

מטא"ר / אגף תמיכה לוגיסטית
מחלקת רכישות ומכירות
טלפון: 08-9124452, פקס: 097697837
יום שני 21 נובמבר 2016

מכרז פומבי מספר 110/2016 - ערכות אפיון דנ"א - עדכון מס' 3

1 הרינו לעדכן את מסמכי המכרז והמפרט שבנדון כלדקמן:

1.1 עדכון מס' 2 – סעיף 1.2 – המציע לא ישא בעלויות הבוררים, קפילרות ופופים (POP4 – פולימר להרצה) הנדרשים להרצת הדגימות במכשיר האנאליזה. פריטים אחרים הקשורים לתהליך האפיון יהיו על חשבון המציע.

1.2 עדכון מס' 2 – סעיף 20.1.1 – מסומן "X"

1.3 מפרט טכני – טבלה ב' סעיף 4 – להלן המשך התהליך לאחר ניקוב הכרטיס והפרמטרים שנקבעים בתוכנה:

1.3.1 ניקוב מהכרטיס בקוטר 1.2 מ"מ.

1.3.2 לאחר ניקוב 1.2 מ"מ מכרטיסי FTA אנו מוסיפים 170 מ"ל מים HPLC למשך 7 דקות ושואבים אותם בעזרת פיפטור ידני או ברובוט BIOMEK.

1.3.3 מצ"ב בנספח פרמטרים של ANALYSIS METHOD.

2 המועד האחרון להגשת הצעות נדחה לתאריך 13.12.16 שעה

.14:00

3 ביתר פרטי המכרז לא חל כל שינוי .

בברכה,

עמוס מכלוף, רפ"ק

ר' יח' מכרזים

Analysis Method Editor

General **Allele** Peak Detector Peak Quality SQ & GQ Settings

Bin Set: PowerPlex_ESI_Fast_Bins_IDX_v2.0

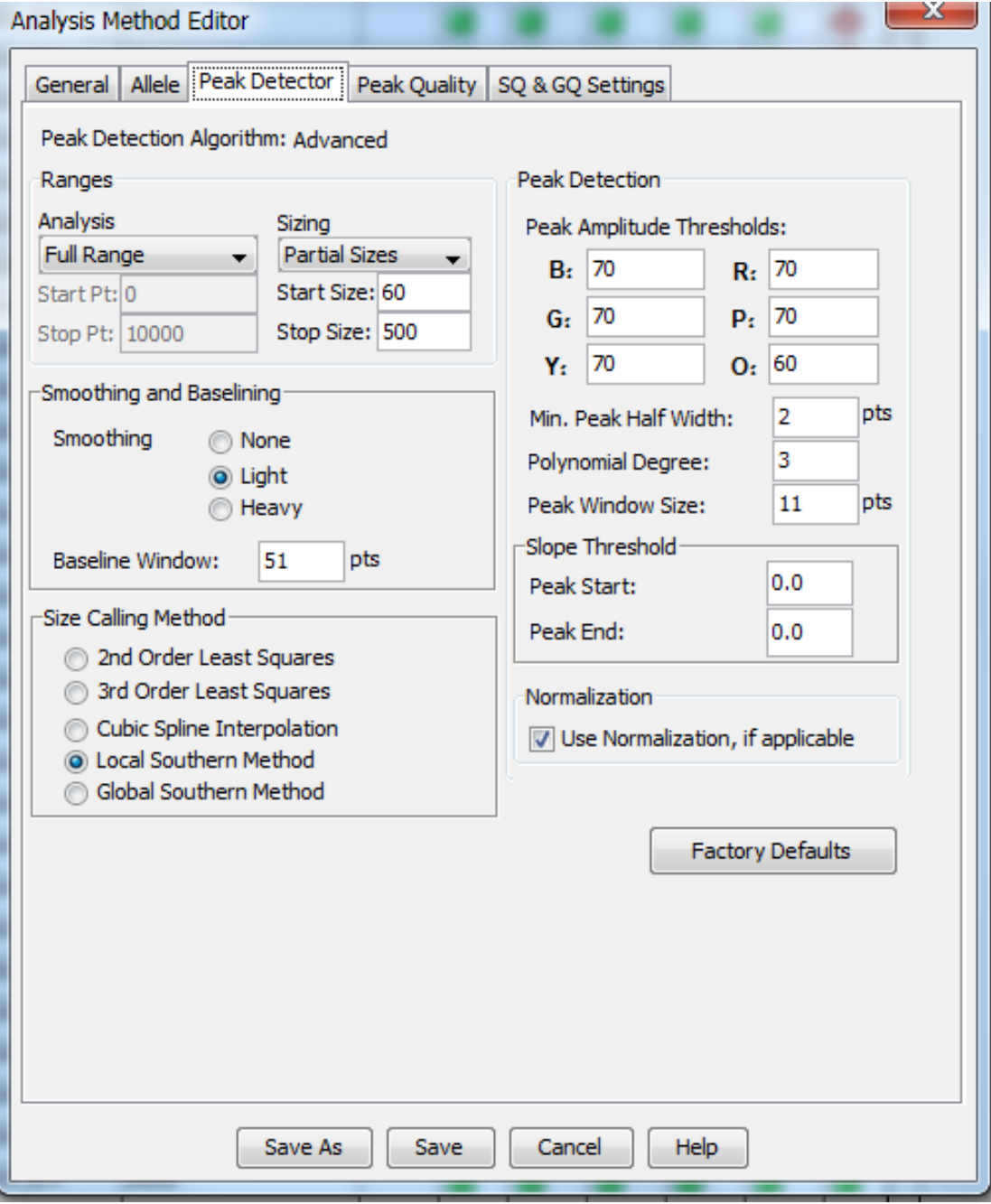
Use marker-specific stutter ratio and distance if available

Marker Repeat Type:		Tri	Tetra	Penta	Hexa
Global Cut-off Value		0.2	0.2	0.0	0.0
MinusA Ratio		0.0	0.0	0.0	0.0
MinusA Distance	From	0.0	0.0	0.0	0.0
	To	0.0	0.0	0.0	0.0
Global Minus Stutter Ratio		0.0	0.0	0.0	0.0
Global Minus Stutter Distance	From	2.25	3.25	0.0	0.0
	To	3.75	4.75	0.0	0.0
Global Plus Stutter Ratio		0.1	0.0	0.0	0.0
Global Plus Stutter Distance	From	2.25	0.0	0.0	0.0
	To	3.75	0.0	0.0	0.0

Amelogenin Cutoff 0.2

Range Filter... Factory Defaults

Save As Save Cancel Help



Analysis Method Editor

General | Allele | Peak Detector | **Peak Quality** | SQ & GQ Settings

Min/Max Peak Height (LPH/MPH)

Homozygous min peak height	<input type="text" value="260.0"/>
Heterozygous min peak height	<input type="text" value="70.0"/>
Max Peak Height (MPH)	<input type="text" value="35000.0"/>

Peak Height Ratio (PHR)

Min peak height ratio	<input type="text" value="0.6"/>
-----------------------	----------------------------------

Broad Peak (BD)

Max peak width (basepairs)	<input type="text" value="1.5"/>
----------------------------	----------------------------------

Allele Number (AN)

Max expected alleles	<input type="text" value="2"/>
----------------------	--------------------------------

Allelic Ladder Spike

Spike Detection	<input type="text" value="Enable"/>
Cut-off Value	<input type="text" value="0.2"/>

Factory Defaults

Save As | Save | Cancel | Help

Analysis Method Editor

General | Allele | Peak Detector | Peak Quality | **SQ & GQ Settings**

Quality weights are between 0 and 1.

Sample and Control GQ Weighting

Broad Peak (BD)	<input type="text" value="0.8"/>	Allele Number (AN)	<input type="text" value="1.0"/>
Out of Bin Allele (BIN)	<input type="text" value="0.8"/>	Low Peak Height (LPH)	<input type="text" value="0.3"/>
Overlap (OVL)	<input type="text" value="0.8"/>	Max Peak Height (MPH)	<input type="text" value="0.3"/>
Marker Spike (SPK)	<input type="text" value="0.3"/>	Off-scale (OS)	<input type="text" value="0.8"/>
		Peak Height Ratio (PHR)	<input type="text" value="0.3"/>

Control Concordance (CC) Weight = 1.0 (Only applicable to controls)

SQ Weighting

Broad Peak (BD)

Allelic Ladder GQ Weighting

Spike (SSPK/SPK) Off-scale (OS)

SQ & GQ Ranges

Pass Range: **Low Quality Range:**

Sizing Quality: From to 1.0 From 0.0 to

Genotype Quality: From to 1.0 From 0.0 to