



FRONTESPIZIO PROTOCOLLO GENERALE

AOO: ASL_BO
REGISTRO: Protocollo generale
NUMERO: 0006423
DATA: 17/01/2024
OGGETTO: INDAGINE DI MERCATO PER LA FORNITURA DI STRUMENTAZIONE PER IL SEQUENZIAMENTO DI DNA E RNA CON TECNOLOGIA A NANOPORI E RELATIVI MATERIALI DI CONSUMO PER LE ESIGENZE DELL'IRCCS AZIENDA OSPEDALIERO - UNIVERSITARIA DI BOLOGNA

SOTTOSCRITTO DIGITALMENTE DA:

Antonia Crugliano

CLASSIFICAZIONI:

- [01-07-07]

DOCUMENTI:

File	Firmato digitalmente da	Hash
PG0006423_2024_Lettera_firmata.pdf:	Crugliano Antonia	F2679F81CB4665898763FDD34FEE5499C 19477D79C959E082377C9ED7E8F5ABA
PG0006423_2024_Allegato1.pdf:		A5C1908B30516B54166A6668362308DE6 7F77D2002DA75F48B2A2D1F7CE82E37



L'originale del presente documento, redatto in formato elettronico e firmato digitalmente e' conservato a cura dell'ente produttore secondo normativa vigente.
Ai sensi dell'art. 3bis c4-bis Dlgs 82/2005 e s.m.i., in assenza del domicilio digitale le amministrazioni possono predisporre le comunicazioni ai cittadini come documenti informatici sottoscritti con firma digitale o firma elettronica avanzata ed inviare ai cittadini stessi copia analogica di tali documenti sottoscritti con firma autografa sostituita a mezzo stampa predisposta secondo le disposizioni di cui all'articolo 3 del Dlgs 39/1993.



Servizio Acquisti di Area Vasta - SAAV (SC)

**OPERATORI ECONOMICI VARI
LORO SEDI**

OGGETTO: INDAGINE DI MERCATO PER LA FORNITURA DI STRUMENTAZIONE PER IL SEQUENZIAMENTO DI DNA E RNA CON TECNOLOGIA A NANOPORI E RELATIVI MATERIALI DI CONSUMO PER LE ESIGENZE DELL'IRCCS AZIENDA OSPEDALIERO - UNIVERSITARIA DI BOLOGNA

Con riferimento alla necessità di procedere ad una successiva gara pubblica, si richiede a Codesta ditta se produce e/o commercializza l'attrezzatura indicata in oggetto e che dovrà avere le seguenti caratteristiche indispensabili:

CARATTERISTICHE STRUMENTAZIONE

APPARECCHIATURA

- GridION Mk1 Sequencing Device + SOFTWARE LICENCE
- PromethION 2 Solo Sequencing Device + SOFTWARE LICENCE

MODELLO

- GridION Mk1 CapEX GRD-MK1 (strumento) + SLW12M-G (licenza software 12 mesi)
- PromethION 2 Solo CapEx PRO-SEQ002 (strumento) + SLW12M-P2S (licenza software 12 mesi)

CONFIGURAZIONE

- 1x GridION Mk1 Sequencing Device GRD-MK1 (strumento)
- 2x Software License & Device warranty - GridION SLW12M – G +ASSURANCE (per la durata del progetto)
- 1x PromethION 2 Sequencing Unit Solo PRO-SEQ002 (strumento)
- 2x Software License & Device warranty - PromethION 2 Solo SLW12M-P2S (per la durata del progetto)
- GridION Advanced Training

MATERIALE DI CONSUMO ASSOCIATO ALLO STRUMENTO

- 1X PromethION Flow Cell Packs (R10.4.1) 3 packs of 4 flow cells FLO-PRO114M
- 1X Flow Cell (R10.4.1) 48 Flow Cells FLO-MIN114
- 2X Native Barcoding Kit 24 V14 SQK- NBD114.24
- 1X Ligation Sequencing Kit XL V14 SQK-LSK114-XL

DESCRIZIONE DESTINAZIONE D'USO

Angela Melucci

Servizio Acquisti di Area Vasta - SAAV (SC)
051/6079690
angela.melucci@ausl.bologna.it

Azienda USL di Bologna

Sede legale: via Castiglione, 29 - 40124 Bologna
Tel +39.051.6225111 fax +39.051.6584923
Codice fiscale e partita Iva 02406911202



La strumentazione è necessaria alla conduzione del progetto **HEAL ITALIA** spoke 4, studio di ricerca con titolo "Multi-Dimensional genomic dissection of ring chromosome 14 syndrome", acronimo **MD-RING**, garantendo il raggiungimento degli obiettivi espressi nel protocollo di studio.

CARATTERISTICHE TECNICHE INDISPENSABILI

1. Strumento compatto da banco con requisiti impiantistici /infrastrutturali minimi
2. Tecnologia di sequenziamento a nanopori che non richieda l'amplificazione di DNA mediante PCR ma consenta di sequenziare direttamente il DNA nativo a livello di singola molecola
3. Sequenziamento di frammenti di DNA sia corti che lunghi oltre il milione di paia di basi (short to ultra-long reads)
4. Long Read Sequencing per caratterizzazione di sequenze ripetute, varianti strutturali e isoforme nel trascrittoma
5. Sequenziamento ad alta processività di grandi frammenti di RNA producendo sequenze ininterrotte della lunghezza di 4 milioni di basi
6. Analisi diretta della metilazione delle CpG e di altre modificazioni partendo da DNA/RNA nativo in parallelo con la sequenza nucleotidica
7. Sequenziamento di regioni predefinite del genoma "in silico" utilizzando il metodo dell' "adaptive sampling" partendo da DNA nativo
8. Riconoscimento del barcode per caricamento campioni multipli
9. Capacità di ospitare 5 slot indipendenti con diverse flow cell utilizzabili in parallelo per generare fino a 48 Gbases/flow cell in real time al fine di condurre sia analisi whole-genome, sia analisi target di regioni genomiche specifiche o analizzare più campioni contemporaneamente tramite aggiunta di barcode
10. Capacità di ospitare 2 slot indipendenti utilizzabili in parallelo con la capacità di generare fino a 290 Gbases/flow cell. L'elevato throughput, in termini di Gb prodotte consente di analizzare interi genomi con maggiore profondità di sequenziamento e accuratezza
11. Capacità di pianificare il tempo per una corsa da pochi minuti fino a 72 ore
12. Utilizzo di flow cell con nanofluidica e chimica in grado di generare dati con accuratezza superiore al 99%
13. Consentire l'acquisizione e il monitoraggio dei dati di sequenziamento in tempo reale
14. Throughput fino a 250 GB di dati in tempo reale
15. Onboard data analysis con chiamata in tempo reale della sequenza di basi e delle modificazioni ad alta accuratezza

Schede tecniche

Si richiede la documentazione (schede tecniche, IFU, manuali, certificazioni ecc.) per la verifica della rispondenza alle specifiche tecniche e funzionali richieste.

Specificare i codici dei prodotti offerti (strumentazione, analiti, kit, reagenti, ecc.).

Qualora Codesta ditta produca e/o commercializzi il prodotto sopra descritto dovrà inviare la sola documentazione tecnica, unitamente all'Allegato A1 "questionario tecnico", alla scrivente Servizio Acquisti

Angela Melucci

Servizio Acquisti di Area Vasta - SAAV (SC)
051/6079690
angela.melucci@ausl.bologna.it

Azienda USL di Bologna

Sede legale: via Castiglione, 29 - 40124 Bologna
Tel +39.051.6225111 fax +39.051.6584923
Codice fiscale e partita Iva 02406911202



Area Vasta all'indirizzo di posta elettronica angela.melucci@ausl.bologna.it entro e non oltre le ore 9 del giorno 1.2.2024.

A disposizione per ogni altra informazione, si porgono distinti saluti.

Firmato digitalmente da:
Antonia Crugliano

Responsabile procedimento:
Antonia Crugliano

Angela Melucci
Servizio Acquisti di Area Vasta - SAAV (SC)
051/6079690
angela.melucci@ausl.bologna.it

Azienda USL di Bologna
Sede legale: via Castiglione, 29 - 40124 Bologna
Tel +39.051.6225111 fax +39.051.6584923
Codice fiscale e partita Iva 02406911202

ALLEGATO A1 - Questionario Tecnico
Da compilare dettagliatamente in ogni sua parte

Strumentazione per sequenziamento DNA/RNA con tecnologia a nanopori - progetto HEAL ITALIA

1			
Caratteristiche generali			
1.1	Produttore (Indicare)		
1.2	Fornitore (Indicare)		
1.3	Modello/Nome commerciale (Indicare)		
1.4	Codici Prodotto Produttore		
1.5	Codici Prodotto Fornitore		
2		SI/No	Descrivere e indicare la pagina di riferimento della scheda/relazione tecnica e/o del manuale d'uso
2.1	Strumento compatto da banco con requisiti impiantistici /infrastrutturali minimi		
2.2	Tecnologia di sequenziamento a nanopori che non richieda l'amplificazione di DNA mediante PCR ma consenta di sequenziare direttamente il DNA nativo a livello di singola molecola		
2.3	Sequenziamento di frammenti di DNA sia corti che lunghi oltre il milione di paia di basi (short to ultra-long reads)		
2.4	Long Read Sequencing per caratterizzazione di sequenze ripetute, varianti strutturali e isoforme nel trascrittoma		
2.5	Sequenziamento ad alta processività di grandi frammenti di RNA producendo sequenze ininterrotte della lunghezza di 4 milioni di basi		
2.6	Analisi diretta della metilazione delle CpG e di altre modificazioni partendo da DNA/RNA nativo in parallelo con la sequenza nucleotidica		
2.7	Sequenziamento di regioni predefinite del genoma "in silico" utilizzando il metodo dell' "adaptive sampling" partendo da DNA nativo		
2.8	Riconoscimento del barcode per caricamento campioni multipli		
2.9	Capacità di ospitare 5 slot indipendenti con diverse flow cell utilizzabili in parallelo per generare fino a 48 Gbases/flow cell in real time al fine di condurre sia analisi whole-genome, sia analisi target di regioni genomiche specifiche o analizzare più campioni contemporaneamente tramite aggiunta di barcode		
2.10	Capacità di ospitare 2 slot indipendenti utilizzabili in parallelo con la capacità di generare fino a 290 Gbases/flow cell. L'elevato throughput, in termini di Gb prodotte consente di analizzare interi genomi con maggiore profondità di sequenziamento e accuratezza		
2.11	Capacità di pianificare il tempo per una corsa da pochi minuti fino a 72 ore		
2.12	Utilizzo di flow cell con nanofluidica e chimica in grado di generare dati con accuratezza superiore al 99%		
2.13	Consentire l'acquisizione e il monitoraggio dei dati di sequenziamento in tempo reale		
2.14	Throughput fino a 250 GB di dati in tempo reale		
2.15	Onboard data analysis con chiamata in tempo reale della sequenza di basi e delle modificazioni ad alta accuratezza		
