

TECHNICAL SPECIFICATIONS FOR TENDER CRG-03-09
REGARDING THE SUPPLY AND INSTALLATION OF A GENOME
ANALYZER



Secuenciador de alta capacidad (para ultra secuenciación)

Características Técnicas:

Plataforma que mediante el método de **Secuenciación por Síntesis** y con la Química de Terminador Reversible y un software de recolección de datos permita leer hasta un billón de bases de ADN. Deberá permitir determinar la secuencia de forma precisa sin tener en cuenta las secuencias de alrededor o la presencia de estrías en el homopolímero. Asimismo, mediante la tecnología del terminador reverso se controlará la adición de las bases para prevenir adiciones múltiples de bases en regiones del homopolímero.

Deberá estar compuesto por:

- **Secuenciador y Cluster Station.**
 - **Cluster Station** para la amplificación clonal de moléculas aisladas distribuidas de forma aleatoria sobre una superficie de vidrio. Esto produce agrupaciones de ADN que son entonces secuenciados.
 - Sistemas de seguridad que evitan el derrame de sustancias al interior del instrumento.
 - Agrupación (Clustering) por amplificación lineal.
 - Ocho canales independientes previenen la contaminación.
 - El manifold desechable previene la contaminación cruzada de las muestras.
 - Fácil accesibilidad de los ingenieros que apoya la productividad.
 - Soporte de quita y pon que permite trabajar con tiras de 8 tubos de 0,2 ml o con tiras de 8 tubos de 0,3 ml.
 - La bomba dispensa de forma individual a partir de hasta ocho tubos simultáneamente para conseguir una rápida distribución de los reactivos a la vez que tiempos de ensayo más cortos. El rango desde 50 μ l a 3,6 ml proporciona diferentes volúmenes de distribución de forma manual o automática.
 - **Secuenciador** capaz de analizar muestras a partir de cualquier especie. De mención especial, los perfiles digitales de expresión de genes permiten el estudio directo de cualquier transcrito de cualquier gene, de cualquier especie, sin necesidad de saber a priori, el transcryptoma de la especie, como ocurre en los arrays tradicionales de expresión génica.
 - Sistema automático interno de detección de errores que advierte al usuario de cualquier problema y minimiza el

TECHNICAL SPECIFICATIONS FOR TENDER CRG-03-09
REGARDING THE SUPPLY AND INSTALLATION OF A GENOME
ANALYZER



- derroche de reactivos.
- Sensores de seguridad de cierre de puerta sobre el chasis que aseguran la seguridad del usuario.
- Fácil accesibilidad de los ingenieros que apoya la productividad.
- Bomba de ocho vías cuya configuración minimiza el transvase de reactivos y maximiza el flujo a través de la celda.
- Cámara CCD de un millón de píxeles para proporcionar alta resolución y alta densidad de datos.
- Portaceldas con movimientos muy precisos en la dirección de los ejes X e Y.
- Capaz de generar hasta 1 Gb de datos de secuencias de ADN con una exactitud del 98,5% con un mínimo de lectura de 25 bases.
- Secuenciación "Paired End" con un valor mínimo de 2 veces 75 ciclos, partiendo de una mínima cantidad de material.
- Secuenciación de "short reads".
- Secuenciación por síntesis permitiendo la lectura y detección de homopolímeros con gran precisión.
- Ocho canales de análisis de la celda de flujo, permiten manejar hasta ocho muestras individuales en un solo ensayo, con la posibilidad de hacer muestras múltiples (multiplexing), permitiendo una densidad aún mayor.
- La amplificación en fase sólida produce agrupaciones de ADN clónico sobre un porta de vidrio de ocho canales, proporcionando una plataforma de química estable.
- Cada canal de la celda de flujo genera hasta cinco millones de tags, proporcionando hasta 125 Mb de datos de secuenciación por canal.
- Capacidad de secuenciación "Mate Paired" con amplia inserción (>1kb).
- Pueda analizar hasta 40 millones de clusters por celda de flujo, conteniendo cada cluster hasta mil copias idénticas de cada secuencia de ADN original.
- Sistema de enfoque:
 - Calibra automáticamente el enfoque del cluster, aunque también permite el enfoque manual
- El marcaje se produce mediante cuatro colores, uno para cada base de ADN que se incorpora de forma competitiva. La tecnología láser "Total Internal Reflection Fluorescence" (TIRF) restringe la excitación y detección de fluoróforos a una región del espécimen. La secuenciación del ADN requiere el uso de una DNA polimerasa apropiada modificada para actuar en presencia de fluoróforos y terminadores reversibles.
- Fuente de excitación:
 - Dos láseres con longitudes de onda a 660 nm y 532 nm.
 - Para realizar el autoenfoco del sistema se usa un tercer láser de 635 nm.
- Software capaz de apoyar la secuencia de datos con:
 - Análisis de intensidad de señal.

TECHNICAL SPECIFICATIONS FOR TENDER CRG-03-09
REGARDING THE SUPPLY AND INSTALLATION OF A GENOME
ANALYZER



<ul style="list-style-type: none">▪ Llama a la base de ADN.▪ Funciones de alineamiento de secuencias de ADN. <ul style="list-style-type: none">• Aplicaciones:<ul style="list-style-type: none">○ Resecuenciación de Genoma Completo.○ Regiones candidatas o secuenciación de genes.○ Resecuenciación ultra precisa para mutaciones somáticas.○ Metagenómica.○ Análisis de modificaciones de histonas en Genoma Completo.○ Análisis de los dominios de unión de las proteínas del genoma.○ Análisis del transcriptoma.○ Perfiles de expresión génica y validación de arrays.○ Identificación y cuantificación de pequeños ARN.• Software tiene que incluir:<ul style="list-style-type: none">○ Software de análisis de secuenciación para el procesado de la imagen y llamada de bases con alineamiento, filtrado, y funciones de visualización de datos.○ Software de alineamiento para la comparación de secuencias de referencia y visualización de los análisis.○ Solución de problemas y software de diagnóstico para asistir al cliente.
<p>A incluir:</p> <ul style="list-style-type: none">• Workstation con monitor 19"• Computer con monitor 19"

TOTALES EQUIPOS A ADQUIRIR	1
----------------------------	---