

## ERRATA 01

### Referente à Cotação Prévia de Preços nº 007/2023

Convênio Estadual nº 250/2022

**OBJETO:** Seleção de proposta mais vantajosa para a aquisição de equipamento hospitalar permanente para o Hospital de Caridade São Vicente de Paulo, conforme item especificado no Anexo I, deste documento.

#### Onde se lê:

<b>Item:</b> 01	
<b>Quantidade:</b> 01	<b>Unidade de medida:</b> UN
<b>Nome:</b> SEQUENCIADOR DE DNA	
<b>Valor Máximo Unitário:</b> R\$ 671.517,00	<b>Valor Total:</b> R\$ 671.517,00

#### CARACTERÍSTICAS TÉCNICAS MÍNIMAS:

Plataforma de sequenciamento de nova geração de ácidos nucleicos (DNA/RNA) que utiliza a química de sequenciamento por síntese (SBS), capaz de gerar até 15 Gb de dados de alta qualidade. A especificação de qualidade é >85% de Q30, ou seja, pelo menos 85% das bases sequenciadas devem apresentar um valor de qualidade (QV) superior a 30 em qualquer corrida de sequenciamento. Possui metodologia sequência base por base, tecnologia onde uma base é incorporada e sua fluorescência é lida, não havendo possibilidade da entrada da próxima base devido ao uso de nucleotídeos terminadores reversíveis. Após a detecção do sinal fluorescente, o nucleotídeo marcado incorporado ao molde tem sua fluorescência clivada para adição da próxima base sucessivas vezes. Através do emprego de terminadores reversíveis e uma polimerase de alta fidelidade na química, a plataforma deve ter a capacidade de eliminar erros no sequenciamento, ou também erros críticos principalmente no sequenciamento de regiões homopoliméricas.

A química deve permitir o ajuste flexível do comprimento de leitura dos fragmentos durante a corrida de sequenciamento, permitindo dois tipos de leitura dos fragmentos (single-reads ou paired-ends), os quais podem variar de 25 a 600pb (2 x 300pb). A plataforma deve ser capaz de realizar leituras do tipo "paired-end" de forma totalmente automatizada.

A reação de sequenciamento deve ocorrer no interior de uma lâmina de fluxo (flow cell), na qual os fragmentos são imobilizados para a amplificação clonal (Bridge PCR). O sistema integra as etapas de amplificação clonal, sequenciamento propriamente dito e análise de dados em uma única plataforma. Plataforma capaz de aceitar diferentes configurações de lâminas de fluxo, com capacidades flexíveis de geração de dados (100Mb-15Gb; de 1M de reads até 25M de reads).

Deve possuir sistema de rastreamento de RFID para materiais de consumo, software de controle e software de gerenciamento de corrida local. O equipamento deve compor computador interno de controle do equipamento: Unidade de base: CPU Intel Core i7-2710QE de 2,10 GHz, Memória: 16 GB de RAM, Unidade: Unidade de estado sólido de 1 TB e Sistema operacional: Windows 10 Enterprise LTSC. Junto com o equipamento Reagentes contidos na proposta: 6 unidades de reagente de sequenciamento com capacidade de geração de 5,1Gb de dados, 1 unidade de reagente de enriquecimento para preparo de 96 amostras, 1 unidade de reagente contendo 10.341 sondas que têm como alvo 113 genes relacionados à predisposição ao câncer, 1 unidade de reagente contendo índice para preparo de 96 amostras,, 1 unidade de reagente de sequenciamento de 300 ciclos com capacidade de geração de 480Gb de dados e 1 unidade de reagente contendo bead de purificação. Garantia Mínima de 12 meses full. Deve ofertar manual técnico. Deve ofertar treinamento para toda equipe operacional e engenharia clínica.

**Leia-se:**

<b>Item:</b> 01	<b>Unidade de medida:</b> UN
<b>Quantidade:</b> 01	
<b>Nome:</b> SEQUENCIADOR DE DNA	
<b>Valor Máximo Unitário:</b> R\$ 671.517,00 <b>Valor Total:</b> R\$ 671.517,00	

**CARACTERÍSTICAS TÉCNICAS MÍNIMAS:**

Plataforma de sequenciamento de nova geração de ácidos nucleicos (DNA/RNA) que utiliza a química de sequenciamento por síntese (SBS), capaz de gerar até 15 Gb de dados de alta qualidade. A especificação de qualidade é >85% de Q30, ou seja, pelo menos 85% das bases sequenciadas devem apresentar um valor de qualidade (QV) superior a 30 em qualquer corrida de sequenciamento. Possui metodologia sequência base por base, tecnologia onde uma base é incorporada e sua fluorescência é lida, não havendo possibilidade da entrada da próxima base devido ao uso de nucleotídeos terminadores reversíveis. Após a detecção do sinal fluorescente, o nucleotídeo marcado incorporado ao molde tem sua fluorescência clivada para adição da próxima base sucessivas vezes. Através do emprego de terminadores reversíveis e uma polimerase de alta fidelidade na química, a plataforma deve ter a capacidade de eliminar erros no sequenciamento, ou também erros críticos principalmente no sequenciamento de regiões homopoliméricas.

A química deve permitir o ajuste flexível do comprimento de leitura dos fragmentos durante a corrida de sequenciamento, permitindo dois tipos de leitura dos fragmentos (single-reads ou paired-ends), os quais podem variar de 25 a 600pb (2 x 300pb). A plataforma deve ser capaz de realizar leituras do tipo "paired-end" de forma totalmente automatizada.

A reação de sequenciamento deve ocorrer no interior de uma lâmina de fluxo (flow cell), na qual os fragmentos são imobilizados para a amplificação clonal (Bridge PCR). O sistema integra as etapas de amplificação clonal, sequenciamento propriamente dito e análise de dados em uma única plataforma. Plataforma capaz de aceitar diferentes configurações de lâminas de fluxo, com capacidades flexíveis de geração de dados (100Mb-15Gb; de 1M de reads até 25M de reads).

Deve possuir sistema de rastreamento de RFID para materiais de consumo, software de controle e software de gerenciamento de corrida local. O equipamento deve compor computador interno de controle do equipamento: Unidade de base: CPU Intel Core i7-2710QE de 2,10 GHz, Memória: 16 GB de RAM, Unidade: Unidade de estado sólido de 1 TB e Sistema operacional: Windows 10 Enterprise LTSC. **Com o equipamento deverá conter os seguintes reagentes: Reagentes contidos na proposta: 6 unidades de reagente de sequenciamento com capacidade de geração de 5,1Gb de dados, 1 unidade de reagente de enriquecimento para preparo de 96 amostras, 1 unidade de reagente contendo 10.341 sondas que têm como alvo 113 genes relacionados à predisposição ao câncer, 1 unidade de reagente contendo índice para preparo de 96 amostras, 1 unidade de reagente de sequenciamento de 300 ciclos com capacidade de geração de 480Gb de dados e 1 unidade de reagente contendo bead de purificação, 1 unidade de reagente de sequenciamento de 300 ciclos com capacidade de geração de 990Gb de dados, 1 kit de reagentes de tagmentação de 24 amostras, 1 kit de reagentes de preparo para sequenciamento de mRNA de 16 amostras.** Garantia Mínima de 12 meses full. Deve ofertar manual técnico. Deve ofertar treinamento para toda equipe operacional e engenharia clínica.

Guarapuava, 24 de janeiro de 2023.

**HUBERTO JOSÉ LIMBERGER  
PROVEDOR**

**Hospital de Caridade  
São Vicente de Paulo**

Rua Marechal Floriano Peixoto, 1059,  
Centro, Guarapuava-PR