra y archivos de recursos.

- !** Utilice un concentrador USB de la lista recomendada para evitar posibles problemas de montaje de almacenamiento y transferencia de datos. Consulte el [sitio de asistencia de MiSeq i100 Series](#).

La unidad USB debe configurarse de la siguiente manera.

- Formateado a exFAT o NTFS.
 - Contiene una carpeta que se utilizará como carpeta de salida. El nombre de la carpeta no puede contener espacios.
- i** No se puede crear la carpeta en el MiSeq i100 Series Control Software; debe crearse antes de agregar el USB al instrumento.
- Conectado al puerto USB 3.1 Gen 1. Consulte *Conexiones periféricas*, en la página 12.
1. Seleccione Add USB (Añadir USB)
- !** Si el USB está cifrado, introduzca la contraseña. No introduzca la contraseña si el USB no está cifrado.
2. Seleccione **Add** (Añadir).
3. Seleccione **Save** (Guardar).
4. Proceda a *Especificación de carpeta predeterminada*, en la página 39.

Especificación de carpeta predeterminada

Después de añadir una ubicación de almacenamiento externa, MiSeq i100 Series Control Software le llevará a la pantalla de inicio. Se debe configurar una carpeta predeterminada antes de poder comenzar una ejecución de secuenciación. Utilice los siguientes pasos para configurar la carpeta predeterminada.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.

2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **External Storage** (Almacenamiento externo).
3. Seleccione **Add folder** (Añadir carpeta).
4. Seleccione una ubicación de servidor de la lista desplegable y luego seleccione el volumen.
5. Seleccione la carpeta de salida predeterminada deseada en **Available folders** (Carpetas disponibles).
6. [Opcional] Introduzca un nombre para la carpeta.
7. Seleccione **Save** (Guardar).

Almacenamiento en la nube

Si está suscrito a Professional BaseSpace Sequence Hub (BSSH), se requiere el nombre de dominio privado.

- Ubicación de alojamiento
- [Opcional] Nombre de dominio privado

Ajustes

Esta sección proporciona instrucciones para configurar el sistema una vez finalizada la [Instalación, en la página 35](#). Los administradores pueden editar la configuración del sistema en el instrumento o editar la configuración limitada del sistema mediante un ordenador remoto conectado a la red.

Consulte [Illumina Run Manager, en la página 15](#) para acceder al MiSeq i100 Series Control Software de forma remota.

Para obtener ayuda con la actualización de los ajustes de red, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.

Para obtener información sobre el ordenador de control del instrumento, las conexiones de red o los ajustes de seguridad, consulte [Seguridad del producto de Illumina](#).

Personas

La sección People (Personas) en el área Settings (Ajustes) del MiSeq i100 Series Control Software incluye las siguientes áreas para los usuarios con los permisos adecuados. Consulte [Permisos de usuario, en la página 41](#) para obtener más información.

Usuarios

El MiSeq i100 Series Control Software tiene las siguientes funciones:

- **Sequencer Operators** (Operadores secuenciadores): permite a los usuarios realizar la secuenciación y acceder a todas las funciones de secuenciación. Para acceder al software de control en el instrumento, a un usuario se le debe asignar el rol de operador secuenciador. Este es el rol predeterminado cuando se crea un nuevo usuario.
- **Administrator** (Administrador): permite a los usuarios acceder a todas las funciones de administrador en los ajustes. Al añadir un usuario, puede asignarle el rol de administrador. La función Administrador incluye todo el acceso otorgado al rol de Operadores secuenciadores.

Permisos de usuario

Los siguientes permisos de Ajustes están disponibles para cada rol. La función de operador secuenciador se selecciona de forma predeterminada cuando se crea un nuevo usuario y también se puede seleccionar el rol Administrador. Consulte [Añadir usuarios, en la página 44](#).

Tabla 1 Personas

Ajuste	Permiso	Administradores	Operadores secuenciadores
Users (Usuarios)	Ver, añadir, editar y eliminar usuarios	✓	-
Password policy (Política de contraseñas)	Establecer políticas de contraseñas	✓	-
Audit log (Registro de auditoría)	Ver el registro de auditoría	✓	-

Tabla 2 Instrumento

Ajuste	Permiso	Administradores	Operadores secuenciadores
About (Acerca de)	Ver información del instrumento	✓	✓
Instrument settings (Ajustes del instrumento)	Personalizar los ajustes del instrumento	✓	✓
Software update (Actualización de software)	Realizar actualizaciones de software	✓	✓
System checks (Comprobaciones del sistema)	Ejecutar comprobaciones del sistema	✓	✓
Open used reagent door (Apertura de puerta de reactivos usados)	Abrir la puerta de reactivos para vaciar el frasco de residuos	✓	✓
Factory restore (Restauración de fábrica)	Borrar todos los datos del instrumento	✓	-

Tabla 3 Red

Ajuste	Permiso	Administradores	Operadores secuenciadores
Network settings (Ajustes de red)	Configurar ajustes de red	✓	-
Proxy settings (Ajustes de proxy)	Habilitar un servidor proxy	✓	-
Firewall settings (Configuración del cortafuegos)	Habilitar la configuración del cortafuegos	✓	-
TLS certificate (Certificado TLS)	Configurar certificados TLS	✓	-
Time settings (Ajustes de hora)	Configurar la zona horaria y el servidor del protocolo de tiempo de red (NTP)	✓	✓
Cloud settings (Ajustes de la nube)	Configurar los ajustes de conectividad de la nube	✓	✓
External storage (Almacenamiento externo)	Configurar ajustes del almacenamiento externo	✓	✓

Tabla 4 Análisis

Ajuste	Permiso	Administradores	Operadores secuenciadores
Analysis configuration template (Plantilla de configuración de análisis)	Agregar una plantilla de configuración de análisis (ACT)	✓	✓
Applications (Aplicaciones)	Instalar, desinstalar y editar la configuración para aplicaciones	✓	✓
Custom kits (Kits personalizados)	Añadir kits personalizados de preparación de genotecas y adaptadores de índices	✓	✓

Ajuste	Permiso	Administradores	Operadores secuenciadores
DRAGEN	Instalar nueva versión de DRAGEN y actualizar licencia	✓	-
Resource files (Archivos de recursos)	Ver recursos MiSeq i100 Series	✓	✓

Añadir usuarios

Los usuarios con el rol Administrador pueden añadir nuevos usuarios mediante el MiSeq i100 Series Control Software. Los usuarios de la nube se crean automáticamente cuando inician sesión por primera vez en el instrumento utilizando sus credenciales del BaseSpace Sequence Hub. Después de crear un usuario de BaseSpace Sequence Hub, se crea un usuario en el MiSeq i100 Series Control Software automáticamente y su acceso se puede configurar manualmente.

Adición de un usuario

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Users** (Usuarios).
3. Seleccione **Add user** (Añadir usuario).
4. Introduzca la información siguiente:
 - User name (Nombre de usuario)
 - First name (Nombre)
 - Last name (Apellidos)
5. Confirme que la casilla de User status (Estado de usuario) está seleccionada para configurar el estado del usuario como **Active** (Activo).
Solo los usuarios activos pueden iniciar sesión en el instrumento.
6. Introduzca una contraseña temporal. Las contraseñas temporales no se pueden reutilizar.
Los usuarios inician sesión por primera vez con la contraseña temporal. Después, se les pide que cambien su contraseña. Consulte [Requisitos de contraseña, en la página 44](#) para conocer los requisitos de contraseña.
7. Para añadir un usuario como administrador, seleccione la casilla **Administrators** (Administradores). Consulte [Permisos de usuario, en la página 41](#) para obtener más información sobre los permisos de grupo.
8. Seleccione **Yes, save** (Sí, guardar) cuando termine.

Requisitos de contraseña

Al crear un usuario, la contraseña debe cumplir los siguientes requisitos.

Política	Ajuste de seguridad
Longitud de la contraseña	Debe contener de 8 a 64 caracteres
Requisitos mínimos de caracteres de la contraseña	<ul style="list-style-type: none"> • Un carácter en mayúscula • Un carácter en minúscula • Un carácter numérico • Un carácter especial
Historial de contraseñas	No puede coincidir con ninguna de las cinco contraseñas anteriores

Gestión de los usuarios

Los administradores pueden gestionar a los usuarios con el MiSeq i100 Series Control Software. Para obtener más información sobre cómo añadir un usuario, consulte [Añadir usuarios, en la página 44](#).

Edición de un usuario

Al modificar un usuario, puede cambiar el nombre, el apellido, el estado, los permisos y [Restablecer contraseña \(administrador\), en la página 45](#). No puede editar el nombre del usuario.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Users** (Usuarios).
3. Seleccione el usuario que editar.
4. Edite los ajustes del usuario y, a continuación, seleccione **Save** (Guardar).

Eliminación de usuarios

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Users** (Usuarios).
3. Seleccione **Remove** (Eliminar) para el usuario que le gustaría eliminar.
4. En el cuadro de diálogo, seleccione **Yes, remove** (Sí, eliminar).
5. Repita los pasos 3 y 4 para cada usuario que desearía eliminar.

Cambios de contraseña

Restablecer contraseña (administrador)

Los administradores pueden restablecer las contraseñas de usuario y asignar una contraseña temporal mediante el MiSeq i100 Series Control Software. La próxima vez que el usuario inicie sesión con la contraseña temporal, se le pedirá que la cambie.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Users** (Usuarios).

3. Seleccione el usuario que editar.
4. Seleccione **Reset Password** (Restablecer contraseña). Consulte [Política de contraseñas, en la página 46](#) para obtener información sobre las restricciones de la contraseña.
5. Seleccione **Save** (Guardar) cuando termine.

Cambiar contraseña (usuario)

Cambie su propia contraseña de la siguiente manera.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Change password** (Cambiar contraseña).
3. Introduzca su contraseña existente, introduzca la nueva contraseña siguiendo los [Requisitos de contraseña, en la página 44](#) y, a continuación, vuelva a introducir la nueva contraseña para confirmarla.

Política de contraseñas

Los administradores pueden configurar las contraseñas para que no caduquen nunca, editar la frecuencia con la que caducan las contraseñas, el número de intentos de inicio de sesión permitidos y el tiempo hasta el cierre de sesión automático. Cuando una contraseña caduca, a los usuarios se les pide que establezcan una nueva contraseña durante el inicio de sesión.

Los ajustes de la contraseña utilizan los valores predeterminados siguientes:

- Caducidad de la contraseña: 90 días
- Intentos de inicio de sesión no válidos: cinco intentos
- Tiempo de cierre de sesión automático: 30 minutos

Edite la política de contraseñas de la siguiente manera.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Password policy** (Política de contraseñas).
3. Edite los ajustes de la contraseña según sus preferencias.

i Si la **Password expiry** (Caducidad de la contraseña) se establece en Contraseña nunca caduca, o si **Sign out after** (Cerrar sesión después) se establece en 4 u 8 horas, los mensajes de advertencia de seguridad deben leerse y aceptarse.

4. Seleccione **Save** (Guardar).

Registro de auditoría

Los administradores pueden revisar el registro de auditoría del instrumento en el instrumento o en un ordenador conectado a la red. El registro de auditoría registra todas las acciones que realiza un usuario en el sistema.

Revise el registro de auditoría tal y como se indica a continuación.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Audit log** (Registro de auditoría).
3. Utilice los filtros siguientes para refinar los resultados del registro de auditoría.
 - **Date** (Fecha): filtre acciones por intervalo de fechas seleccionando el ícono de calendario o introduciendo las fechas manualmente en los campos de fecha From (Desde) y To (Hasta) en el formato AAAA-MM-DD.
 - **Action type** (Tipo de acción): filtre por el tipo de acción realizada introduciendo la acción en el campo Type (Tipo).
 - **User** (Usuario): filtre por el usuario que realizó la acción introduciendo el nombre del usuario en el campo Who (Quién).
 - **Description** (Descripción): filtre por detalles adicionales introduciendo una descripción de la acción en el campo Description (Descripción).
4. Seleccione **Filter** (Filtro) para aplicar los filtros.
5. Para exportar un archivo PDF del registro de auditoría, seleccione **Export log** (Exportar registro).

Instrumento

La sección Instrument (Instrumento) en el área Settings (Ajustes) del MiSeq i100 Series Control Software incluye las siguientes áreas para los usuarios con los permisos adecuados. Consulte [Permisos de usuario](#), en la página 41 para obtener más información.

About (Acerca de)

Esta sección proporciona la siguiente información de contacto del instrumento y de Illumina:

- Versión de MiSeq i100 Series Control Software instalada
- Número de serie
- Nombre del ordenador
- Versión de la imagen del SO
- Recuento total de experimentos
- Correo electrónico de atención al cliente
- Correo electrónico de asistencia técnica
- Números de teléfono de Estados Unidos e internacionales

Acceda al menú **About** (Acerca de) de la siguiente manera.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **About** (Acerca de).

Ajustes del instrumento

Esta sección proporciona información para la configuración de los ajustes de personalización disponibles. También puede cambiar la configuración predeterminada de cada experimento durante la revisión del experimento.

Para establecer una carpeta de salida predeterminada, consulte [Definir carpeta de resultados predeterminada, en la página 59](#).

Alias del instrumento

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Instrument Settings** (Ajustes del instrumento).
3. Introduzca el alias deseado para el instrumento. El alias puede incluir hasta 20 caracteres alfanuméricos y se muestra en la parte inferior de la pantalla.
4. Seleccione **Save** (Guardar).

Cambiar el brillo de la barra de estado

Puede desactivar o ajustar el brillo de la barra de estado.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Instrument Settings** (Ajustes del instrumento).
3. Mueva el control deslizante de la barra de estado al ajuste deseado.
4. Para apagar la barra de estado, apague **Light bars** (Barras de luz).
5. Seleccione **Save** (Guardar).

Seleccione la opción **On Sample Container ID Mismatch (Discrepancia de ID del contenedor de muestras)**

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Instrument Settings** (Ajustes del instrumento).
3. Seleccione para discrepancia de ID del contenedor de muestras entre las siguientes opciones:
 - Mostrar advertencia y permitir continuar con la discrepancia
 - Impedir continuar con la secuenciación

4. Seleccione **Save** (Guardar).

Seleccione la opción **Purge reagent cartridge after run** (Purgar cartucho de reactivo después del experimento)

Este ajuste purga automáticamente los reactivos residuales que quedan en los cartuchos gastados después de que se completa un experimento de secuenciación.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Instrument Settings** (Ajustes del instrumento).
3. Seleccione la casilla de verificación **Purge reagent cartridge after run** (Purgar cartucho de reactivo después del experimento).
4. Seleccione **Save** (Guardar).

Establecer orden de configuración de ejecución

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Instrument Settings** (Ajustes del instrumento).
3. Seleccione una orden de configuración del experimento entre las siguientes opciones:
 - **Seleccionar primero la ejecución**
 - **Cargar primero los consumibles**
4. Seleccione **Save** (Guardar).

Establecer la selección de la secuenciación predeterminada

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Instrument Settings** (Ajustes del instrumento).
3. Seleccione una selección del experimento predeterminada entre las siguientes opciones:
 - Seleccionar experimentos planificados
 - Introducir manualmente la información del experimento (solo BCL)
 - **[Opcional]** Seleccione las longitudes de lectura predeterminadas e introduzca los valores de lectura e índice.
 - Importar hoja de muestras para análisis local
4. Seleccione **Save** (Guardar).

Filtro de aire

Si recibe un mensaje de advertencia que le solicita que sustituya el filtro de aire, puede iniciar el proceso a través del MiSeq i100 Series Control Software. Para obtener más información, consulte [Sustitución del filtro de aire, en la página 97](#).

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Air filter** (Filtro de aire).
3. Seleccione **Replace air filter** (Reemplazar filtro de aire).
4. Retire el filtro de aire antiguo y sustitúyalo por uno nuevo.
5. Cierre manualmente la puerta.
6. Seleccione **Reset filter expiry** (Restablecer caducidad del filtro).

Apertura de puerta de reactivos usados

Si necesita abrir la puerta del reactivo usado para poder vaciar la botella de desechos, proceda de la siguiente manera.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, **Open used reagent door** (Apertura de puerta de reactivos usados).
3. Vacíe la botella de residuos. Consulte [Vaciado de la botella de residuos, en la página 87](#).

Comprobaciones del sistema

Utilice las comprobaciones del sistema para solucionar problemas y asegúrese de que MiSeq i100 funcione correctamente. Puede seleccionar varias comprobaciones al mismo tiempo. Es posible que deba cargar cartuchos de prueba reutilizables antes de iniciar algunas de las comprobaciones del sistema. Si se requiere un cartucho de prueba reutilizable, el botón **Load Consumables** (Cargar consumibles) estará disponible para su selección. El tiempo estimado para completar las comprobaciones del sistema se mostrará en la pantalla.

Ejecute las comprobaciones del sistema como se indica a continuación.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **System Checks** (Comprobaciones del sistema).
3. Seleccione los grupos que desea comprobar.
4. Si se requieren cartuchos de prueba reutilizables, cargue los cartuchos de prueba reutilizables de la siguiente manera.
 - a. Seleccione **Load reusable test cartridges** (Cargar cartuchos de prueba reutilizables) para ampliar la bandeja seca.
 - b. Cargue el cartucho de prueba seco después de que se extienda la bandeja seca.
 - c. Seleccione **Next** (Siguiente) para retraer la bandeja seca y extender la bandeja húmeda.

- d. Cargue el cartucho de prueba húmedo después de que se extienda la bandeja húmeda.
 - e. Pulse **Next** (Siguiente) para retraer la bandeja húmeda e iniciar las comprobaciones del sistema.
-  No ajuste las bandejas manualmente. Si lo hace podría producirse un error crítico del sistema irrecuperable.
5. Seleccione **Start checks** (Iniciar comprobaciones).

Exportar registros

Es posible que el equipo del servicio de asistencia técnica de Illumina necesite archivos de registro para ayudar a resolver problemas con el instrumento. Exporte los archivos de registro de la siguiente manera.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Export logs** (Exportar registros).
3. Seleccione lo siguiente:
 - Logs
 - Experimentos de secuenciación
 - Incluir archivos de imagen opcionales
4. Seleccione **Next** (Siguiente).
5. Seleccione **File output location** (Ubicación de resultados de archivo) y, a continuación, seleccione **Export** (Exportar).

Actualización de software

Todos los usuarios pueden ver la información sobre la versión actual del software y comprobar manualmente si hay actualizaciones. Solo los administradores pueden realizar actualizaciones de software. Si el instrumento no tiene acceso a Internet, debe descargar el archivo de instalación antes de realizar una actualización del software. Descargue el archivo del [sitio de asistencia de MiSeq i100 Series](#).

No se puede actualizar el software cuando se está realizando un experimento de secuenciación.

Si se encuentra en curso alguna de las siguientes condiciones, aparece un mensaje de advertencia y la condición se cancela si usted continúa:

- Secuenciación o análisis en curso.
- La puesta a la cola está en curso.
- La copia del archivo está en curso.
- La instalación de DRAGEN, la actualización de la licencia o la autocomprobación están en curso.
- El instrumento se está apagando.

Actualización de software con acceso a Internet

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Software update** (Actualización de software).
3. Seleccione **Check online for software update** (Buscar actualizaciones de software en línea).
Si **Automatically check for software update** (Comprobación automática de actualizaciones de software) está habilitado, dicha comprobación se realiza automáticamente cuando se carga la página.
Si hay una actualización disponible, la versión del software se muestra junto con un enlace para revisar las notas de la versión.
4. Seleccione **Download update** (Descargar actualización).
5. Una vez completada la descarga, seleccione **Install update** (Instalar actualización).
6. Una vez actualizado el software, deberá instalar las aplicaciones DRAGEN e importar los genomas de referencia.
 - Consulte [Aplicaciones, en la página 60](#) para instalar las aplicaciones DRAGEN.
 - Consulte [Archivos de recursos, en la página 61](#) para importar los genomas de referencia.

Actualización de software sin acceso a Internet

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Software update** (Actualización de software).
3. Seleccione **Select...** (Seleccionar...)
4. Busque el archivo de instalación y, a continuación, seleccione **View files** (Ver archivos).
5. Seleccione **Install Update** (Instalar actualización).
6. Una vez actualizado el software, deberá instalar las aplicaciones DRAGEN e importar los genomas de referencia.
 - Consulte [Aplicaciones, en la página 60](#) para instalar las aplicaciones DRAGEN.
 - Consulte [Archivos de recursos, en la página 61](#) para importar los genomas de referencia.

OS Terminal (Terminal del SO)

El terminal del SO permite a un usuario con la función de administrador acceder al sistema operativo Linux para instalar aplicaciones de terceros, como un escáner antivirus. Para utilizar el terminal del SO, debe ponerse en contacto con Illumina para obtener un código de acceso temporal.

El acceso al terminal del SO no es necesario para el funcionamiento normal del instrumento.

i Si utiliza el terminal del SO, será responsable de la seguridad y la integridad del instrumento.

Restauración de fábrica

 Al realizar una restauración de fábrica, se borran todos los datos del instrumento.

Si hay un error crítico del sistema, un Administrador puede realizar una restauración de fábrica para resolver el problema. Este proceso tarda unos 90 minutos y no se puede cancelar después de iniciarse. Después de restaurar el sistema a su estado original de fábrica, reinicie el software de control, y vuelva a instalar las aplicaciones y los recursos mediante los siguientes pasos.

1. Realice la primera configuración. Consulte [Primera configuración, en la página 36](#)
2. Descargue las aplicaciones DRAGEN deseadas y los genomas de referencia asociados. Consulte [Aplicaciones, en la página 60](#).
3. Póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina para solicitar una nueva licencia DRAGEN sin conexión para su instrumento.
4. Descargue la licencia a una red o unidad USB. La licencia estará en un archivo zip.

 No descomprima el archivo de licencia.

5. Conecte su red o unidad USB al Software de control. Consulte [Almacenamiento externo, en la página 57](#).
6. Vaya a **DRAGEN > License** (Licencia) y seleccione **Offline from File** (Sin conexión desde archivo) para instalar la licencia.

Para obtener más información y asistencia, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.

Devolución del instrumento

Siga los pasos de la sección [Preparación del instrumento para la devolución, en la página 100](#).

Después de vaciar el frasco de desechos, seleccione **Set to return state** (Configurar para devolución) para establecer el instrumento en estado de envío seguro y, a continuación, siga los pasos de la sección [Preparación del instrumento para la devolución, en la página 100](#).

 Seleccionar **Set to return state** (Configurar para devolución) no afecta a las cuentas de usuario ni a los datos almacenados en el instrumento.

Red

La sección Network (Red) en el área Settings (Ajustes) del MiSeq i100 Series Control Software incluye las siguientes áreas para los usuarios con los permisos adecuados. Consulte [Permisos de usuario, en la página 41](#) para obtener más información.

Ajustes de la nube

Siga las instrucciones siguientes para configurar la asistencia de Proactive y BaseSpace Sequence Hub o ICA en su sistema. Para obtener más información sobre BaseSpace Sequence Hub, consulte la página del [sitio de asistencia de BaseSpace Sequence Hub](#). Para obtener más información sobre ICA, consulte la página del [sitio de asistencia de Software conectado de Illumina](#).

Configure los ajustes de la nube de la siguiente manera.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Cloud Settings** (Ajustes de la nube).
3. Para habilitar una conexión de la nube, seleccione la ubicación de su dominio BaseSpace Sequence Hub o ICA en el menú desplegable **Hosting location** (Ubicación del hosting).
4. Si utiliza BaseSpace Sequence Hub Enterprise o ICA, configure la opción de nube siguiente:
 - **Private domain name** (Nombre del dominio privado): introduzca el nombre de dominio de BaseSpace Sequence Hub o ICA. No es necesario para cuentas BaseSpace Sequence Hub Professional o Basic.
5. Seleccione **Test configuration** (Probar configuración) para comprobar su conexión a la nube. Asegúrese de haber añadido los puntos de conexión requeridos a la lista de **permitidos** para su cortafuegos. Para obtener una lista de terminales, consulte [Seguridad del producto de Illumina](#).
6. Seleccione los ajustes siguientes del experimento. Los ajustes del experimento seleccionados actúan como predeterminados, pero puede cambiarlos durante la configuración del experimento.
 - **Cloud run monitoring** (Supervisión de experimentos en la nube): seleccione esta opción para habilitar la supervisión de experimentos remota. La asistencia de Proactive se incluye automáticamente. La supervisión de experimentos solo es visible en BaseSpace Sequence Hub.
 - **Cloud run storage** (Almacenamiento de experimentos en la nube): almacene los datos del experimento en la nube e inicie automáticamente el análisis. La asistencia de Proactive y la supervisión de experimentos se incluyen automáticamente.
7. Para habilitar solo la asistencia de Proactive, seleccione **Send instrument performance data to Illumina** (Enviar datos de rendimiento del instrumento a Illumina).
8. Seleccione **Save** (Guardar).

Ajustes de red

Los ajustes de red se configuran inicialmente cuando se configura el instrumento durante la primera instalación. Si se omitieron las configuraciones de red durante la primera configuración, o deben actualizarse, puede realizar los cambios necesarios en la sección Ajustes de red del MiSeq i100 Series Control Software.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Network Settings** (Ajustes de red).
3. Seleccione **Editar** (Edit) para actualizar la sección.

Nombre de host y dominio

Si no se proporciona un nombre de host, se utiliza el número de serie de MiSeq i100. Si necesita acceder a MiSeq i100 de forma remota, su representante de TI debe añadir el nombre de host a la red y habilitar los puertos 80 y 443.

- [Opcional] Nombre de host
- [Opcional] Nombre de dominio

LAN1 y LAN2

Dirección IP

Para utilizar una dirección IP estática, introduzca manualmente la dirección IP o utilice el protocolo de configuración dinámica de host (DHCP) para automatizar la asignación de la dirección IP.

- Introduzca manualmente la dirección IP
 - Dirección IP
 - Máscara de red
 - Puerta de enlace
- Asignar automáticamente la dirección IP (DHCP)

Servidor DNS

Si introduce los servidores DNS manualmente, puede incluir varios servidores separándolos con comas. Si el instrumento no está en el dominio, puede buscar el dominio.

- Introducir manualmente la dirección IP del servidor DNS
 - Dirección IP del/de los servidor(es) DNS
- Asignar automáticamente la dirección IP del servidor DNS
- [Opcional] Buscar dominio

Ajustes de proxy

Siga estos pasos para habilitar un servidor proxy. Si se habilita un servidor proxy, se muestran las opciones para introducir un nombre de usuario y una contraseña.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Cloud Settings** (Ajustes de la nube).
3. Seleccione **Enable proxy** (Habilitar proxy).
 - a. Introduzca la **Server address** (Dirección del servidor).
 - b. [Opcional] Introduzca el **Port** (Puerto).
4. [Opcional] Seleccione **Requires user name and password** (Requiere nombre de usuario y contraseña).

- a. Introduzca el **User name** (Nombre de usuario).
- b. Introduzca la **Password** (Contraseña).

Configuración del cortafuegos

Habilite los puertos 80 y 443 para el acceso remoto de la siguiente manera.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Firewall** (Cortafuegos).
3. Seleccione la opción para habilitar los puertos 80 y 443.
4. Seleccione **Save** (Guardar).

Certificado TLS

El certificado de seguridad de la capa de transporte (TLS) permite una conexión segura al instrumento desde cualquier dispositivo de su red. El certificado TLS se crea durante la instalación del instrumento y caduca en el plazo de 1 año. El TLS debe renovarse o reemplazarse antes de que caduque. Puede usar un certificado autofirmado, que es el predeterminado, o su propio certificado.

Renovar certificado autofirmado

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **TLS certificates** (certificados TLS).
3. Seleccione **Use self-signed certificate** (Usar certificado autofirmado).
4. Seleccione **Renew TLS Certificate** (Renovar certificado TLS).

Use su propio certificado

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **TLS certificates** (certificados TLS).
3. Seleccione **Use my own certificate** (Usar mi propio certificado) y cargue los siguientes archivos requeridos:
 - TLS certificate (Certificado TLS)
 - TLS key (Clave TLS)
 - Certificado CA
4. Seleccione **Renew TLS Certificate** (Renovar certificado TLS).

Ajustes de tiempo

Para crear datos precisos de resultados de experimentos, se debe establecer la zona horaria. Configure la zona horaria de la siguiente manera.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.

2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Time Settings** (Ajustes de hora).
3. Seleccione **Time zone** (Zona horaria).
4. [Opcional] Introduzca la dirección del protocolo de horarios de red (NTP).
5. Seleccione **Save** (Guardar).

Después de guardar la zona horaria, se reinicia el MiSeq i100 Series Control Software.

Almacenamiento externo

Utilice las instrucciones de esta sección para conectarse a una carpeta externa, seleccionar una o más carpetas de resultados y especificar la carpeta de resultados predeterminada. Puede cambiar la carpeta de resultados para cada experimento durante la configuración del experimento. El software guarda los archivos CBCL y otros datos de la secuenciación en la carpeta de resultados. Se puede utilizar una unidad de red o USB, pero se recomienda una unidad de red.

Se debe configurar una carpeta de salida antes de iniciar cualquier ejecución de secuenciación. Si los experimentos se planifican, supervisan y almacenan mediante BaseSpace Sequence Hub o ICA se debe seleccionar la opción **Don't transfer run data to external storage output folder** (No transferir datos de ejecución a la carpeta de salida de almacenamiento externo) durante la revisión de la ejecución de secuenciación y no es necesario configurar una carpeta de salida. Consulte [Ajustes de la nube, en la página 54](#).

Añadir una unidad de red

Utilice las siguientes instrucciones para montar una unidad de red persistente. Server Message Block (SMB) y Network File System (NFS) son los únicos protocolos de comunicación de red compatibles.

Para utilizar su unidad de red como carpeta de salida, primero debe agregarla como un volumen de almacenamiento externo disponible.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **External Storage** (Almacenamiento externo).
3. Seleccione **Add network storage** (Añadir almacenamiento en red).
MiSeq i100 Series está limitado a tres sistemas de almacenamiento a la vez.
4. Seleccione el tipo de unidad de red.
5. Introduzca la información siguiente:
 - Server location (Ubicación del servidor)
 - [Opcional] Domain (Dominio)
 - User name (Nombre de usuario)
 - Password (Contraseña)
6. Si utiliza una unidad SMB para el almacenamiento en red, seleccione una opción de cifrado de archivos. Se recomienda utilizar cifrado.

7. Seleccione **Test configuration** (Probar configuración) para probar la conexión de almacenamiento de red.
8. Una vez finalizada la prueba, seleccione **Save** (Guardar).

Después de guardar la unidad de red, las carpetas de la unidad de red se pueden utilizar como carpetas de resultados. Se pueden configurar varias carpetas de resultados con una de las carpetas configuradas como predeterminadas. Para obtener instrucciones sobre cómo seleccionar la opción de carpeta de salida predeterminada, consulte [Definir carpeta de resultados predeterminada](#), en la página 59.

Para eliminar la unidad de red más tarde, seleccione **Remove volume** (Eliminar volumen) en la columna Actions (Acciones) del servidor en la pantalla External storage (Almacenamiento externo).

Añadir una unidad USB

Solo se recomienda añadir una unidad USB para el almacenamiento externo cuando el instrumento no esté conectado a una red. También se puede utilizar una unidad USB para importar hojas de muestra y archivos de recursos.

 Utilice un concentrador USB de la lista recomendada para evitar posibles problemas de montaje de almacenamiento y transferencia de datos. Consulte el [sitio de asistencia de MiSeq i100 Series](#).

La unidad USB debe configurarse de la siguiente manera.

- Formateado a exFAT o NTFS.
- Contiene una carpeta que se utilizará como carpeta de salida. El nombre de la carpeta no puede tener espacios.

 No se puede crear la carpeta en el MiSeq i100 Series Control Software, debe crearse antes de agregar el USB al instrumento.

- Conectado al puerto USB 3.1 Gen 1. Consulte [Conexiones periféricas](#), en la página 12.

Para utilizar su unidad USB como carpeta de salida, primero debe agregarla como un volumen de almacenamiento externo disponible. Agregue la unidad USB de la siguiente manera.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **External Storage** (Almacenamiento externo).
3. Seleccione **Add USB storage** (Añadir almacenamiento USB).

 Si el USB está cifrado, introduzca la contraseña. No introduzca la contraseña si el USB no está cifrado.

4. Seleccione **Add** (Añadir).

Después de agregar el USB, éste queda disponible como volumen de almacenamiento de salida.

5. Especifique la ubicación de la carpeta de salida predeterminada. Consulte [Definir carpeta de resultados predeterminada, en la página 59](#).

Para retirar la unidad de USB más tarde, seleccione **Eject** (Expulsar) en la columna Actions (Acciones) del servidor en la pantalla **External storage** (Almacenamiento externo).

- i** Si se interrumpe la conexión USB, el instrumento seguirá mostrando el USB como una entrada en la pantalla de almacenamiento externo. Sin embargo, la unidad de USB no se podrá seleccionar debido al soporte perdido. Siga las instrucciones en pantalla para expulsar y volver a montar el USB para restaurar la conexión.

Definir carpeta de resultados predeterminada

Para utilizar una opción de almacenamiento externo como carpeta de salida predeterminada, seleccione la carpeta de salida de almacenamiento externo como se indica a continuación.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **External Storage** (Almacenamiento externo).
3. Si ya se ha agregado una carpeta de salida, seleccione **Edit folders** (Editar carpetas), y luego seleccione **Add folder** (Aregar carpeta).
4. Si no se ha añadido una carpeta de resultados, seleccione **Add folder** (Añadir carpeta).

- i** El nombre de la carpeta no puede contener espacios.
5. Seleccione una ubicación de servidor de la lista desplegable y luego seleccione uno de los volúmenes disponibles.
 6. Seleccione la carpeta de salida predeterminada deseada en **Available folders** (Carpetas disponibles).
 7. [Opcional] Introduzca un nombre para la carpeta.
 8. Seleccione **Save** (Guardar).
 9. Para eliminar carpetas de salida, seleccione **Remove** (Eliminar) en la pantalla **Edit folders** (Editar carpetas).

Ajustes de archivo de resultados de experimento

Para transferir automáticamente los datos de BCL del experimento local al almacenamiento externo y/o a la nube después de cada experimento, habilite la configuración siguiendo los pasos siguientes.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Run output file settings** (Ajustes de archivo de resultados de experimento).
3. Seleccione la opción **Transfer BCL data folder to the external storage and/or cloud** (Transferir la carpeta de datos BCL al almacenamiento externo y/o a la nube).

Este ajuste está activado de forma predeterminada. Anule la selección de esta opción para desactivar la transferencia automática de datos de BCL.

4. [Opcional] Seleccione la opción **Permanently delete secondary analysis files from the instrument after they are transferred to the external storage or cloud** (Eliminar permanentemente los archivos de análisis secundarios del instrumento después de transferirlos al almacenamiento externo o a la nube).
5. Seleccione **Save** (Guardar).

Análisis

La sección Analysis (Análisis) en el área Settings (Ajustes) del MiSeq i100 Series Control Software incluye las siguientes áreas para los usuarios con los permisos adecuados. Consulte *Permisos de usuario*, en la página 41 para obtener más información.

Aplicaciones

Los administradores pueden instalar o desinstalar las aplicaciones de DRAGEN. Para obtener más información sobre la creación de un experimento planificado, consulte *Planificación de un experimento de secuenciación*, en la página 69.

Instalación de aplicaciones

1. Descargue la aplicación (*.iapp) desde la [página de asistencia de MiSeq i100 Series](#). Guarde el instalador en una unidad de red.
2. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda
3. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Applications** (Aplicaciones).
4. Seleccione **Install application** (Instalar aplicación).
5. Desplácese hasta el archivo de aplicación y, a continuación, seleccione **Open** (Abrir).
Después de cargar el archivo, se muestra información sobre la aplicación.
6. Seleccione **Install** (Instalar).
Después de instalar la aplicación puede revisar la configuración de la aplicación. Consulte *Visualización de los ajustes de la aplicación*, en la página 60.

Visualización de los ajustes de la aplicación

La aplicación DRAGEN proporciona un kit de preparación de genotecas predeterminado, un kit de adaptador de índice, información de lectura e información de índice. Algunas aplicaciones también proporcionan ajustes y configuración para el análisis secundario.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Applications** (Aplicaciones).
3. Seleccione la aplicación que desea ver.

Después de instalar una aplicación, la pantalla Configuration (Configuración) se abre automáticamente.

4. Edite la información en función de las opciones disponibles en la aplicación.
5. Seleccione **Save** (Guardar).

Desinstalación de aplicaciones

Los administradores pueden desinstalar aplicaciones de la siguiente forma.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Applications** (Aplicaciones).
3. Seleccione la aplicación que desea desinstalar.
4. Seleccione **Uninstall** (Desinstalar).
5. Confirme para desinstalar la aplicación.

Plantilla de configuración de análisis

Una plantilla de configuración de análisis (ACT) es una plantilla que contiene la configuración y los ajustes para el análisis secundario con el fin de permitir la planificación del experimento en LIMS Clarity. Las ACT se pueden crear en el instrumento o en Software conectado de Illumina. Para obtener más información, [consulte la página de asistencia del sitio de Software conectado de Illumina](#).

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Analysis configuration template** (Plantilla de configuración de análisis).
3. Seleccione **Add analysis template** (Añadir plantilla de análisis).
4. Configure los ajustes y seleccione **Save** (Guardar).

Archivos de recursos

Puede importar genomas de referencia o archivos de referencia. Puede eliminar genomas de referencia o archivos de referencia existentes para liberar espacio del disco duro.

Importación de genomas de referencia

Puede añadir y eliminar genomas de referencia en la pestaña Genomes (Genomas) de la pantalla de ajustes Resources (Recursos). La pestaña Genomes (Genomas) muestra el nombre del genoma, si se trata de un genoma estándar o personalizado, la especie y la fuente del genoma.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y luego seleccione **Resource files** (Archivos de recursos).
3. En la pestaña Genomes (Genomas), seleccione **Import Genome** (Importar genoma).
4. Desplácese hasta el genoma de referencia (*.tar.gz) y, a continuación, seleccione **Open** (Abrir).
5. Seleccione **Import** (Importar).

Importación de archivos de referencia

Puede añadir y eliminar archivos de referencia y paquetes de referencia en la pestaña Reference Files (Archivos de referencia) de la pantalla de ajustes Resources (Recursos). La pestaña Reference File (Archivos de referencia) muestra el nombre, el tipo y la versión del archivo de referencia.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y luego seleccione **Resource files** (Archivos de recursos).
3. En la pestaña Reference Files (Archivos de referencia), seleccione **Import Reference File** (Importar archivo de referencia).
4. Desplácese hasta el archivo de referencia y, a continuación, seleccione **Select** (Seleccionar).
5. [Opcional] Introduzca una descripción del archivo de referencia.
6. Introduzca la versión.
7. Seleccione un tipo de archivo de la lista desplegable.
Si el tipo de archivo no aparece en la lista, seleccione **Other** (Otro) e introduzca el tipo de archivo en el campo que aparece.
8. Seleccione los genomas de referencia relacionados con el archivo de referencia.
9. Seleccione **Save** (Guardar).

DRAGEN

Los administradores pueden instalar o desinstalar varias versiones de DRAGEN. También puede actualizar la licencia de DRAGEN.

Instalación de versiones de DRAGEN

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **DRAGEN**.
3. En la pestaña Versions (Versiones), seleccione **Install version** (Instalar versión).
4. Desplácese hasta el instalador y, a continuación, seleccione **Open** (Abrir).
5. Seleccione **Install** (Instalar).

Un mensaje indica si la instalación se realizó correctamente o no.

Desinstalación de versiones de DRAGEN

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **DRAGEN**.
3. Para desinstalar una versión anterior de DRAGEN, haga lo siguiente.
 - a. En la pestaña Versions (Versiones), seleccione el icono de puntos suspensivos en la columna Actions (Acciones).
 - b. Seleccione **Uninstall** (Desinstalar).

- c. Seleccione **Yes, uninstall** (Sí, desinstalar).
4. Para desinstalar la última versión de DRAGEN, haga lo siguiente.
 - a. En la pestaña Versions (Versiones), seleccione el ícono de puntos suspensivos en la columna Actions (Acciones).
 - b. Seleccione **Uninstall all** (Desinstalar todo).
 - c. Seleccione **Yes, uninstall all** (Sí, desinstalar todo).

Realización de una prueba automática de DRAGEN

No puede ejecutar una prueba automática si está realizando un análisis.

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **DRAGEN**.
3. En la pestaña Versions (Versiones), seleccione el ícono de puntos suspensivos en la columna Actions (Acciones) para una versión específica de DRAGEN.
4. Seleccione **Run self test** (Ejecutar una prueba automática).
La prueba automática tarda al menos 20 minutos en completarse. Una vez que se completa la prueba automática, un mensaje indica si la versión es apta o no.
5. Si la prueba automática falla, seleccione el ícono de puntos suspensivos en la columna Actions (Acciones) y, a continuación, seleccione **Show self test log** (Mostrar registro de la prueba automática) para revisar la información del registro.

Kits personalizados

Añada kits de preparación de genotecas y adaptadores de índices personalizados o de terceros al MiSeq i100 Series Control Software. Los kits están disponibles dentro de la herramienta de planificación de experimentos en el instrumento durante la configuración del experimento.

- i** Al añadir un kit de preparación de genotecas, debe especificar uno o más kits de adaptadores de índice compatibles. Si necesita añadir un kit adaptador de índice personalizado, añádalo antes de añadir el kit de preparación de genotecas.

Añadir un kit adaptador de índice personalizado

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Custom kits** (Kits personalizados).
3. Seleccione **Download Template** (Descargar plantilla) para descargar el archivo `template.tsv` del kit adaptador de índice.
4. Abra el archivo `template.tsv` utilizando Microsoft Excel, Libre Office u otro software de edición de hojas de cálculo similar.
Para obtener más información, consulte la página de asistencia [Secuencias adaptadoras de Illumina](#).

5. Siga las instrucciones del archivo `template.tsv` para añadir la siguiente información del kit adaptador de índice:
 - a. **[IndexKit]** (Kit de índice): información general del kit de adaptador de índice, incluidos el nombre, la versión, la descripción y la estrategia de índice.
 - b. **[Resources]** (Recursos): le permite proporcionar secuencias de adaptadores para la lectura 1 y la lectura 2. Según los valores de esta sección, el archivo importado establece el tipo de kit de índices como una de las opciones siguientes:
 - Disposición fija placa única.
 - Disposición fija de placa varias placas.
 - c. **[Indices]** (Índices): una lista de índices, incluidos el nombre, la secuencia de índices y si el índice es para el índice 1 o el índice 2.
-  Los nombres de índice solo pueden incluir caracteres alfanuméricos y guiones bajos.
6. Elimine las instrucciones de la plantilla incluidas entre paréntesis angulares (< >) y, a continuación, guarde el archivo TSV.
7. En la interfaz de usuario del MiSeq i100 Series Control Software, seleccione el menú desplegable en la esquina superior izquierda y, a continuación, seleccione **Custom Kits** (Kits personalizados).
8. Seleccione **Import index adapter kit** (Importar kit de adaptador de índices), vaya al kit de adaptador de índices personalizado `*.tsv` y, a continuación, seleccione **Open** (Abrir).
9. Después de importar correctamente el kit de adaptador de índices personalizado, seleccione el nombre de kit para revisar y editar la información.

Adición de un kit de preparación de genotecas personalizado

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Custom kits** (Kits personalizados).
3. Seleccione **Add library prep kit** (Añadir kit de preparación de genotecas) e introduzca la información siguiente:
 - Nombre de kit de preparación de genotecas.
 - **[Opcional]** Descripción.
 - **[Opcional]** Organización. La empresa o institución propietaria del kit de preparación de genotecas personalizado. La organización no puede ser Illumina.
 - Tipos de lectura permitidos.
 - Tipo de lectura predeterminado.
 - Ciclo de lectura predeterminado.
 - En la lista desplegable, seleccione al menos un kit de adaptador de índices compatible.
4. Seleccione **Save** (Guardar).

5. Después de añadir correctamente el kit de preparación de genotecas, seleccione el nombre de kit para revisar y editar la información.

Cebadores personalizados

Los cebadores personalizados no son compatibles con el flujo de trabajo de Index First (Índice primero).

- Prepare y añada el volumen adecuado de cada cebador personalizado, o mezcla de cebadores personalizados, al pocillo de cebador personalizado del cartucho seco.
- Configure las opciones en la pantalla Review Run (Revisar experimento) para utilizar los cebadores personalizados.

Todos los demás pasos siguen el flujo de trabajo de configuración del experimento. Consulte [Planificación de un experimento utilizando cebadores personalizados, en la página 66](#) y, a continuación, vaya a [Protocolo, en la página 68](#) para obtener instrucciones sobre el protocolo de secuenciación.

Cebadores personalizados y PhiX

Cuando se utilizan cebadores personalizados para la lectura 1 o la lectura 2, el software indica al instrumento que tire del pocillo de cebador personalizado correspondiente. Por lo tanto, los cebadores Illumina no se utilizan para el experimento de secuenciación.

Si no se utilizan los cebadores Illumina para la lectura 1 o la lectura 2, el control PhiX de Illumina opcional no se secuencia. Para utilizar el control PhiX con cebadores personalizados, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina para obtener instrucciones.

i Dado que PhiX no está indexado, los datos de secuenciación del control PhiX no se generan para las lecturas de índices, independientemente de qué cebador de indexación se utilice.

Posiciones del cebador en el cartucho seco

Puede utilizar una combinación de cebadores de Illumina y cebadores personalizados en el mismo experimento. Dependiendo de la combinación especificada, el software extrae el cebador del depósito adecuado. Por ejemplo, si se utiliza un cebador personalizado para la lectura 2 pero no para la lectura 1, el software extrae el cebador de la lectura 1 del pocillo de cebador de Illumina y el cebador de la lectura 2 del pocillo de cebador personalizado.

Preparación y adición de cebadores personalizados

Prepare cebadores personalizados con tampón de hibridación (HT1) y, a continuación, añádalos a los pocillos de cebador personalizado (CP) del cartucho seco del instrumento. HT1 no se suministra pero puede adquirirse por separado; consulte [Consumibles y equipos proporcionados por el usuario, en la página 32](#).

Preparación de cebadores personalizados

1. Si están congelados, descongele los cebadores personalizados que vaya a utilizar.
2. Si solo utiliza genotecas personalizadas o de terceros, prepárelas de la siguiente manera.
 - Use HT1 para diluir el cebador de lectura personalizado para obtener un volumen total de 500 μ l con cada cebador de lectura personalizado en una concentración final de 0,3 μ M.
 - Use HT1 para diluir el cebador de índice o la mezcla de cebadores de índice personalizados para obtener un volumen total de 500 μ l con cada cebador de índice personalizado en una concentración final de 0,6 μ M.
3. Si utiliza genotecas personalizadas o de terceros junto con PhiX o genotecas Illumina, prepare sus cebadores de lectura personalizados o cebadores de índice personalizados de la siguiente manera.
 - Añada cada mezcla de cebadores de lectura personalizados a 500 μ l de VP21 o HP21 para obtener una concentración final de 0,3 μ M.
 - Añada cada mezcla de cebadores de índice personalizados a 500 μ l de VP14 o BP14 para obtener una concentración final de 0,6 μ M.

Adición de cebadores personalizados al cartucho seco

Consulte [Cartucho seco, en la página 29](#) para ver las ubicaciones de los pocillos.

1. Con una punta de pipeta limpia, perfore el sellado metálico que cubre el pocillo de CP adecuado en el cartucho seco.
2. Añada 500 μ l de cebador personalizado al pocillo adecuado.
Dispense el líquido lentamente para evitar derrames, burbujas y contaminación cruzada.
 - **CP1:** puerto de reactivo para cargar cebadores de lectura 1 personalizados.
 - **CP2:** puerto de reactivo para cargar cebadores de lectura 2 personalizados.
 - **CP3:** puerto de reactivo para cargar cebadores de índice personalizados.

Planificación de un experimento utilizando cebadores personalizados

1. Seleccione un **Planned run** (Experimento planificado) o inicie un **Manual run** (Experimento manual). Para obtener más información sobre cómo configurar su experimento, consulte [Creación de un experimento planificado local, en la página 70](#).
2. Desactive la casilla de verificación **Sequence Indexes First** (Índices de secuencia primero).
3. Seleccione los cebadores personalizados adecuados.
4. Seleccione **Review** (Revisar) y continúe con la configuración del experimento.

Configuraciones del kit

Las siguientes son las configuraciones del kit disponibles para cebadores personalizados MiSeq i100 Series.

Nombre del kit	Número de catálogo Illumina
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read e Index Primer Kit	20112856
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Index Primer Kit	20112858
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read Primer Kit	20112859

NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read e Index Primer Kit

Cantidad	Sigla	Puerto de reactivos	Nombre de reactivo	Color de tapa
1	VP14	CP3	VP14 index primer mix	Amarillo
1	VP21	CP1 y CP2	VP21 index primer mix	Azul
2	HT1	N/A	Hybridization Buffer 1	Transparente

NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Index Primer Kit

Cantidad	Sigla	Puerto de reactivos	Nombre de reactivo	Color de tapa
10	VP14	CP3	VP14 index primer mix	Amarillo
10	HT1	N/A	Hybridization Buffer 1	Transparente

NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read Primer Kit

Cantidad	Sigla	Puerto de reactivos	Nombre de reactivo	Color de tapa
10	VP21	CP1 y CP2	VP21 index primer mix	Azul
10	HT1	N/A	Hybridization Buffer 1	Transparente

Protocolo

Esta sección proporciona instrucciones paso a paso sobre cómo preparar consumibles, diluir genotecas y configurar un experimento de secuenciación.

Cuando manipule reactivos y otras sustancias químicas, utilice gafas de seguridad, una bata de laboratorio y guantes sin talco.

Asegúrese de contar con el equipo y los consumibles necesarios antes de iniciar un protocolo. Consulte [Consumibles y equipos, en la página 28](#).

Siga los protocolos en el orden mostrado, con los volúmenes, las temperaturas y las duraciones que se indiquen.

Puede iniciar un experimento de secuenciación seleccionando uno de los siguientes tipos de experimento:

- Un experimento planificado. Consulte [Inicio de un experimento planificado, en la página 76](#).
- Un experimento manual que solo genera archivos BCL. Consulte [Inicio de un experimento manual \(Generar archivos BCL\), en la página 78](#).
- Un experimento manual que utiliza una hoja de muestras para el análisis local. Consulte [Inicio de un experimento manual \(Importar hoja de muestras\), en la página 77](#).

Si está analizando datos en la nube, comienza automáticamente un análisis secundario en BaseSpace Sequence Hub o ICA. Si está analizando datos a nivel local, el análisis en el instrumento comienza automáticamente y los archivos de resultados se guardan en la carpeta de resultados seleccionada.

Si el almacenamiento no es suficiente para iniciar un experimento, un mensaje de error le pedirá que libere espacio.

Por ejemplo, estructura de carpetas de salida de datos, consulte [Resultados de secuenciación, en la página 89](#).

Inicio y cierre de sesión

Después de 30 minutos de inactividad o el tiempo de cierre de sesión establecido, la sesión del Software de control se cierra automáticamente. Ajuste el tiempo de cierre de sesión predeterminado en la pantalla Password Policy (Política de contraseñas) de Settings (Ajustes). Consulte la [Política de contraseñas, en la página 46](#) para ver las instrucciones.

Si los ajustes de red del MiSeq i100 Series están configurados para conectarse a BaseSpace Sequence Hub, puede iniciar sesión en su cuenta de BaseSpace Sequence Hub seleccionando **Switch to cloud account** (Cambiar a cuenta en la nube).

Después de cerrar la sesión, al seleccionar **Start** (Iniciar) o **Eject consumables** (Expulsar consumibles) se le pedirá que inicie sesión. También puede iniciar sesión con el ícono de menú.

Inicio de sesión

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Sign In** (Iniciar sesión).
3. Dependiendo de la configuración de su instrumento, sus credenciales de inicio de sesión pueden variar.
 - Si no está conectado a la nube, inicie sesión con el nombre de usuario y la contraseña de su cuenta local.
 - Si inicia sesión como nuevo usuario por primera vez, se le pedirá que cambie la contraseña.
 - Si está conectado a la nube, inicie sesión con su nombre de usuario y contraseña de BaseSpace Sequence Hub y, a continuación, seleccione su grupo de trabajo. Solo puede seleccionar experimentos planificados creados por los usuarios en el grupo de trabajo seleccionado. También puede seleccionar **Sign in to local instrument** (Iniciar sesión en el instrumento local) e iniciar sesión con su cuenta local.

Cierre de sesión

1. Para cerrar sesión manualmente, seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Sign out** (Cerrar sesión).
Después de cerrar sesión, el Software de control cierra el menú y vuelve a la pantalla Start (Iniciar).

Planificación de un experimento de secuenciación

Use una de las opciones siguientes para planificar un experimento de secuenciación para el instrumento. Tras la configuración de un experimento, el experimento planificado se muestra en la pestaña **Planned** (Planificados) de la pantalla **Runs** (Experimentos). La serie planificada está disponible para su selección al iniciar un experimento de secuenciación.

- Para planificar su experimento en la nube (con BaseSpace Sequence Hub), utilice la herramienta **Run Planning** (Planificación del experimento) en BaseSpace Sequence Hub para configurar un experimento de secuenciación.
 - Antes de la planificación de un experimento, configure sus ajustes de la nube. Consulte [Ajustes de la nube](#), en la página 54 para obtener más información.
 - Los experimentos planificados en la nube se pueden configurar para completar el análisis secundario en el instrumento. Esta función requiere que todos los archivos de recursos necesarios para el análisis estén instalados en el instrumento.
 - Para obtener más información sobre BaseSpace Sequence Hub, consulte la página del [sitio de asistencia de BaseSpace Sequence Hub](#).
- Para planificar su experimento a nivel local (en el instrumento), utilice el MiSeq i100 Series Control Software o Illumina Run Manager en un ordenador conectado a la red.

- Después de la secuenciación, el análisis integrado en el instrumento comenzará automáticamente. Los datos de CBCL y los archivos de resultados del análisis secundario de DRAGEN se conservan en la carpeta de resultados seleccionada. Para obtener más información, consulte *Creación de un experimento planificado local*, en la página 70.
- Para configurar un experimento de secuenciación sin un paso de planificación de experimento para procesos de análisis personalizados, consulte *Inicio de un experimento manual (Generar archivos BCL)*, en la página 78.

Creación de un experimento planificado local

Para crear un nuevo experimento de secuenciación localmente, utilice la interfaz de planificación de MiSeq i100 Series Control Software o Illumina Run Manager.

Planificar un experimento con MiSeq i100 Series Control Software

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Runs** (Experimentos).
3. En la ficha **Planned** (Planificado), seleccione **Create run** (Crear experimento).
4. Introduzca un nombre de experimento para identificarlo.
El nombre del experimento puede contener un máximo de 255 caracteres alfanuméricos, espacios, puntos, guiones y guiones bajos.
5. [Opcional] Escriba una descripción para identificar el experimento.
La descripción del experimento no puede contener asteriscos (*), corchetes ([]), ni comas (,).
6. Seleccionar un análisis secundario
 - **Local**
 - **None (Ninguno)**
7. Introduzca el número de ciclos realizados en cada lectura:
El número total de ciclos de lectura y de índice no puede superar el número de ciclos especificado por el kit de reactivos. El límite del ciclo de índice se aplica a los ciclos utilizados como índice, no a los ciclos UMI o a las lecturas recortadas.
 - **Read 1** (Lectura 1): introduzca el número de ciclos para la lectura 1.
 - **Index 1** (Índice 1): introduzca el número de ciclos para la lectura de índice 1. En el caso de un experimento solo PhiX, introduzca 0 en ambos campos de índice.
 - **Index 2** (Índice 2): introduzca el número de ciclos para la lectura de índice 2.
 - **Read 2** (Lectura 2): introduzca el número de ciclos para la lectura 2. Este valor suele ser el mismo que el valor de la lectura 1.

i El número de ciclos viene determinado por la configuración del kit de secuenciación seleccionado. Para obtener más información sobre las configuraciones disponibles del kit de secuenciación, consulte [Consumibles de secuenciación](#), en la página 28.

8. Seleccione **Next** (Siguiente).
 9. Seleccione su aplicación de análisis.
 10. [Opcional] Introduzca una descripción para la configuración.
 11. Seleccione sus kits de adaptadores de índices y de preparación de genotecas.
 12. Seleccione **Next** (Siguiente) para configurar el análisis secundario y añadir la información de la muestra.
- Para obtener más información, consulte [Configuración de un análisis secundario DRAGEN](#), en la página 72.

Planifique un experimento con la hoja de muestras V2

Puede crear una plantilla de hoja de muestras utilizando la aplicación local en el instrumento o en la nube utilizando BaseSpace Sequence Hub. La hoja de muestras debe tener el formato correcto antes de importarse.

- Para crear una plantilla de hoja de muestras utilizando una de las aplicaciones DRAGEN locales en el instrumento, consulte los pasos de la sección [Configuración de un análisis secundario DRAGEN](#), en la página 72 y seleccione **Export sample sheet** (Exportar hoja de muestras) en el paso final.
- Para exportar una hoja de muestra de una ejecución planificada en BaseSpace Sequence Hub usando una plantilla, navegue hasta la ejecución planificada en BaseSpace Sequence Hub y seleccione **Export sample sheet** (Exportar hoja de muestra).

i El número de serie del cartucho seco se puede utilizar para el campo de ID del tubo de genoteca o el campo puede dejarse en blanco.

Siga estos pasos para importar la hoja de muestras.

1. Seleccione el icono de menú en la esquina superior izquierda.
 2. Seleccione **Runs** (Experimentos).
 3. En la pestaña **Planned run** (Experimento planificado), seleccione **Import sample sheet** (Importar hoja de muestras) y, a continuación, abra el archivo v2 de hoja de muestras.
 4. Una vez validada la hoja de muestras, seleccione **Next** (Siguiente) para revisar los detalles del experimento importado.
- Durante la revisión, los detalles del experimento importado se pueden editar.
5. [Opcional] Realice cualquiera de las acciones siguientes:
 - Para editar los ajustes del experimento o los ajustes de la configuración, seleccione **Edit** (Editar) junto al experimento o la configuración.

- Para eliminar una configuración, seleccione **Delete** (Eliminar) junto a la configuración y, a continuación, seleccione **Yes, delete** (Sí, eliminar).
6. Para guardar el experimento, seleccione una de las opciones siguientes:
- Para editar los detalles del experimento más tarde, seleccione **Save as draft** (Guardar como borrador).
 - Para finalizar los detalles del experimento y planificar la secuenciación, seleccione **Save as planned** (Guardar según lo planificado).

Configuración de un análisis secundario DRAGEN

El MiSeq i100 Series le permite configurar el análisis secundario utilizando las aplicaciones DRAGEN que están instaladas en el instrumento. Antes de configurar el análisis secundario, asegúrese de tener instalada la aplicación adecuada. Para obtener más información sobre la instalación de aplicaciones en el MiSeq i100 Series, consulte [Aplicaciones, en la página 60](#).

Configure la aplicación de análisis de la siguiente manera.

1. [Opcional] Introduzca una descripción para la configuración.
2. Seleccione su kit de adaptadores de índice y su kit de preparación de genotecas. Cuando se selecciona un kit de preparación de genotecas de Illumina, las secuencias adaptadoras para la lectura 1 y la lectura 2 se rellenan automáticamente y no se pueden modificar. Los ciclos de anulación también se rellenan de forma automática.
3. Configure las opciones y los ajustes en función de la aplicación seleccionada.

Todas las aplicaciones

- Adapter Read 1 (Lectura del adaptador 1)
- Adapter Read 2 (Lectura del adaptador 2)
- Override Cycles (Ciclos de anulación)
- FASTQ file compression format (Formato de compresión de archivos FASTQ)
- Keep FASTQ files (Conservar archivos FASTQ)

DRAGEN 16S Plus

- Reference Database (Base de datos de referencia)
- Read QC (Leer CC)
- Read count threshold (Leer umbral de recuento)
- Primer Trimming (Recorte del cebador)

Si se selecciona **Length** (Longitud), estarán disponibles las siguientes opciones.

- Forward Primer Length (Longitud del cebador delantero)

- Reverse Primer Length (Longitud del cebador inverso)

DRAGEN Amplicon

- Genoma de referencia
- ADN o ARN
- Regiones objetivo
- Tipo de variante
- Genotipo de interés del ADN
- Panel de CNV de normales
- Longitud del cebador de ADN
- Distancia de variante de fase de ADN
- Habilitar llamadas de variantes estructurales de ADN
- Archivo de anotación de genes de ARN
- Habilitar análisis de variantes de corte y empalme de ARN
- Variante de corte y empalme de ARN conocida
- Habilitar expresión diferencial
- Formato de resultados de Map/Align (Mapeado/alignación)

DRAGEN Enrichment

- Genoma de referencia
- Tipo de variante
- Llamadores de variantes
- Regiones objetivo
- Archivo de referencia somática
- Panel de CNV de normales
- Población de CNV SNP VCF
- Archivo de marcado de línea germinal
- Formato de resultados de Map/Align (Mapeado/alignación)

DRAGEN Control de calidad de genotecas

- Genoma de referencia
- Library input volume (Volumen de entrada de genoteca)

- Modo LibraryQC pipeline (Proceso de LibraryQC)
- Formato de resultados de Map/Align (Mapeado/alignación)

DRAGEN Microbial Amplicon

- Juego de cebadores de amplicones

Si se selecciona **Custom** (Personalizado), estarán disponibles las siguientes opciones.

- Custom Reference FASTA for Consensus Generation (Referencia personalizada FASTA para generación de consenso)
- Custom Reference BED (BED de referencia personalizada) (opcional)
- Custom PCR Primer Definitions (Definiciones de PCR primer personalizadas) (opcional)

DRAGEN Microbial Enrichment Plus

- Analysis ID (ID del análisis)
- Run ID (ID del experimento)
- Enrichment Panel (Panel de enriquecimiento)
- Enrichment Panel Microorganism Reporting List (Lista de informes de microorganismos del panel de enriquecimiento)
- Read QC (Leer CC)
- Report bacterial AMR markers only when an associated microorganism is reported (Informe de marcadores AMR bacterianos solo cuando se notifica un microorganismo asociado)
- AMR Only (Solo AMR)
- Report microorganisms and/or AMR markers that are below threshold (Informe de microorganismos o marcadores AMR que estén por debajo del umbral)
- Read classification sensitivity (Sensibilidad de clasificación de la lectura)
- Nextclade
- Quantitative Internal Control (IC) (Control interno (IC) cuantitativo)
- Internal Control Concentration (Concentración del control interno)
- Sample ID (ID de la muestra)
- Control Type (Tipo de control)

DRAGEN RNA

- Genoma de referencia
- Habilitar muestreo descendente

- Número de fragmentos a muestra descendente
- Modo de proceso
- Archivo de anotación de genes de ARN
- Regiones objetivo
- Formato de resultados de Map/Align (Mapeado/alineación)

DRAGEN Small WGS

- Genoma de referencia
- Sample ID (ID de la muestra)
- Variant callers (Llamadores de variantes)
- Ploidy (Ploidía)
- Formato de resultados de Map/Align (Mapeado/alineación)

4. Utilice una de las opciones siguientes para introducir la información para las muestras utilizadas en el análisis secundario.
 - Introduzca la información de la muestra en un archivo *.csv seleccionando **Download Template** (Descargar plantilla). Para importar la plantilla de muestras editada, seleccione **Import Samples** (Importar muestras) y, a continuación, seleccione el archivo CSV.
 - Pegue los ID de las muestras y las posiciones de pocillos de la placa de índices, o los índices i7 e i5 directamente desde un archivo externo. Antes de pegarlos, introduzca el número de filas de muestra en el campo **Rows** (Filas) y, a continuación, seleccione **+**. Los ID de muestra pueden contener un máximo de 100 caracteres alfanuméricos, guiones y guiones bajos.
5. Seleccione **Next** (Siguiente) y, a continuación, revise los detalles del experimento.
6. [Opcional] Realice cualquiera de las acciones siguientes:
 - Para añadir otra configuración, seleccione **Add another configuration** (Añadir otra configuración). Puede tener un máximo de 12 configuraciones.
 - Para editar los ajustes del experimento o los ajustes de la configuración, seleccione **Edit** (Editar) junto al experimento o la configuración.
 - Para eliminar una configuración, seleccione **Delete** (Eliminar) junto a la configuración y, a continuación, seleccione **Yes, delete** (Sí, eliminar).
7. Para guardar el experimento, seleccione una de las opciones siguientes:
 - Para editar los detalles del experimento más tarde, seleccione **Save as draft** (Guardar como borrador).



Las placas de índices con una disposición fija requieren entradas para la posición de los pocillos. Las placas que no tienen una disposición fija requieren entradas para los índices i7 e i5. Los índices i5 deben introducirse en dirección de avance.

- Seleccione **Save as planned** (Guardar según lo planificado) para finalizar los detalles del experimento y planificar la secuenciación.
- Para exportar una hoja de muestras de un experimento planificado en el instrumento, seleccione el experimento planificado que desee abrir y, a continuación, en Revisión del experimento, seleccione **Export sample sheet** (Exportar hoja de muestras).

Inicio de un experimento de secuenciación

Esta sección proporciona directrices para iniciar un experimento de secuenciación.

Inicio de un experimento planificado

Siga las instrucciones siguientes para iniciar la secuenciación desde un experimento planificado. Si está utilizando BaseSpace Sequence Hub o ICA, asegúrese de haber configurado los ajustes de la nube.

Consulte [Ajustes de la nube, en la página 54](#) para obtener más información. Cuando el instrumento tiene configurado el acceso a la nube, los experimentos planificados localmente y en la nube se muestran en la lista de experimentos.

1. Seleccione **Start** (Iniciar).
2. Si no ha iniciado sesión, siga las instrucciones proporcionadas en [Inicio y cierre de sesión, en la página 68](#).
3. Seleccione **Select planned run** (Seleccionar experimento planificado).
4. Seleccione un experimento de la lista de experimentos planificados.
Detalles como la longitud de lectura y el tipo de análisis se muestran para el experimento seleccionado.
5. Seleccione **Review** (Revisar) y, a continuación, revise la información del experimento. Configure los siguientes ajustes de experimento opcionales según sea necesario:
 - Si se requiere la secuenciación de Leer primero, desmarque la casilla de verificación **Sequence Indexes First** (Índices de secuencia primero).
 - Si utiliza cebadores personalizados, seleccione las casillas de verificación de cebadores personalizados correspondientes. Consulte [Cebadores personalizados, en la página 65](#) para obtener más información.
 - Si el instrumento está conectado a la nube y ha iniciado sesión con su cuenta de BaseSpace Sequence Hub, seleccione una configuración de experimento en la nube.
 - Para utilizar una carpeta de resultados diferente de la predeterminada, modifique la carpeta de resultados. La carpeta de resultados predeterminada se configura en los ajustes del sistema. Consulte [Definir carpeta de resultados predeterminada, en la página 59](#).

- Si es necesario, modifique la casilla de verificación **Transfer BCL data folder to the external storage and/or cloud** (Transferir la carpeta de datos BCL al almacenamiento externo y/o a la nube). El valor predeterminado es transferir archivos, a menos que se configure de forma diferente en los ajustes del sistema.
 - Seleccione un archivo de fórmula personalizada.
6. Después de revisar la información del experimento, consulte *Preparación del cartucho seco*, en la página 79.

Inicio de un experimento manual (Importar hoja de muestras)

Utilice las siguientes instrucciones para importar una hoja de muestras y crear un experimento en el instrumento que incluya un análisis secundario en el instrumento. Se requiere una hoja de muestras.

Formato de hoja de muestras

Antes de importar la hoja de muestras, esta debe presentar el formato correcto. Cree la plantilla de hoja de muestras utilizando la aplicación local en el instrumento o en la nube mediante BaseSpace Sequence Hub.

- Para crear una plantilla de hoja de muestras utilizando una de las aplicaciones DRAGEN locales en el instrumento, consulte los pasos de la sección *Configuración de un análisis secundario DRAGEN*, en la página 72 y seleccione **Export sample sheet** (Exportar hoja de muestras) en el paso final.
- Para exportar una hoja de muestras para un experimento planificado desde BaseSpace Sequence Hub, seleccione **Export** (Exportar).

Importación de hoja de muestras

1. Seleccione **Start** (Iniciar).
2. Si no ha iniciado sesión, siga las instrucciones proporcionadas en *Inicio y cierre de sesión*, en la página 68.
3. Seleccione **Import sample sheet** (Importar hoja de muestras).
4. Seleccione **Select file** (Seleccionar archivo) y abra el archivo v2 de hoja de muestras. Consulte *Formato de hoja de muestras*, en la página 77 para obtener información sobre el formato y los requisitos de las hojas de muestras.
5. Seleccione **Review** (Revisar) y, a continuación, revise su experimento. Configure los siguientes ajustes de experimento opcionales según sea necesario:
 - Si utiliza cebadores personalizados, seleccione las casillas de verificación de cebadores personalizados correspondientes. Consulte *Cebadores personalizados*, en la página 65 para obtener más información.
 - Si se requiere la secuenciación de Leer primero, desmarque la casilla de verificación **Sequence Indexes First** (Índices de secuencia primero).

- Si el instrumento está conectado a la nube y ha iniciado sesión con su cuenta de BaseSpace Sequence Hub, seleccione una configuración de experimento en la nube.
 - Para utilizar una carpeta de resultados diferente de la predeterminada, modifique la carpeta de resultados. La carpeta de resultados predeterminada se configura en los ajustes del sistema.
 - Modifique la casilla de verificación **Transfer BCL data folder to the external storage and/or cloud** (Transferir la carpeta de datos BCL al almacenamiento externo y/o a la nube). El valor predeterminado es transferir archivos, a menos que se configure de forma diferente en los ajustes del sistema.
 - Seleccione un archivo de fórmula personalizada.
6. Cuando haya terminado, consulte [Preparación del cartucho seco](#), en la página 79.

Inicio de un experimento manual (Generar archivos BCL)

Utilice las siguientes instrucciones para iniciar un experimento de secuenciación que solo genere archivos BCL. La hoja de muestras es opcional.

1. Seleccione **Start** (Iniciar).
2. Si no ha iniciado sesión, siga las instrucciones proporcionadas en [Inicio y cierre de sesión](#), en la página 68.
3. Seleccione **Generate BCL files** (Generar archivos BCL).
4. Introduzca un nombre de secuenciación.
El nombre del experimento solo puede contener caracteres alfanuméricos, espacios, guiones y guiones bajos.
5. Seleccione **Single** (Individual) o **Paired end** (Extremos emparejados) como tipo de lectura.
6. Introduzca el número de ciclos realizados en cada lectura:
El número total de ciclos de lectura y de índice no puede superar el número de ciclos especificado por el kit de reactivos.
 - **Read 1** (Lectura 1): introduzca el número de ciclos para la lectura 1.
 - **Index 1** (Índice 1): introduzca la longitud de la lectura para el índice 1. En el caso de un experimento solo PhiX, introduzca 0 en ambos campos de índice.
 - **Index 2** (Índice 2): introduzca la longitud del índice leído para el índice 2.
 - **Read 2** (Lectura 2): introduzca el número de ciclos para la lectura 2. Este valor suele ser el mismo que el valor de la lectura 1.
7. [Opcional] Seleccione su hoja de muestras.
8. Seleccione **Review** (Revisar) y, a continuación, revise su experimento. Configure los siguientes ajustes de experimento opcionales según sea necesario:
 - Si se requiere la secuenciación de Leer primero, desmarque la casilla de verificación **Sequence Indexes First** (Indices de secuencia primero).

- Si utiliza cebadores personalizados, seleccione las casillas de verificación de cebadores personalizados correspondientes.
 - Si el instrumento está conectado a la nube y ha iniciado sesión con su cuenta de BaseSpace Sequence Hub, seleccione una configuración de experimento en la nube.
 - Para utilizar una carpeta de resultados diferente de la predeterminada, modifique la carpeta de resultados. Puede cambiar la carpeta de resultados predeterminada en los ajustes del sistema.
 - Seleccione un archivo de fórmula personalizada.
9. Cuando haya terminado, consulte [Preparación del cartucho seco, en la página 79](#).

Preparación del cartucho seco

Los consumibles de MiSeq i100 Series se envían y almacenan a temperatura ambiente. No se requiere descongelación. Antes de cargar las genotecas en el cartucho seco, diluya las genotecas y, opcionalmente, añada PhiX. Las genotecas se desnaturalizan de manera automática en el instrumento. Realice siempre un análisis de control de calidad y optimice la concentración de carga en función de la genoteca.

Dilución de genotecas

1. Utilice tijeras para abrir el envase metálico del cartucho húmedo para obtener los tubos Resuspension Buffer (RSB) y de buffer de desnaturalización de genotecas (KLD). Deje los tubos a un lado.

i Mantenga el cartucho húmedo en el envase metálico hasta que esté listo para cargarlo. El cartucho húmedo debe utilizarse en las 4 horas siguientes a la apertura del envase metálico.
2. Diluya las genotecas a una concentración de carga 10x hasta un volumen total de 30 μ l utilizando un RSB.

Ejemplo: Para una concentración de carga final de 100 pM, diluya a 1 nM.
3. Agite bien en el nivel más alto durante 3 segundos y, luego, centrifugue brevemente.
4. [Opcional] Añada PhiX como se indica a continuación.
 - a. Para una adición de PhiX prevista $\geq 10\%$, diluya PhiX a una concentración de carga de genoteca 10x y RSB combínelo con una solución de genoteca 10x hasta un volumen total de 30 μ l. Utilice volúmenes adecuados de PhiX y genoteca para producir el porcentaje de adición de PhiX deseado.

Ejemplo: Añada 3 μ l de solución 10x PhiX a 27 μ l de genotecas de concentración 10x para obtener 30 μ l de mezcla de genoteca 10x con un 10 % de PhiX de adición.
 - b. Para la adición de < prevista 10 %, diluya PhiX a una concentración de carga de genoteca 6x con RSB y combine con una solución de genoteca 10x al porcentaje de adición deseado.

Ejemplo: Para una concentración de carga final de 100 pM, diluya PhiX a 0,6 nM con RSB y añada 1 μ l de mezcla PhiX a 29 μ l de mezcla de genoteca de concentración de carga 10x.

Los volúmenes producen una adición de PhiX de aproximadamente el 2 %. El porcentaje varía en función de la calidad y la cantidad de las genotecas.

5. En un nuevo tubo de microcentrífuga de 1,5 ml, combine los siguientes volúmenes para diluir las genotecas a la concentración de carga final:
 - Concentración de carga de genotecas de 10x (30 µl)
 - KLD (270 µl)
6. Agite bien en el nivel más alto durante 3 segundos y, luego, centrifugue brevemente.
7. Guarde la mezcla en hielo hasta que esté lista para su uso.
La solución de genoteca diluida es estable durante hasta 6 horas cuando se almacena en hielo o a 4 °C.

Carga de genotecas

1. Póngase un par de guantes limpios sin polvo nuevos para evitar contaminar.
2. Use tijeras para abrir el envase metálico del cartucho seco.
Use el cartucho seco en las 4 horas siguientes a la apertura del embalaje metálico.
3. Extraiga el cartucho seco del envase.
Sujete el cartucho seco por los lados para evitar tocar la celda de flujo.
4. Deseche el envase metálico de conformidad con las normativas aplicables.
5. Con una punta de pipeta limpia, perfore el sello de aluminio que cubre el pocillo de reactivo etiquetado como **Genoteca**.
6. Pipetee 250 µl de solución de genoteca diluida en el pocillo **Genoteca** en el cartucho seco.
7. [Opcional] Pipetee el cebador personalizado en el puerto adecuado del cartucho seco. Consulte [Cebadores personalizados, en la página 65](#).

Carga de los consumibles

Siga estos pasos para cargar los cartuchos secos y húmedos.

1. En la pantalla de revisión de experimento, seleccione **Load consumables** (Cargar consumibles).
 - Se abrirá la puerta de reactivo. Espere hasta que la bandeja del cartucho seco esté completamente extendida antes de continuar.
2. Si hay un cartucho seco usado en la bandeja, deséchelo de acuerdo con los estándares aplicables para su región. Consulte [Desechar los consumibles usados, en la página 83](#).
3. Coloque el nuevo cartucho seco en la bandeja seca del cartucho. Empuje suavemente el cartucho seco hasta que toque la parte posterior de la bandeja para que quede firmemente sujetado.
4. Seleccione **Next** (Siguiente).
 - El MiSeq i100 lee la RFID y muestra el modo de cartucho seco después de 1 minuto.

- El cubo del cartucho húmedo se extiende después de que el cartucho seco se haya cargado correctamente.
5. Si hay un cartucho húmedo usado en la bandeja, deséchelo de acuerdo con los estándares aplicables para su región. Consulte [Desechar los consumibles usados, en la página 83](#).
 6. Retire el cartucho húmedo del envase metálico. Deseche el envase metálico de manera adecuada.
 7. Retire la tapa de plástico y cargue el cartucho húmedo.
 8. Seleccione **Close** (Cerrar).
 - El MiSeq i100 lee la RFID y muestra el modo de cartucho húmedo después de 1 minuto.
 - La puerta del reactivo se cierra automáticamente.
 9. Seleccione **Verify run** (Verificar experimento).
 10. Si el sistema indica que el reactivo usado debe vaciarse, consulte [Vaciado de la botella de residuos, en la página 87](#).
 11. Verifique el experimento y los consumibles y, a continuación, seleccione **Start run** (Iniciar experimento).

Comprobaciones previas al experimento

Las comprobaciones previas al experimento incluyen comprobaciones del sistema de software, comprobaciones del instrumento y comprobaciones de la fluídica.

1. Espere aproximadamente 15 minutos a que finalicen las comprobaciones previas al experimento. Una vez terminadas las comprobaciones previas al experimento, este se inicia automáticamente.
2. Para detener las comprobaciones previas al experimento, seleccione **Cancel checks** (Cancelar las comprobaciones) y, a continuación, **Yes, cancel checks** (Sí, cancelar las comprobaciones) para confirmar.
3. Si se produce un error, seleccione **Retry** (Reintentar) para repetir la comprobación.
4. Si el error está relacionado con un espacio de almacenamiento insuficiente, seleccione **Clear storage space** (Borrar espacio de almacenamiento) para navegar a la pestaña **Completed** (Terminados) en la pantalla **Runs** (Experimentos).
5. Si se produce un error sin una opción de reintento, seleccione **Cancel run** (Cancelar experimento) o **Back** (Atrás) para volver a la pantalla **Start** (Inicio).

Supervisión del progreso del experimento

Puede supervisar el progreso del experimento o cancelar un experimento en la pantalla **Sequencing** (Secuenciación). Puede supervisar el progreso del experimento en el instrumento o usando el **Illumina Run Manager**. Si tiene activada la supervisión de experimentos en la nube, puede ver el progreso del experimento en **BaseSpace Sequence Hub**. Para ver detalles adicionales del experimento y el estado del experimento, consulte [Gestión de experimentos, en la página 17](#).

Para ver métricas y visualizaciones adicionales, use el Sequencing Analysis Viewer (SAV). Para obtener más información, consulte la [página del sitio de asistencia de Sequencing Analysis Viewer](#).

1. Supervise el estado del experimento en la pantalla Sequencing (Secuenciación) o en la pestaña Active (Activos) de la pantalla Runs (Experimentos).

La pantalla Sequencing (Secuenciación) contiene el tiempo de finalización del experimento estimado, que requiere 10 experimentos anteriores para calcular de forma precisa el tiempo de finalización del experimento.

La pestaña Active (Activo) de la pantalla Runs (Experimentos) incluye la hora en que se inició el proceso e información adicional sobre el estado del experimento. El estado indica cuáles de las siguientes actividades están en curso:

- Secuenciación
- Transferencia de datos de secuenciación al almacenamiento externo
- Transferencia de archivos externos
- Análisis secundario
- Transferencia de archivos de análisis secundario al almacenamiento externo

2. Supervise las métricas siguientes en la pantalla Sequencing (Secuenciación) o Runs (Experimentos).

Las mediciones del experimento no están disponibles hasta el ciclo 26 de la Lectura 1.

- **% \geq Q30**: el porcentaje promedio de llamadas de bases con una puntuación Q \geq 30.
 - **Projected Yield** (Rendimiento proyectado): el número esperado de llamadas de bases para el experimento.
 - **Total reads PF** (Total de lecturas PF): el número de lecturas de extremos emparejados (si corresponde) (en millones) que superan el filtro.
 - **Total % demux** (% de demultiplexado total): el porcentaje de lecturas PF demultiplexadas para el experimento. Este parámetro solo está disponible para secuenciaciones planificadas o secuenciaciones con hojas de muestras importadas.
3. Para revisar cualquier detalle adicional del experimento, seleccione el nombre del experimento en la pantalla Sequencing (Secuenciación) o en la pestaña Active (Activos) de la pantalla Runs (Experimentos).
 4. Una vez finalizado el experimento puede ver resultados de experimentos adicionales seleccionando el nombre del experimento en la pantalla Sequencing (Secuenciación) o la pestaña Completed (Terminados) de la pantalla Runs (Experimentos).

Para expulsar los consumibles después de completar un experimento, consulte [Expulsión de consumibles usados, en la página 83](#).

Expulsión de consumibles usados

Para obtener información sobre cómo reciclar los consumibles usados, consulte [Desechar los consumibles usados, en la página 83](#).

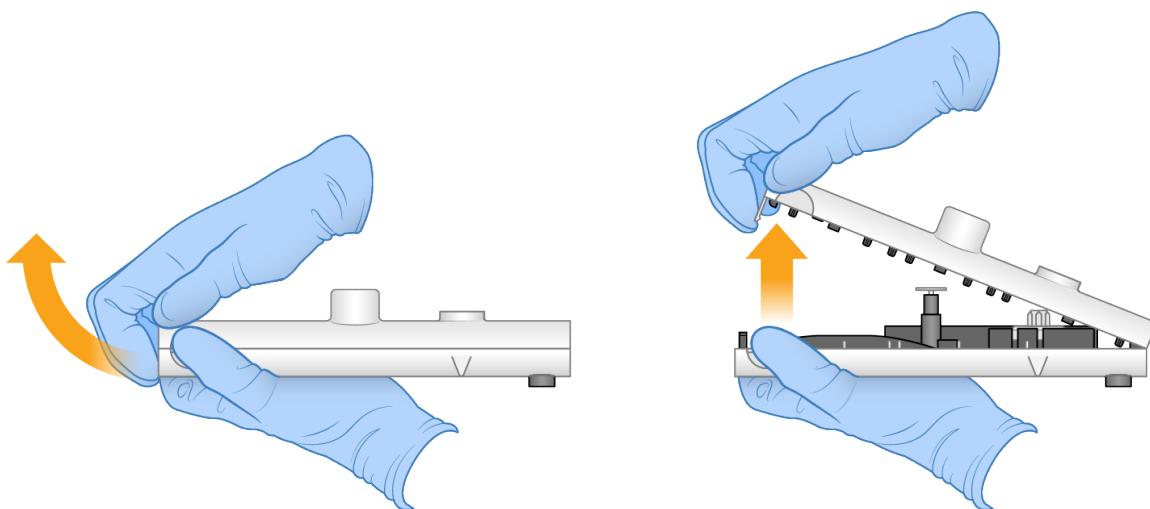
1. Desde la pantalla de Start (Inicio) o Sequencing complete (Secuenciación finalizada), seleccione **Eject consumables** (Expulsar consumibles).
Se abrirá la puerta de reactivo. Espere hasta que la bandeja del cartucho seco esté completamente extendida antes de continuar.
2. Retire y deseche el cartucho seco de acuerdo con las normativas aplicables de su región.
3. Seleccione **Next** (Siguiente).
4. Retire y deseche el cartucho húmedo de acuerdo con las normativas aplicables de su región.
5. Seleccione **Close** (Cerrar).
6. Seleccione **X** en la esquina superior derecha para volver a la pantalla de Star (Inicio) o Sequencing complete (Secuenciación finalizada).

Desechar los consumibles usados

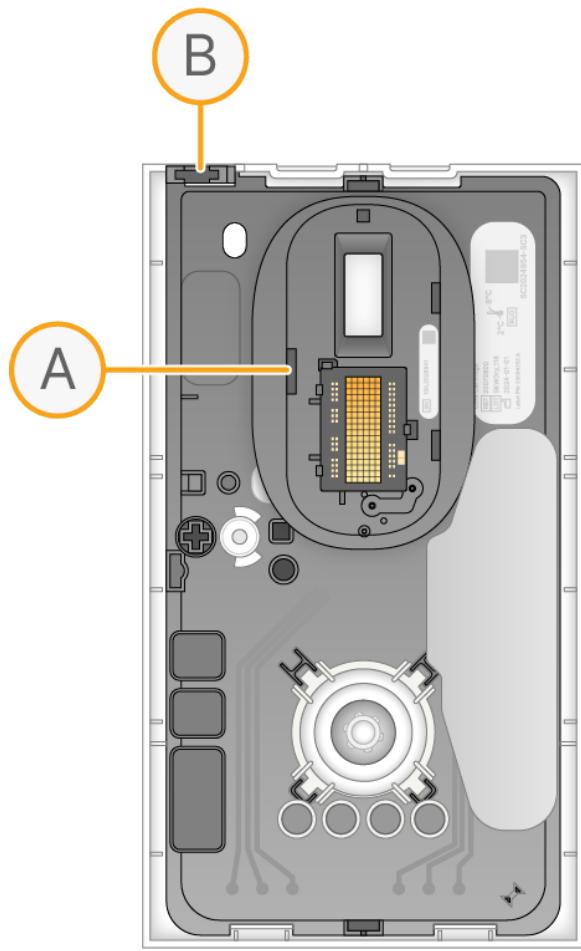
⚠ | Este conjunto de reactivos contiene sustancias químicas que pueden ser peligrosas. Evite su inhalación, su ingestión y el contacto con la piel o los ojos, puesto que pueden provocar lesiones. La ventilación debe ser adecuada para la manipulación de materiales peligrosos en los reactivos. Utilice un equipo de protección, incluidos gafas, guantes y batas de laboratorio adecuados para el riesgo de exposición. Manipule los reactivos usados 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 SDS en support.illumina.com/sds.html.

Reciclaje del cartucho seco

1. Retire el cartucho seco del instrumento. Consulte [Expulsión de consumibles usados, en la página 83](#).
2. Abra el cartucho.
 - a. Coloque una mano debajo del cartucho, y ponga los dedos en los huecos para hacer palanca.
 - b. Coloque la otra mano sobre el cartucho y tire de la pestaña delantera hacia afuera y hacia arriba para soltar los cierres a presión. Un clic audible indica que la cubierta está desconectada.



3. Retire el cartucho interior negro de la carcasa inferior blanca.
4. Recicle la carcasa blanca del cartucho seco de acuerdo con las normativas aplicables en su región.
5. Retire el componente de la célula de flujo (A) y la RFID (B) del cartucho interior y, a continuación, deséchelo de acuerdo con las normas aplicables en su región.

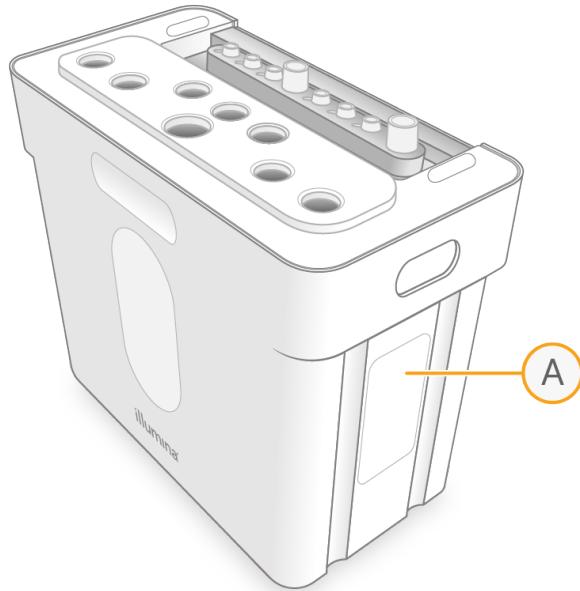


6. Deseche el cartucho interior negro.

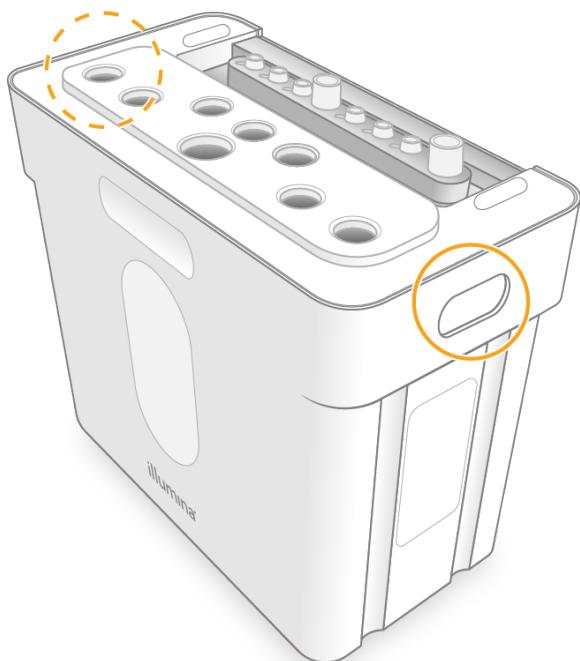
Reciclaje del cartucho húmedo

! Mantenga el cartucho húmedo en posición vertical para evitar posibles fugas de reactivos residuales en el cartucho. Para obtener más información sobre la manipulación de reactivos, consulte *Vaciado de la botella de residuos*, en la página 87.

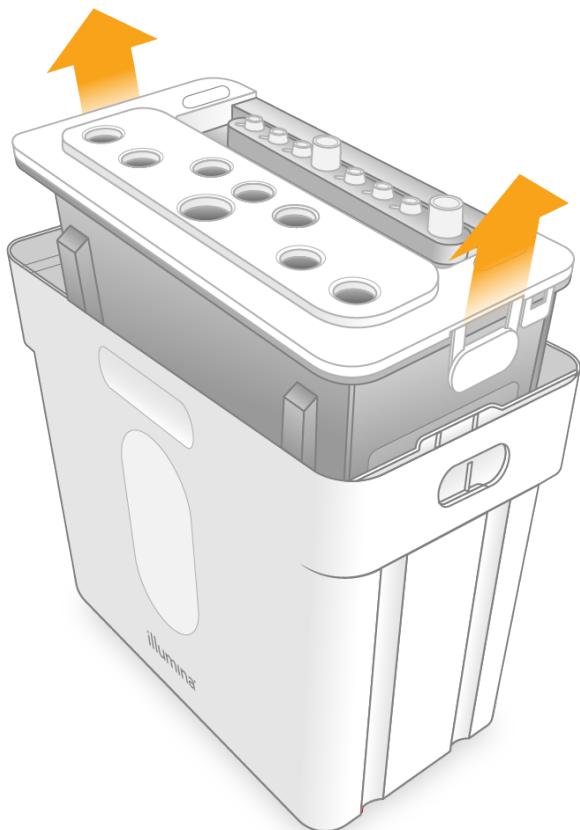
1. Retire el cartucho húmedo del instrumento. Consulte *Expulsión de consumibles usados*, en la página 83.
2. Retire la etiqueta RFID y la RFID situada debajo de la etiqueta (A) de la carcasa del cartucho húmedo. Deséchelos de conformidad con las normativas pertinentes de su región.



3. Para separar el interior del cartucho húmedo de la carcasa, presione las pestañas de ambos lados de la cubierta.



4. Deslice suavemente hacia fuera el interior.



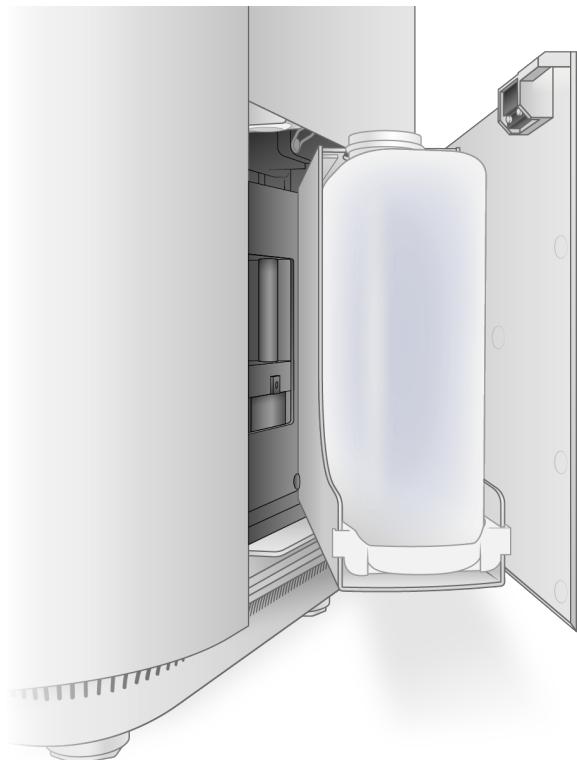
5. Retire la cubierta blanca de la parte superior del cartucho interior negro.
6. Recicle la carcasa blanca del cartucho húmedo de acuerdo con las normativas aplicables en su región.
7. Deseche el cartucho interior negro.

Vaciado de la botella de residuos

⚠ Este conjunto de reactivos contiene sustancias químicas que pueden ser peligrosas. Evite su inhalación, su ingestión y el contacto con la piel o los ojos, puesto que pueden provocar lesiones. La ventilación debe ser adecuada para la manipulación de materiales peligrosos en los reactivos. Utilice un equipo de protección, incluidos gafas, guantes y batas de laboratorio adecuados para el riesgo de exposición. Manipule los reactivos usados 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 SDS en support.illumina.com/sds.html.

El MiSeq i100 Series Control Software verifica el nivel de desechos durante la configuración de la ejecución y le solicita que abra la puerta del compartimiento de desechos cuando sea el momento de vaciar la botella de desechos. Si el MiSeq i100 Series Control Software no le ha indicado que vacíe la botella de residuos, puede abrir manualmente la puerta del compartimento de residuos. Consulte *Apertura de puerta de reactivos usados*, en la página 50.

1. Retire la botella de residuos de la puerta, sujetando la botella por los lados.



2. Deseche el contenido de la botella de residuos de acuerdo con las normativas aplicables de su región.
3. Devuelva la botella de residuos destapada al compartimento de residuos.
4. Cierre la puerta.
5. Seleccione **Continue** (Continuar).

Resultados de secuenciación

Después de iniciar un experimento de secuenciación, el Real-Time Analysis (RTA) comienza automáticamente. Puede ver las métricas de RTA en la pantalla Sequencing (Secuenciación) o Runs (Experimentos). Para ver los resultados de la secuenciación y del análisis secundario, seleccione el nombre del experimento en la pestaña Completed (Terminados) de la pantalla Run (Experimentos). Los resultados del experimento incluyen métricas de la secuenciación detallada, métricas de análisis secundarios e informes de la aplicación de DRAGEN a nivel de muestra y experimento.

También puede encontrar archivos de resultados en la ubicación de carpeta de resultados predeterminada especificada. Consulte [Definir carpeta de resultados predeterminada, en la página 59](#).

Real-Time Analysis

El MiSeq i100 Series utiliza el software Real-Time Analysis (RTA) en el motor informático (CE) del instrumento. RTA extrae las intensidades de las imágenes recibidas de la cámara, lleva a cabo una llamada de bases, asigna una puntuación de calidad a las llamadas de bases, se alinea con PhiX y genera informes de datos en archivos InterOp para su visualización en el MiSeq i100 Series Control Software.

Para optimizar el tiempo de procesamiento, RTA almacena información en memoria. Si se interrumpe RTA, el procesamiento no se reanuda y se pierden los datos del experimento que se estén procesando en la memoria.

Entradas de RTA

RTA requiere las imágenes de las placas contenidas en la memoria del sistema local para su procesamiento. RTA recibe información del experimento y comandos del Software de control.

Salidas de RTA

Las imágenes de cada canal de color se transfieren en memoria a RTA como placas. A partir de estas imágenes, RTA produce un conjunto de archivos de filtros y archivos de llamada de bases con puntuación de calidad. Todos los demás resultados admiten archivos de resultados.

Tipo de archivo	Descripción
Archivos de llamada de bases	Cada placa que se analiza se incluye en un archivo de llamada de bases concatenado (*.cbcl). Las placas del mismo carril y superficie se agregan a un archivo *.cbcl para cada carril y superficie.
Archivos de filtros	Cada placa produce un archivo de filtros (*.filter) que especifica si un grupo supera los filtros.

Tipo de archivo	Descripción
Archivos de ubicación de grupos	Los archivos de ubicación de grupos (*.locx) contienen las coordenadas X e Y para cada grupo en una placa. Se genera un archivo de ubicación de grupos para cada experimento.
archivos InterOp	Archivos de informes binarios utilizados para el MiSeq i100 Series Control Software, Sequencing Analysis Viewer y BaseSpace Sequence Hub. Los archivos InterOp se actualizan durante el experimento.

Los archivos de resultados se usan para los análisis sucesivos.

Puntuaciones de calidad

Una puntuación de calidad (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. Tras determinar la puntuación Q, los resultados se registran en archivos de llamada de bases (*.cbcl).

La puntuación Q comunica brevemente pequeñas probabilidades de error. Las puntuaciones de calidad se representan como Q(X), donde X es la puntuación. En la tabla siguiente figura la relación entre una puntuación de calidad y la probabilidad de error.

Puntuación Q, Q(X)	Probabilidad de error
Q40	0,0001 (1 entre 10000)
Q30	0,001 (1 entre 1000)
Q20	0,01 (1 entre 100)
Q10	0,1 (1 entre 10)

Puntuación de calidad y generación de informes

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 buscar la puntuación Q en una 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 concretas.

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

Para generar la tabla Q para el MiSeq i100 Series se determinaron tres grupos de llamadas de bases en función de características predictivas. Después de agrupar las llamadas base se calculó empíricamente la tasa de error media para cada uno de los tres grupos y se registraron las puntuaciones Q correspondientes en la tabla Q junto con reglas para asignar llamadas utilizando las características predictivas de una llamada a ese grupo. Como tal, solo son posibles tres puntuaciones Q con el RTA y estas puntuaciones Q representan la tasa de error promedio del grupo. En general, esto da como

resultado una puntuación de calidad simplificada, pero muy precisa. Los tres grupos de la tabla de calidad corresponden a llamadas de bases marginales (<Q18), medias (Q18 a Q29) y de alta calidad (>Q29). A los grupos se les asignan las puntuaciones específicas de 9, 23 y 38, respectivamente. Además, se asigna una puntuación de 0 en caso de ausencia de llamadas escritas en los archivos BCL. Una vez que los archivos BCL se convierten al formato FASTQ, se asigna una puntuación de 2 a la ausencia de llamadas. El modelo de elaboración de informes de puntuaciones de calidad (puntuaciones Q) reduce los requisitos de espacio de almacenamiento y ancho de banda sin detrimento de la precisión o el rendimiento.

Archivos de resultados de secuenciación

Tipo de archivo	Descripción, ubicación y nombre del archivo
Archivos de llamada de bases	Cada grupo analizado se incluye en un archivo de llamada de bases, agregado en un archivo para cada ciclo, carril y superficie. El archivo agregado contiene la llamada de bases y la puntuación de calidad codificada para cada grupo. Data\Intensities\BaseCalls\L001\C[cycle_number]1.1 L[lane]_[surface].cbcl. Por ejemplo L001_1.cbcl
Archivos de ubicación de grupos	Para cada célula de flujo, un archivo binario de ubicación de grupos contiene las coordenadas X e Y para los grupos en una placa. Una disposición cuadrada que coincide con la disposición de nanopocillos de la célula de flujo define previamente las coordenadas. Data\Intensities s_[lane].locs
Archivos de filtros	El archivo de filtros especifica si un grupo ha superado los filtros. Los archivos de filtro se generan en el ciclo 26 de la lectura genómica 1 (lecturas de índice excluidas), utilizando 25 ciclos de datos. Para cada placa se genera un archivo de filtros. Data\Intensities\BaseCalls\L001 s_[lane]_[tile].filter
Archivo de información del experimento	Indica el nombre del experimento, el número de ciclos de cada lectura, si la lectura es una lectura del índice, y el número de sectores y placas de la célula de flujo. El archivo de información del experimento se crea al inicio del experimento. [Root folder]\RunInfo.xml

Estructura de carpetas de resultados de secuenciación

MiSeq i100 genera de forma predeterminada los archivos de resultados en la carpeta de resultados seleccionada en la pestaña Settings (Ajustes).

Estructura de la carpeta de resultados general

A un nivel alto, los resultados se organizan en la estructura siguiente:

```
<Output_Folder>/<run_id>/
  └── Analysis (archivos de análisis secundarios)
  └── Config
  └── Data (archivo BCL de análisis principal)
  └── InstrumentAnalyticsLogs
  └── InterOp
  └── Logs
    └── RTAComplete.txt
    └── RTAExited.txt
    └── CopyComplete.txt
    └── RunCompletionStatus.xml
    └── RunInfo.xml
    └── RunParameters.xml
    └── SampleSheet.csv
```

Estructura de la carpeta de resultados de DRAGEN

Para archivos de resultados de DRAGEN, consulte la estructura siguiente en la carpeta Analysis (Análisis). Estos archivos se encuentran en `<Output_Folder>/<run_id>/Analysis/<number>/Data`. Dependiendo de los modos de funcionamiento, puede haber archivos y carpetas adicionales incluidos en los resultados.

summary

Muestra la versión de DRAGEN utilizada para el análisis secundario, el nombre de la aplicación y el estado del análisis de cada muestra.

AggregateReports

Contiene el archivo `report.htm`, que es un informe de resumen de salida organizado por la aplicación DRAGEN.

RunInstrumentAnalyticsMetrics

logs

```
└── Secondary_Analysis_Complete.txt
```

Archivos de resultados DRAGEN Secondary Analysis

En esta sección encontrará información sobre las aplicaciones DRAGEN. Además de generar archivos específicos de cada aplicación, DRAGEN ofrece métricas del análisis en un archivo <sample_name>.metrics.json y los informes descritos en los *MiSeq i100 Informes de análisis secundarios*, en la [página 93](#). Para obtener más información sobre DRAGEN, consulte la [página del sitio de asistencia de DRAGEN Secondary Analysis](#).

Todos los procesos de DRAGEN permiten la descompresión de archivos de entrada BCL y la compresión de archivos de salida BAM/CRAM. Los archivos BAM no se cargan en DRAGEN Secondary Analysis si se selecciona Proactive, Run Monitoring (Supervisión del experimento) y Storage (Almacenamiento).

MiSeq i100 Informes de análisis secundarios

En la pantalla Sequencing complete (Secuenciación completa), seleccione el nombre del experimento para ver los resultados. Vaya primero a la parte inferior de la pantalla Run Details (Detalles del experimento) y seleccione después **View DRAGEN report** (Ver informe de DRAGEN) para ver los resultados de análisis secundarios. Como alternativa, utilice el menú global para desplazarse a la pantalla Runs (Experimentos) y seleccionar un experimento terminado.

Puede ver los resultados del informe de DRAGEN en los siguientes niveles:

- **Run** (Experimento): el resumen del experimento se vincula a los informes de flujo de trabajo, incluido un informe de demultiplexación, y proporciona una descripción general de la información siguiente:
 - Número de versión
 - Número de muestras totales
 - Número de muestras terminadas
 - Número de errores
- **Workflow** (Flujo de trabajo): el flujo de trabajo genera informes de datos agregados en todas las muestras incluidas en esa aplicación DRAGEN y los vincula a informes de muestras individuales.
- **Sample** (Muestra): los informes de muestra incluyen métricas detalladas de una muestra individual.

Las métricas disponibles en el nivel de flujo de trabajo y de muestra varían en función del informe. Consulte el informe en el instrumento para ver las definiciones de las métricas.

Mantenimiento

Esta sección proporciona especificaciones y directrices para el mantenimiento del MiSeq i100 Series System.

Soporte remoto

El equipo del servicio de asistencia técnica de Illumina utiliza TeamViewer para acceder al instrumento de forma remota y solucionar problemas.

Habilitar TeamViewer

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Remote Support** (Soporte remoto).
3. Seleccione **Start** (Iniciar).
4. Confirme que el estado es **Ready to connect** (Listo para conectar).
5. Proporcione la siguiente información al representante de Illumina:
 - ID de TeamViewer
 - Número de serie del instrumento
 - Contraseña

Deshabilitar TeamViewer

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Remote Support** (Soporte remoto).
3. Seleccione **Stop** (Detener).

Apagado o reinicio del instrumento

Puede apagar el MiSeq i100 Series de forma segura si no hay experimentos de secuenciación ni análisis secundarios en curso. Los mensajes de software indican cuándo apagar y reiniciar el instrumento para resolver un error o advertencia. Si el sistema no se apaga, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.

Apagado del instrumento

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Shut Down** (Apagar)
3. Cuando se le solicite, seleccione **Yes, shut down instrument** (Sí, apagar el instrumento).

Para encender el instrumento

1. Pulse el botón de encendido/apagado que se encuentra en la parte delantera del instrumento para encender el instrumento. Consulte [Componentes externos, en la página 11](#).

Ciclo de apagado y encendido del instrumento

1. Seleccione el ícono de menú en la esquina superior izquierda.
2. Seleccione **Shut Down** (Apagar)
3. Cuando se le solicite, seleccione **Yes, shut down instrument** (Sí, apagar el instrumento).
4. Espere hasta que la pantalla esté apagada y, a continuación, pulse el lado de apagado (O) del interruptor de palanca situado en la parte posterior del instrumento. Consulte [Conexiones de alimentación y auxiliares, en la página 11](#).

Para encender el instrumento

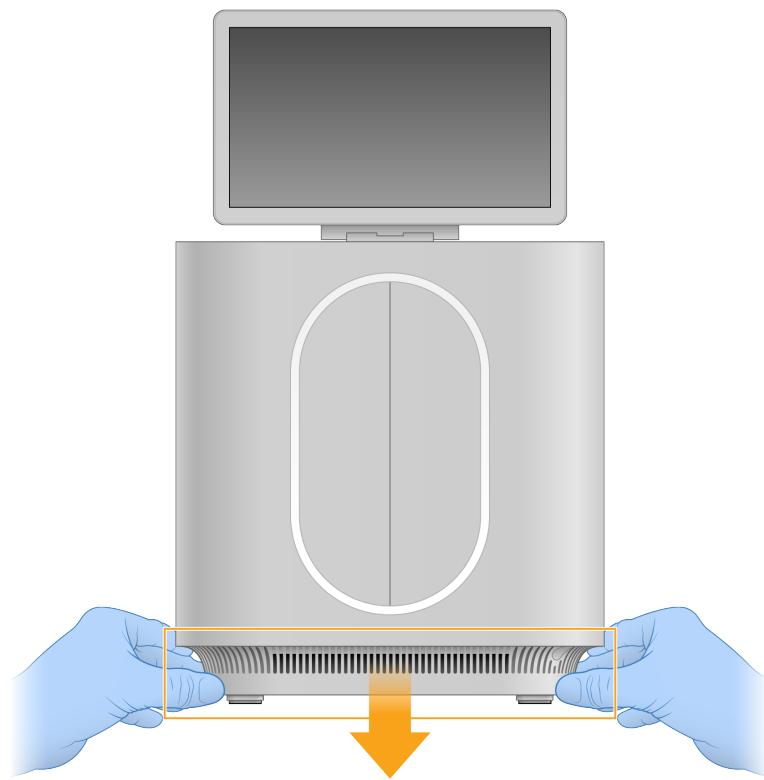
1. Pulse el lado de encendido (I) del interruptor en la parte trasera del instrumento. Consulte [Conexiones de alimentación y auxiliares, en la página 11](#).
2. Pulse el botón de encendido/apagado que se encuentra en la parte delantera del instrumento para encender el instrumento. Consulte [Componentes externos, en la página 11](#).

Pedestal (retirada y fijación)

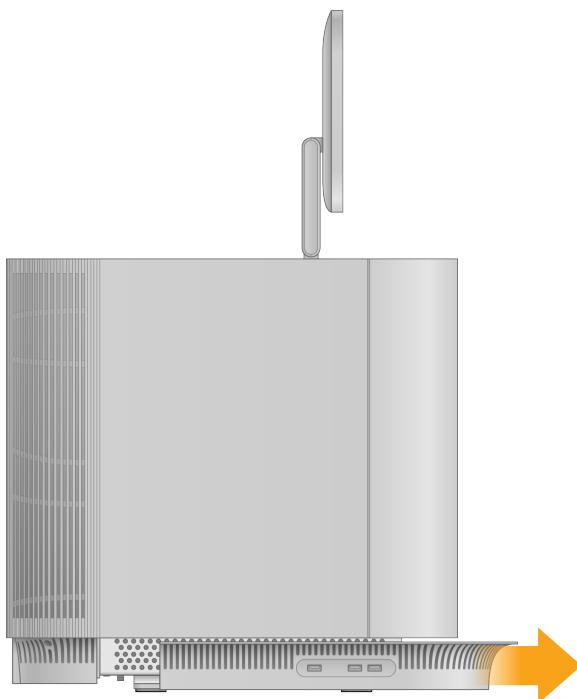
El sistema MiSeq i100 Series viene con un pedestal que se fija a la parte inferior del instrumento. Siga las siguientes instrucciones para retirar y fijar el pedestal.

Retirada del pedestal

1. Desconecte los cables conectados a los puertos USB.
2. Coloque las manos a ambos lados del pedestal y presione luego suavemente hacia abajo para liberar el pedestal.



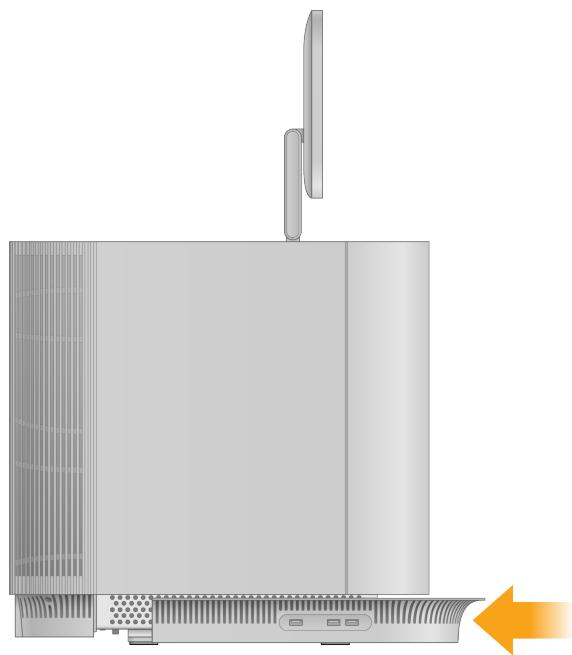
3. Deslice el pedestal hacia la parte delantera del instrumento y déjelo a un lado.



Fijación del pedestal

1. Alinee los imanes a lo largo del riel con el pedestal.

2. Levante el pedestal hasta que encaje en su lugar, asegurándose de que no bloquea el botón de encendido.



Reubicación del instrumento

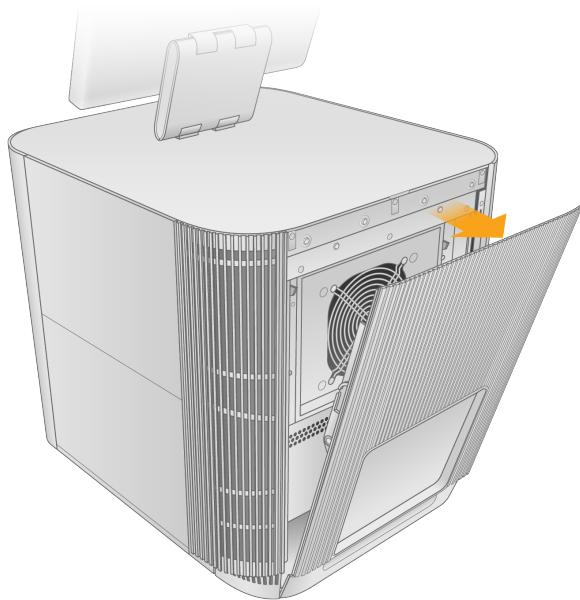
Si debe cambiar la posición del instrumento, póngase en contacto con el representante de Illumina.

Sustitución del filtro de aire

Siga las instrucciones que se indican a continuación para sustituir el filtro de aire caducado cada 6 meses.

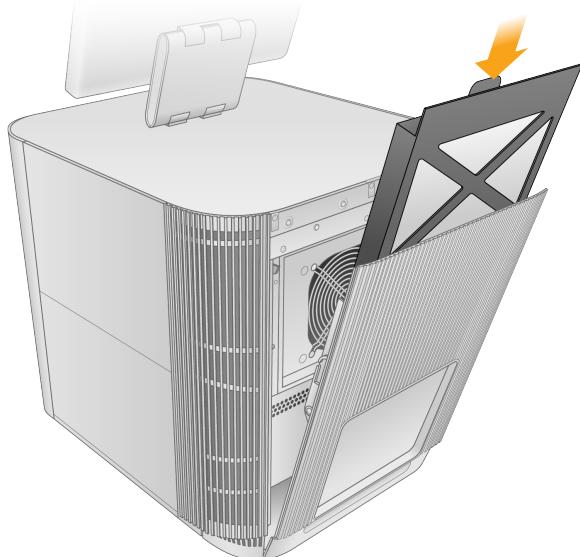
El filtro de aire es para un solo uso y cubre el ventilador en la parte posterior del instrumento. Garantiza una correcta refrigeración y evita que entre suciedad en el sistema. El instrumento se entrega con un filtro de aire instalado y otro de repuesto. Se pueden adquirir filtros adicionales por separado en Illumina.

1. Coloque el instrumento de manera que pueda acceder fácilmente a la parte posterior.
2. En la parte posterior del instrumento, tire del borde superior del panel trasero para separarlo del instrumento y acceder al filtro de aire.



3. Extraiga y deseche el filtro de aire usado.
4. Inserte el nuevo filtro de aire en la bandeja.

Asegúrese de insertar el filtro de forma que la pestaña del filtro quede orientada hacia afuera y quede apoyada contra el panel trasero.



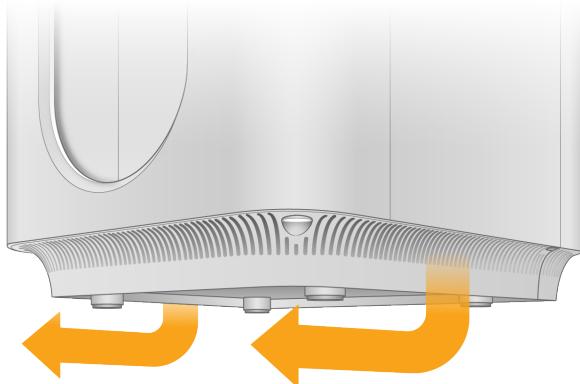
5. Cierre el panel trasero.
6. Vuelva a colocar el instrumento en la posición original.

Sustitución de la almohadilla de la bandeja para gotas

Siga estas instrucciones para reemplazar una almohadilla de bandeja para gotas usada.

La almohadilla de bandeja para gotas es de un solo uso y atrapa cualquier fluido que pueda gotear durante el funcionamiento. El instrumento se envía con una almohadilla de bandeja para gotas instalada. Las almohadillas adicionales de bandeja para gotas se pueden adquirir por separado en Illumina.

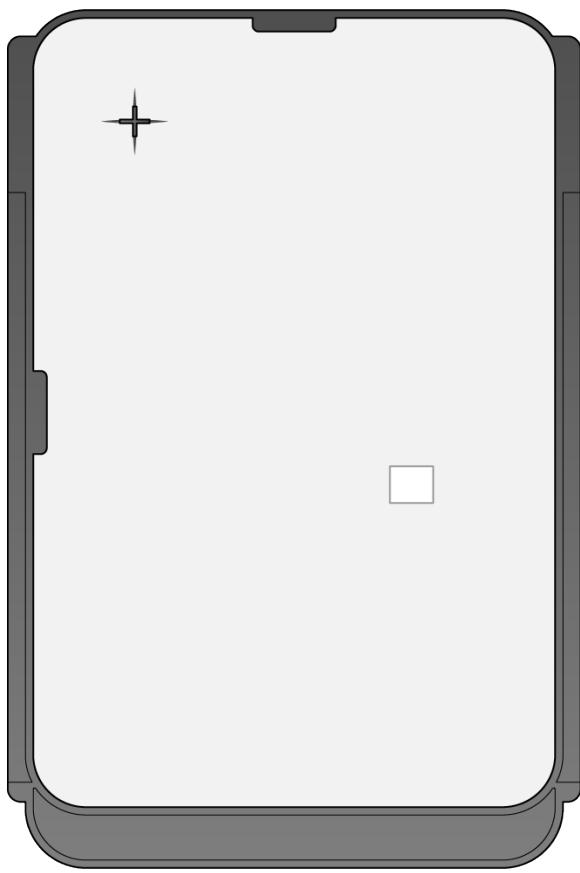
1. Retire el pedestal de la base del instrumento. Consulte *Retirada del pedestal*, en la página 95.



2. Extraiga la bandeja para gotas de la parte inferior del instrumento.



3. Retire y deseche la almohadilla de bandeja para gotas usada.
4. Retire la nueva almohadilla de bandeja para gotas del envase y colóquela en la bandeja para gotas. Asegúrese de alinear el corte cruzado en la almohadilla con la perilla de la bandeja y presione hacia abajo para que quede plana.



5. Deslice la bandeja para gotas para introducirla de nuevo en el instrumento.
6. Fije el pedestal. Consulte [Fijación del pedestal](#), en la página 96.

Mantenimiento preventivo

Illumina recomienda programar un servicio de mantenimiento preventivo cada año. Si no dispone de un 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.

Preparación del instrumento para la devolución

Si es necesario devolver el instrumento, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina y siga estas instrucciones para preparar el instrumento para su devolución.

1. Elimine los datos de ejecución utilizando una de las siguientes opciones:

[Opcional] Eliminación de experimentos del instrumento

Consulte [Eliminar un experimento](#), en la página 18.

[Opcional] Realización de una restauración de fábrica

Consulte [Restauración de fábrica](#), en la página 53.

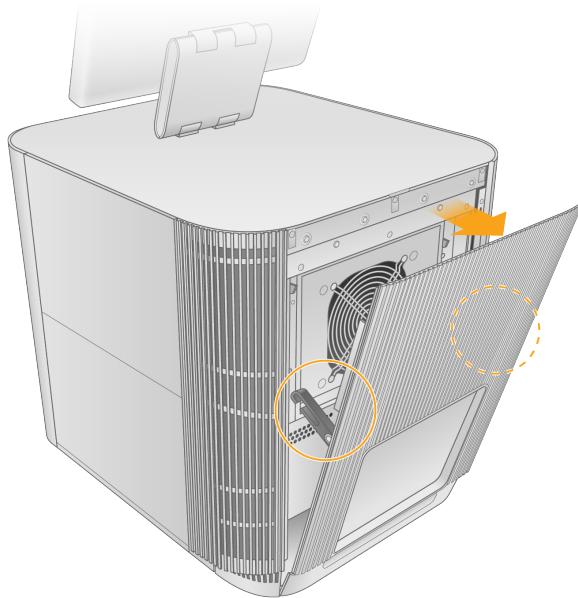
[Opcional] Extracción de los SSD

Los SSD están cifrados y no se pueden leer fuera del instrumento. No es necesario devolverlos a Illumina. Antes de retirar los SSD, siga los pasos para el [Apagado del instrumento](#), en la página 94.

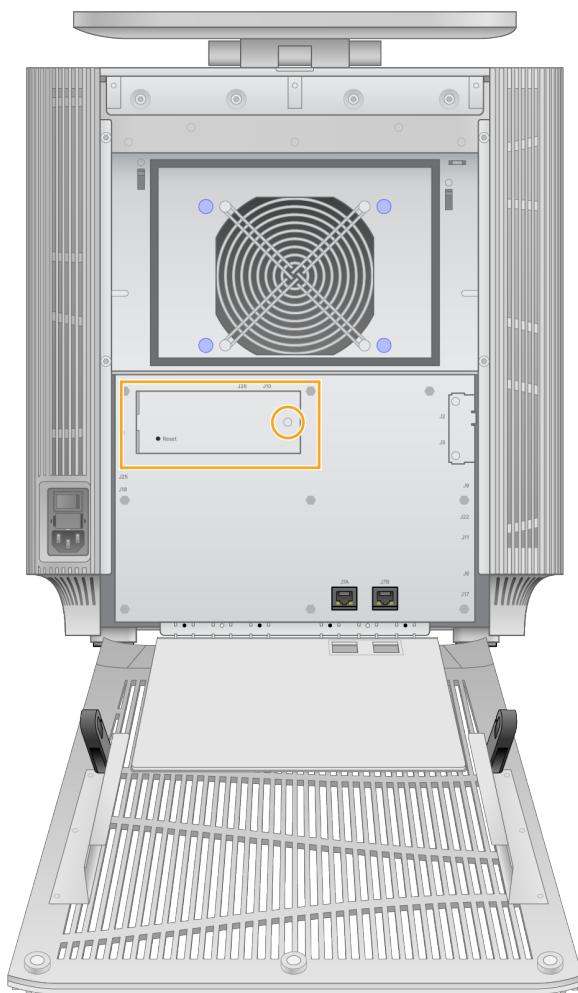
- a. Coloque el instrumento de manera que pueda acceder fácilmente a la parte posterior.
- b. En la parte posterior del instrumento, tire del borde superior del panel trasero para separarlo del instrumento.



- c. Levante los brazos de ambos lados del instrumento para liberar el panel trasero.



- d. Con un destornillador, desatornille el tornillo único para quitar la cubierta M2.



- e. Presione la pestaña para liberar el primer SSD y sáquelo.



- f. Una vez que se retira el primer SSD, quedará expuesto el segundo SSD. Presione la pestaña para liberar el segundo SSD y sáquelo.



- g. Atornille nuevamente la tapa del M2 en su lugar.
h. Levante el panel trasero y vuelva a asegurarlo en su lugar.

2. Expulse los consumibles usados. Consulte [*Expulsión de consumibles usados*](#), en la página 83.
3. Abra la puerta del reactivo usado y vacíe la botella de desechos. Consulte [*Apertura de puerta de reactivos usados*](#), en la página 50.
4. En el MiSeq i100 Series Control Software, vaya a **Settings** (Configuración) > **Instrument Return** (Devolución del instrumento) y seleccione **Set to return state** (Configurar a estado de devolución). Consulte [*Devolución del instrumento*](#), en la página 53.
5. Apague el instrumento. Consulte [*Apagado del instrumento*](#), en la página 94.
6. Retire el pedestal. Consulte [*Retirada del pedestal*](#), en la página 95.
7. Ajuste manualmente el monitor para que quede plano contra la parte superior del instrumento.

Solución de problemas

Póngase en contacto con Illumina si tiene algún problema que requiera una resolución. Es posible que el representante del servicio de asistencia técnica de Illumina tenga que acceder a su instrumento de forma remota para ayudarle a resolver problemas y responder preguntas. Si es así, deberá habilitar TeamViewer. Para obtener más información, consulte [Soporte remoto](#), en la página 94.

Recursos y referencias

Las [páginas de asistencia de MiSeq i100 Series](#) en el sitio de asistencia de Illumina proporcionan recursos adicionales. Revise siempre las páginas de asistencia para obtener las versiones más recientes.

Historial de revisiones

Documento	Fecha	Descripción del cambio
N.º de documento 200055785 v02	Octubre de 2025	<p>Se ha añadido la siguiente información:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Pasos para activar/desactivar la transferencia de archivos BCL en la configuración de red. • Consumible de control indexado PhiX (1000 ciclos). • Consumibles de 50M y 100M. • Kits de cebadores personalizados. • Número de referencia de la botella de residuos. <p>Se ha añadido información de configuración para nuevas aplicaciones.</p> <ul style="list-style-type: none"> • DRAGEN 16S Plus • DRAGEN Microbial Amplicon • DRAGEN Enrichment • DRAGEN RNA • DRAGEN Amplicon <p>Se han eliminado las referencias al rol Usuarios.</p> <p>Se ha eliminado la información de salida para las aplicaciones DRAGEN individuales.</p>
N.º de documento 200055785 v01	Mayo de 2025	<p>Se ha añadido la siguiente información:</p> <ul style="list-style-type: none"> • El sistema de secuenciación MiSeq i100 frente al sistema de secuenciación MiSeq i100 Plus. • Mantenimiento preventivo. • Pasos para restaurar el instrumento. <p>Se ha movido la configuración de zona horaria de los pasos de instalación a los ajustes del sistema.</p>
Documento n.º 200055785 v00	Octubre de 2024	Publicación inicial.



Illumina, Inc.
5200 Illumina Way
San Diego, California 92122 (EE. UU.)
+1 800 809 ILMN (4566)
+1 858 202 4566 (fuera de Norteamérica)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com

Para uso exclusivo en investigación. Prohibido su uso en procedimientos de diagnóstico.
© 2025 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados.

illumina®