

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS DEL EQUIPO "EQUIPAMIENTO PARA FRAGMENTACIÓN E INMUNOPRECIPITACIÓN AUTOMATIZADAS DE CROMATINA".

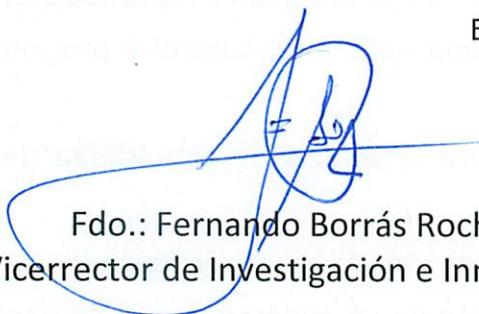
El equipo deberá reunir como mínimo las características técnicas que constan descritas en los apartados 1, 6 y 10. Además, podrá incluir todas o algunas de las características que se detallan en los demás apartados.

1. El equipamiento constará de dos unidades: (a) Un sistema de fragmentación mediante ultrasonificación (cavitación adaptativa) de ácidos nucleicos y cromatina y de ruptura de células y tejidos, y (b) una plataforma robotizada configurada para realizar ensayos de inmunoprecipitación de forma altamente reproducible.
2. El equipo (a) incluirá una unidad de control y programación y una válvula diversificadora.
3. Incluirá un soporte para la sonicación simultánea de hasta 12 muestras, como mínimo.
4. Incluirá un baño de cavitación con recirculación y tapa portamuestras motorizada para rotación de las muestras a fin de garantizar la distribución homogénea de la energía.
5. Incluirá un baño de recirculación para refrigerar el agua de la unidad de cavitación a fin de evitar el calentamiento de las muestras.
6. El equipo (a) deberá estar validado para inmunoprecipitación de cromatina, preparación de librerías para secuenciación masiva, inmunoprecipitación de ADN metilado, ensayos *methylcap* y extracción de proteínas y ácidos nucleicos a partir de células y tejidos, incluidos los vegetales.
7. El equipo (b) deberá permitir el procesamiento automático y simultáneo de hasta 16 muestras, de volúmenes comprendido entre 100 y 200 microlitros.
8. Deberá estar optimizado para filtración magnética de muestras ("magtration") con muy alta reproducibilidad.



9. Deberá contar con dispensación automática de reactivos y control de temperatura mediante bloques peltier.
10. El sistema (b) deberá ser capaz de automatizar protocolos de purificación de ADN, preparación de librerías para plataformas de secuenciación masiva, inmunoprecipitación de la cromatina (ChIP), de ADN metilado (MeDIP), de ADN hidroximetilado (hMeDIP) y de ARN (RNA-IP), ensayos de captura de proteínas con dominios de unión a sitios metilados (MethylCap), secuenciación de ChIP (Re-ChIP) y modificación mediante bisulfito.

Elche, a 23 de mayo de 2014



Fdo.: Fernando Borrás Rocher
Vicerrector de Investigación e Innovación