



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
FIRENZE

Dipartimento di Biologia

Prot. n. 74930 del 08/05/2018

AVVISO ESPLORATIVO

Avviso per verifica unicità del fornitore per affidamento ex art. 63 c. 2 lett. b) p. 3 d.lgs. 50/2016 di affidamento della fornitura di un sistema di ultima generazione di sequenziamento massivo, mediante sintesi di DNA nell'ambito delle analisi genetiche, per il progetto Dipartimenti di Eccellenza

L'Università degli Studi di Firenze intende avviare una procedura negoziata ai sensi dell'art. 63 c. 2 lett. b) p. 3) d.Lgs. 50/2016 per l'affidamento della fornitura di un sistema di ultima generazione di sequenziamento massivo, mediante sintesi di DNA nell'ambito delle analisi genetiche, per le attività del Progetto **Dipartimenti di Eccellenza**, alle condizioni meglio specificate di seguito.

Si specifica che il Dipartimento di Biologia dell'Università degli Studi di Firenze, in seguito ad approfondite indagini ed analisi di mercato, ha individuato la Società Illumina Italy S.r.l. **produttore e distributore esclusivo dei prodotti con marchio Illumina** come unico fornitore del bene con caratteristiche di esclusività, unicità e infungibilità in relazione alle applicazioni previste dei prodotti come specificato di seguito, ai sensi e per gli effetti **ex art. 63 c. 2 lett. b) p. 2 d.lgs. 50/2016**:

Il sistema NovaSeq 6000 Sequencing System rappresenta l'unico sistema flessibile ultramassivo di produzione di dati di sequenza del DNA che integri generazione di cluster, amplificazione, sequenziamento e analisi dei dati in un solo strumento. Il sistema NovaSeq 6000 impiega la tecnologia di sequenziamento mediante sintesi (SBS) Illumina, la più usata chimica di sequenziamento di nuova generazione, e grazie a diverse tipologie e combinazioni di celle di flusso multiple rappresenta l'unica piattaforma basata su SBS che produca sequenze di interi genomi in tempi rapidi e con costi significativamente ridotti rispetto ad altre piattaforme del suo genere.

La tecnica di sequenziamento mediante sintesi Illumina utilizza terminatori di sequenza reversibili attaccati ad ogni dNTP. Durante l'amplificazione di singoli filamenti di DNA, i coloranti fluorescenti dei terminatori vengono identificati dallo strumento via via che ogni dNTP viene aggiunto, e vengono poi scissi per consentire



di incorporare le basi successive. Le singole basi che vengono incorporate a formare la semielica complementare di un filamento di DNA di stampo vengono rilevate parallelamente per milioni di singoli filamenti. Poiché durante ogni ciclo di sequenziamento sono presenti tutti e quattro i dNTP legati ai terminatori reversibili, la competizione naturale riduce al minimo l'errore di inclusione. L'identificazione delle basi viene eseguita direttamente sulle misurazioni del segnale di intensità luminosa durante ciascun ciclo, riducendo significativamente il tasso di errore sui dati grezzi rispetto ad altre tecnologie. Il sequenziamento Illumina permette di ottenere un alto numero di dati privi di errori anche per campioni di sequenziamento sensibili e complessi.

Il sistema NovaSeq 6000 offre un output regolabile fino a 6 Terabasi e 20 miliardi di reads in circa 2 giorni. Diverse tipologie di celle di flusso e combinazioni di lunghezza di lettura consentono output dipendentemente dalle esigenze del progetto e quindi il sequenziamento di acidi nucleici economico con risultati rapidi per una vasta gamma di applicazioni mediante la scelta di celle dalla tipologia S1 a produzione minore fino alle celle S4 per produzioni di dati massive.

I campioni vengono preparati rapidamente e in modo semplice in apposite cartucce rispetto a qualsiasi sistema di sequenziamento di nuova generazione. La serie NovaSeq sostituisce decine di tubi e flaconi con una cartuccia di reagenti di sintesi preconfigurata per SBS e una cartuccia di reagenti per la generazione di cluster per ciascuna cella di flusso. Le librerie preparate vengono caricate direttamente in una provetta campione si trova in una cartuccia di reagenti preconfigurata, che viene caricata direttamente su il sistema per la generazione di cluster completamente automatizzata. In soli 90 minuti viene preparata la libreria di filamenti di DNA per l'amplificazione ed il sequenziamento. Amplificazione clonale, sequenziamento e identificazione delle basi automatizzati avvengono nell'arco di un minimo di 19 ad un massimo di 40 ore dipendentemente dall'applicazione. L'individuazione delle varianti e l'allineamento delle sequenze possono essere completati direttamente sul computer integrato allo strumento o in cloud computing su BaseSpace.

Grazie a flussi di lavoro semplificati e alla possibilità di ottenere i dati nel più veloce tempo possibile, il NovaSeq 6000 rappresenta il sistema più efficace rispetto ad altri sistemi di sequenziamento massivo per frammenti di dimensioni minori di 300 bp per applicazioni quali il sequenziamento di ampliconi e trascrizione target tramite sequenziamento, rifequenziamento di genomi, sequenziamento de novo, sequenziamento di RNA e metagenomica. Lunghezze di lettura di sequenza regolabili e possibilità di letture unidirezionali o paired-end permettono una flessibilità eccellente per confrontare i risultati su un'ampia gamma di esigenze.

Specifiche di output per cella di flusso

Output (ampliconi)	Tipologia di cella di flusso			
	S1	S2	S3	S4



2x50bp	Fino a 167 Gb	Fino a 333 Gb	N/A	N/A
2x100 bp	Fino a 333 Gb	Fino a 667 Gb	N/A	N/A
2x150bp	Fino a 500 Gb	Fino a 1000 Gb	Fino a 2000 Gb	Fino a 3000 Gb

Performance temporali con utilizzo di una cella di flusso S2

Output (ampliconi)	Indice di qualità	Tempo di corsa
2x50bp	≥ 85%	≤ 19 hr
2x100 bp	≥ 80%	≤ 29 hr
2x150bp	≥ 75%	≤ 40 hr

Altre specifiche

- Schermo “Touch screen”
- Unità di base: Portwell WADE-8022 con Intel i7 4700EQ CPU
- Memoria: 2x8 GB DDR3L SODIMM
- Drive allo stato solido: 256 GB mSATA
- Sistema operativo: Windows
- Laser: 532 nm, 660nm, 780 nm, 790 nm
- Dimensioni: (larghezza x profondità x altezza) 80 cm x 94.5 cm x 167.6 cm
- Peso: 481 Kg
- Voltaggio: 200-240 VAC 50/60Hz, 16 A, fase singola, 2500 W

Obiettivo del presente avviso è pertanto quello di verificare se vi siano altri operatori economici, oltre a quello individuato da questo Ente, che possano effettuare l’attività in oggetto, come sopra evidenziata.

Si invitano pertanto eventuali operatori economici interessati a manifestare a questo Ente l’interesse alla partecipazione alla procedura per l’affidamento del contratto di servizi/fornitura.

La eventuale manifestazione di interesse dovrà pervenire **entro e non oltre il giorno 23/05/2018 ore 12:00** sul sistema START previa registrazione sulla piattaforma START con oggetto **“avviso per verifica unicità (produzione e distribuzione) del fornitore per affidamento ex art. 63 c. 2 lett. b) p. 2 d.lgs. 50/2016 della fornitura di un sistema di ultima generazione di sequenziamento massivo, mediante sintesi**



di DNA nell'ambito delle analisi genetiche, per le attività del Progetto Dipartimenti di Eccellenza.

Le richieste pervenute oltre il succitato termine non verranno tenute in considerazione.

Nel caso in cui venga confermata la circostanza secondo cui la società sopra indicata costituisca l'unico operatore in grado di svolgere il servizio descritto, questo Ente intende altresì, manifestare l'intenzione di concludere un contratto, previa negoziazione delle condizioni contrattuali, ai sensi dell'art. 63 comma 2 lett. b) punto 3), con l'operatore economico indicato.

Ai sensi dell'art. 13 del d.lgs. 196/2003 e s.m.i., si informa che i dati raccolti saranno utilizzati esclusivamente per le finalità connesse alla gestione della procedura in oggetto, anche con l'ausilio di mezzi informatici. L'invio della manifestazione di interesse presuppone l'esplicita autorizzazione al trattamento dei dati e la piena accettazione delle disposizioni del presente avviso

Responsabile del procedimento: Prof. David Caramelli - Dipartimento di Biologia

Il presente avviso, è pubblicato: sul profilo del committente www.unifi.it al *link* <http://unifi.it/CMpro-v-p-6114.html> e sulla piattaforma telematica START della Regione Toscana.

La stazione appaltante si riserva fin d'ora la libera facoltà di sospendere modificare o annullare la presente procedura e/o di non dare seguito alla successiva procedura negoziata.

Il Direttore del Dipartimento
Prof. David Caramelli