

ESENDER_LOGIN:	ENOTICES
CUSTOMER_LOGIN:	unisiena
NO_DOC_EXT:	2019-151579
SOFTWARE_VERSION:	9.11.2
ORGANISATION:	ENOTICES
COUNTRY:	EU
PHONE:	/
E_MAIL:	fabio.semplici@unisi.it

LANGUAGE:	IT
CATEGORY:	ORIG
FORM:	F15
VERSION:	R2.0.9.S03
DATE_EXPECTED_PUBLICATION:	/

Avviso volontario per la trasparenza ex ante**Forniture****Base giuridica:**

Direttiva 2014/24/UE

Sezione I: Amministrazione aggiudicatrice/ente aggiudicatore

- I.1) **Denominazione e indirizzi**
Università degli Studi di Siena
80002070524
Banchi di Sotto, n. 55
SIENA
53100
Italia
Persona di contatto: Fabio Semplici
Tel.: +39 0577235038
E-mail: gare@unisi.it
Fax: +39 0577232113
Codice NUTS: IT119
Indirizzi Internet:
Indirizzo principale: <https://www.unisi.it/>
Indirizzo del profilo di committente: <https://www.unisi.it/ateneo/adempimenti/amministrazione-trasparente/bandi-di-gara-e-contratti/atti-delle-amministrazioni>
- I.4) **Tipo di amministrazione aggiudicatrice**
Organismo di diritto pubblico
- I.5) **Principali settori di attività**
Istruzione

Sezione II: Oggetto

- II.1) **Entità dell'appalto**
- II.1.1) **Denominazione:**
Piattaforma per il sequenziamento ultramassivo parallelo del genoma umano
- II.1.2) **Codice CPV principale**
38970000
- II.1.3) **Tipo di appalto**
Forniture
- II.1.4) **Breve descrizione:**
Acquisizione di un sequenziatore dotato di un sistema flessibile ultramassivo di produzione di dati di sequenza del DNA capace di integrare generazione di cluster, amplificazione, sequenziamento e analisi di dati in un unico strumento
- II.1.6) **Informazioni relative ai lotti**
Questo appalto è suddiviso in lotti: no
- II.1.7) **Valore totale dell'appalto (IVA esclusa)**
Valore, IVA esclusa: 671 000.00 EUR

II.2) Descrizione**II.2.1) Denominazione:****II.2.2) Codici CPV supplementari****II.2.3) Luogo di esecuzione**

Codice NUTS: ITI19

II.2.4) Descrizione dell'appalto:

Lo strumento individuato 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 una sola piattaforma che pesa al massimo 481 Kg (80 cm x 94,5 cm x 167,6 cm). Il sistema impiega la tecnologia di sequenziamento mediante sintesi (SBS), 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.

La tecnica di sequenziamento mediante sintesi 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 (con laser da 532 nm, 660 nm, 780 nm, 790 nm). Il sequenziamento permette di ottenere un alto numero di dati privi di errori anche per campioni di sequenziamento sensibili e complessi.

Il sistema 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 SP (100 - 300 e 500 cicli) e S1 a produzione minore fino alle celle S4 per produzioni di dati massive. Le cartucce più piccole (SP, S1 e S2) permettono di sequenziare in "paired-end" da 50bp a 150 bp generando fino a 1000Gb di output; quelle più grandi (S4) permettono di sequenziare in "paired-end" da 150bp generando fino a 3000Gb di output. In aggiunta la SP permette di sequenziare anche in modalità 2x250bp.

Le librerie preparate vengono caricate direttamente in una provetta campione che 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 avviene nell'arco di un minimo di 19 a 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, lo strumento 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, risequenziamento 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.

Schermo Touch screen - U. B.: Portwell WADE-8022 Intel i7 4700EQ CPU - Memoria: 2x8 GB DDR3L SODIMM- Drive solido 256GB mSATA.

II.2.5) **Criteri di aggiudicazione**

Prezzo

II.2.11) **Informazioni relative alle opzioni**

Opzioni: no

II.2.13) **Informazioni relative ai fondi dell'Unione europea**

L'appalto è connesso ad un progetto e/o programma finanziato da fondi dell'Unione europea: no

II.2.14) **Informazioni complementari**

Sezione IV: Procedura

IV.1) **Descrizione**

IV.1.1) **Tipo di procedura**

Procedura negoziata senza previa pubblicazione

- I lavori, le forniture o i servizi possono essere forniti unicamente da un determinato operatore economico per una delle seguenti ragioni:

- la concorrenza è assente per motivi tecnici

Spiegazione:

In seguito all'indagine di mercato espletata, lo strumento individuato "NovaSeq 6000 Sequencing System" prodotto e distribuito unicamente dall'Operatore economico Illumina Italy srl, risulta essere unico e infungibile in grado di soddisfare le esigenze di ricerca del Dipartimento di Biotecnologie Mediche, poiché - considerate le sue caratteristiche - rappresenta l'unica piattaforma individuata, basata su sequenziamento ultramassivo parallelo mediante sintesi in grado di produrre sequenze di interi genomi in tempi rapidi e con costi significante ridotti rispetto ad altre piattaforme del suo genere. Tuttavia, lo scopo del presente avviso è quello di verificare eventuali altre soluzioni equivalenti che non siano state rinvenute durante l'indagine di mercato condotta.

IV.1.3) **Informazioni relative all'accordo quadro**

IV.1.8) **Informazioni relative all'accordo sugli appalti pubblici (AAP)**

L'appalto è disciplinato dall'accordo sugli appalti pubblici: no

IV.2) **Informazioni di carattere amministrativo**

IV.2.1) **Pubblicazione precedente relativa alla stessa procedura**

Sezione V: Aggiudicazione dell'appalto/della concessione

V.2) **Aggiudicazione dell'appalto/della concessione**

V.2.1) **Data della decisione di aggiudicazione dell'appalto:**

25/10/2019

V.2.2) **Informazioni sulle offerte**

L'appalto è stato aggiudicato a un raggruppamento di operatori economici: no

V.2.3) **Denominazione e indirizzo del contraente/concessionario**

Illumina Italy SRL

via Senigallia, 18

Milano

Italia

Codice NUTS: ITC4C

Il futuro contraente/concessionario è una PMI: sì

V.2.4) **Informazioni relative al valore del contratto d'appalto/del lotto/della concessione (IVA esclusa)**
Valore totale inizialmente stimato del contratto d'appalto/del lotto/della concessione: 671 000.00 EUR
Valore totale del contratto d'appalto/del lotto/della concessione: 671 000.00 EUR

V.2.5) **Informazioni sui subappalti**

Sezione VI: Altre informazioni

VI.3) **Informazioni complementari:**

VI.4) **Procedure di ricorso**

VI.4.1) **Organismo responsabile delle procedure di ricorso**

Tribunale amministrativo della Regione Toscana

via Ricasoli, 40

Firenze

50122

Italia

Tel.: +39 0577267301

E-mail: fi_ricevimento_ricorsi_cpa@pec.ga-cert.it

Fax: +39 055293382

Indirizzo Internet: <https://www.giustizia-amministrativa.it/cdsintra/cdsintra/Organizzazione/>

[Tribunaliamministrativiregionali/firenze/index.html](https://www.giustizia-amministrativa.it/cdsintra/cdsintra/Organizzazione/Tribunaliamministrativiregionali/firenze/index.html)

VI.4.2) **Organismo responsabile delle procedure di mediazione**

VI.4.3) **Procedure di ricorso**

VI.4.4) **Servizio presso il quale sono disponibili informazioni sulle procedure di ricorso**

Tribunale amministrativo della Regione Toscana

via Ricasoli, 40

Firenze

50122

Italia

Tel.: +39 0577267301

E-mail: fi_ricevimento_ricorsi_cpa@pec.ga-cert.it

Fax: +39 055293382

Indirizzo Internet: <https://www.giustizia-amministrativa.it/cdsintra/cdsintra/Organizzazione/>

[Tribunaliamministrativiregionali/firenze/index.html](https://www.giustizia-amministrativa.it/cdsintra/cdsintra/Organizzazione/Tribunaliamministrativiregionali/firenze/index.html)

VI.5) **Data di spedizione del presente avviso:**

30/10/2019