FORNITURA IN SERVICE DI UN SISTEMA ANALITICO PER LA TIPIZZAZIONE GENOMICA DEL SISTEMA HLA DI CLASSE I E II IN ALTA RISOLUZIONE CON TECNICA DI PCR-SBT

ALLEGATO A

B : QUESTIONARIO TECNICO

Ditta partecipante	

Sez. B1	***STRUMENTAZIONE***		
RIF.	**PTI. MAX**		**SPECIFICARE**
B1.1	////	Sequenziatore Capillare (Produttore, Modello, Anno immissione sul mercato)	
B1.2	////	N.ro capillari	
B1.3	////	Peso complessivo e dimensioni (l*p*a) in cm	
B1.4	////	Potenza elettrica assorbita a regime (VA)	
B1.5	////	Quantità di calore prodotta a regime (BTU/ Ora)	
B1.6	////	Rumorosità prodotta in dB	
B1.7	////	Personal Computer collegato al sequenziatore e stampante a colori (Produttore, Modello)	
B1.8	////	Strumento per la misura della concentrazione del DNA , con lettura a 260/280 (Produttore, Modello)	
B1.9	////	Fornitura di Personal Computer per l' anlisi delle sequenze (specificare : marca, modello, configurazione e caratteristiche tecniche)	
B1.10	////	Operazioni a carico dell' operatore per l' effettuazione di una seduta analitica (descrivere)	
B1.11	////	Manutenzione giornaliera : Operazioni a carico dell' operatore e tempo necessario a svolgerle (descrivere)	
B1.12	////	Tempo di fermo macchina dovuto alla manutenzione giornaliera programmata	
B1.13	////	Manutenzione periodiche a carico dell'operatore: indicare la periodicità ed i tempi	

Sez. B2	***REAGENTI (Pti Max 22)***			
RIF.	**PTI. MAX**		**SI/NO**	**DESCRIVERE**
B2.1	5	Mix di sequenza pronta all'uso comprensiva di Big Dye Terminator e Taq polimerasi (SI/NO)		
B2.2	6	Tempi di reazione di amplificazione e di sequenza (definire i tempi delle rispettive reazioni)	//////	
B2.3	5	Concentrazione del DNA utilizzato per l'amplificazione (descrivere il range di concentrazione espresso in ng/ul di utilizzo del DNA per la reazione di amplificazione)	/////	
B2.4	2	Uniformità dei programmi di amplificazione e sequenza per tutti i loci sia di Classe I che di Classe II (descrivere il programma per ogni locus di Classe I e di classe II)	/////	
B2.5	3	Descrizione di primer di sequenza di secondo livello già inclusi nel kit di base per i loci DRB1 e DPB1	/////	
B2.6	1	Forward and Reverse per i loci esaminati (SI/NO)		

Sez. B3	SOFTWARE DI INTERPRETAZIONE (Pti Max 25)			
RIF.	**PTI. MAX**		**SI/NO**	**DESCRIVERE**
B3.1	**3**	Allineamento automatico dei filamento forward e reverse con il consensus (SI/NO)		
B3.2	**4**	Capacità del software di confrontare e allineare qualsiasi tipo di combinazione allelica con quella ottenuta dal campione esaminato ed evidenziare direttamente a video le differenze nucleotidiche che portano alle due combinazioni alleliche (SI/NO, relazionare)		
B3.3	**3**	Informazioni di qualità relative agli strand in uso inserite nel report (SI/NO, relazionare)		
B3.4	**3**	Indicazioni della nomenclatura “P”, “G” e NMDP (SI/NO)		
B3.5	**3**	Finestra di allineamento allelico integrata nel software di analisi (SI/NO)		
B3.6	**3**	Modulo di generazione automatica del layout della piastra che permetta di importare i dati direttamente nel sequenziatore (SI/NO, relazionare)		
B3.7	**4**	Possibilità di preordinare di default da parte dell’ utente delle posizioni fisse di controllo da verificare in tutti i campioni (SI/NO, spedificare).		
B3.8	**2**	Aggiornamento delle librerie (descrivere la frequenza : semestrale, annuale, etc))	//////	
Sez. B4	**ALTRE CARATTERISTICHE (PTI max 5)**			
B4.1	**5**	Altre caratteristiche di interesse e miglioramento rispetto ai requisiti del capitolato, innovazioni tecnologiche proposte, ulteriori software etc (SI/NO, descrivere)		