

Capitolato per preparatore di librerie automatizzato+sequenziatore genico da banco di tipo

Caratteristiche minime del sistema richiesto requisiti pena esclusione:

- Il metodo di sequenziamento richiesto deve essere di nuova generazione (NGS) con rivelazione dell'incorporazione nucleotidica mediante misurazione di differenze di pH o di fluorescenza.
- Sistema di sequenziamento per analisi in contemporanea di differenti geni target inclusa la tipizzazione del gene batterico 16S per rilevare almeno 7 regioni variabili nello stesso saggio.
- Lo strumento NGS deve essere dotato di almeno 4 supporti di sequenziamento a diversa produttività.
- Lo strumento dovrà essere in grado di sequenziare diversi target come analisi di metagenomica 16S e ITS, analisi WGS di virus e batteri, Whole exome sequencing, Whole transcriptome e pannelli target da 10 sino a 500 geni.
- Dovrà essere offerto un corso di formazione in loco per l'addestramento di base del personale, sia per il workflow operativo e strumentale sia per l'analisi bioinformatica. Il corso deve essere adibito almeno a X partecipanti operativi
- Il sistema NGS dovrà essere dotato di uno strumento capace di automatizzare la preparazione delle librerie e loro pooling finale su tecnologia ad ampliconi dotato di cartucce pronte all'uso.

Caratteristiche del sistema richiesto requisiti preferenziali:

- Si richiede la possibilità di sequenziamento con nucleotidi nativi **Si 8 punti No 1**
- Detection dell'incorporazione dei nucleotidi durante la sintesi della catena di DNA attraverso il cambiamento del pH **Si 8 punti No 1**
- Tourn around time, da estrazione DNA a dato finale, inferiore a 72 ore, **Si 4 no 1**
- Tempo di corsa massimo di sequenziamento inferiore alle 5 ore **<6 ore 7 punti, tra 5 e 18 ore 3 punti, >18 ore 1 punto**
- Supporti di sequenziamento scalabili come numero di sequenze prodotte. Preferibile sino a 4 unità con un output da 2-3 milioni di sequenze sigle read minino sino a 80-90 milioni single read in modo da permettere la massima flessibilità di sequenziamento. **4 supporti 5 punti, tra 4 e 3 supporti 3 punti, <3 supporti 1 punti**
- Disponibilità di chimica che consenta la produzione di singole letture (single end) fino a 600 basi **i 7 punti no 1 punto**
- Small sample input, ovvero il sistema utilizza un metodo di preparazione librerie che richiede un basso input di DNA (1-10ng) in modo da poter sequenziare anche campioni di acidi nucleici degradati e conteneti contaminanti come DNA/RNA estratti da tessuti in paraffina. **Si 4 punti No 2 punti**
- La fornitura deve garantire e comprendere la strumentazione necessaria per un workflow completamente automatizzato che includa sullo stesso strumento sia la preparazione di più librerie in modo simultaneo ed il loro pooling automatico, sia l'arricchimento del templat. In particolare si richiede che la fornitura garantisca la possibilità di allestire simultaneamente almeno 8 librerie in modo completamente automatizzato, con conseguente pooling automatico ed arricchimento del templat. **Si 8 punti No 0 punti**
- Elevata capacità di memorizzazione dei dati di sequenziamento in locale: in particolare, sono richiesti almeno 12 TB di spazio di archiviazione sullo strumento **maggiore uguale 12 TB 8 punti, tra 10 e 5 TB 3 punti, < 5 TB 2 punti**
- Il sistema deve avere la possibilità di correre un kit di analisi per tipizzazione batterica attraverso il sequenziamento del gene batterico 16S con minimo 7 regioni variabili e con sua analisi informatica inclusa **Si 5 punti no 1 punti**
- Si richiede la disponibilità di pannelli ready to use con tecnologia ampliconi che garantisca una LOD mutazionale fino 0,1% **Si 3 punti no 1 punti**

- Si richiede la possibilità di implementazione di pannelli custom con tecnologia ampliconi che garantisca una LOD mutazionale fino 0,1% **Si 3 punti no 1**