



DETERMINAZIONE N.

1645

del **2 AGO 2016** Atti n. 707/2015 – All. 11)

CONVENZIONE DI COLLABORAZIONE SCIENTIFICA TRA LA FONDAZIONE IRCCS CA' GRANDA OSPEDALE MAGGIORE POLICLINICO E LA FONDAZIONE ISTITUTO NAZIONALE DI GENETICA MOLECOLARE – INGM - SERVICE ESTERNO PER ESPERIMENTO DI EXOME SEQUENCING PER L'U.O.C. MEDICINA INTERNA AD INDIRIZZO METABOLICO.

IL DIRETTORE GENERALE,

PREMESSO che il Responsabile del procedimento riferisce quanto segue:

VISTO che è obiettivo primario della Fondazione IRCCS, in quanto eccellenza in ambito sanitario, garantire un alto livello prestazionale in ogni ambito specialistico per cui è accreditata, sia nel settore della ricerca che della diagnostica e cura;

DATO ATTO che, con determinazione n. 81 del 20/01/2015 si proclama vincitore della selezione per il progetto del Bando Congiunto di ricerca tra la Fondazione IRCCS e l'Istituto nazionale di genetica molecolare, il dott. Luca Valenti. Il dirigente medico è stato nominato Principal investigator (ossia Responsabile del progetto) del progetto di ricerca dal titolo: "EPIDEMIC – HCC: Exome sequencing for the identification of inherited mutations involved in hepatocellular carcinoma";

VISTA in atti 707/2015 all. 8) la nota del Responsabile del progetto di cui trattasi, dott. Luca Valenti con la quale si richiede il processo di un elevato numero di campioni mediante tecniche di next generation whole exome sequencing (sequenziamento di tutte le regioni del genoma umano che codificano per proteine). Seppure all'interno della Fondazione IRCCS sia presente un'apparecchiatura (illumina miseq presso il laboratorio di genetica medica) in grado di processare tali campioni, questo apparecchio non presenta caratteristiche adatte alla ricerca per diverse ragioni:

- Il sequenziatore miseq è molto utile per applicazioni di diagnostica o risequenziamento mirato, ma ha bassa processo. Sarebbe in grado di sequenziare per l'intero esoma solo un singolo campione ogni 24-36 ore, non permettendo di completare il progetto entro i termini;
- La performance dell'apparecchio sono inferiori a quelle di strumenti di recente generazione, che si ritiene fondamentale per garantire la più alta qualità scientifica ed il successo del progetto;
- Il maggiore processo di sequenziatori quali HiSeq2500X permette di processare 24 campioni contemporaneamente, riducendo in termini drastici sia il tempo necessario ad ottenere i risultati, sia il costo dell'analisi del singolo campione, elemento chiave per potere analizzare il numero dei campioni sufficiente per avere il potere statistico necessario al nostro studio. Senza contare che appoggiandosi a servizi esterni il costo del processo comprenderebbe anche il tecnico, mentre se dovessimo utilizzare lo strumento disponibile presso la Fondazione IRCCS vi sarebbe la necessità di arruolare, istruire e retribuire una nuova unità di personale dedicata;
- Inoltre l'utilizzo di una piattaforma ed un service di tipo Next Generation Sequencing (NGS) diverso da quello adottato nelle diverse fasi precedenti dello stesso progetto (Novogene, Hong Kong), comporterebbe il rischio di una non consistenza o difformità quali-quantitativa dei dati ottenuti tali da pregiudicare l'attendibilità scientifica dei risultati;

fu



re



DETERMINAZIONE N.

1645

del **28.06.2016** Atti n. 707/2015 – All. 11)

DATO ATTO che, con riguardo al costo inizialmente stimato, a mente dell'art. 10, comma 2 delle su richiamate linee guida sono state acquisite offerte da parte delle seguenti ditte:

- IGA Tehnology Services per l'importo di € 69.854,40.= oltre IVA 22%
- BMR Genomics Srl per l'importo di € 97.920,00.= oltre IVA 22%
- Novogene per l'importo di € 32.500,00 oltre IVA 22%

RICHIAMATO l'art. 63, comma 3, lettera b), del d.lgs. n. 50 del 19 aprile 2016, che prevede di affidare al fornitore originario possibili ampliamenti di contratti di forniture esistenti, in quanto l'eventuale cambiamento del medesimo fornitore obbligherebbe la stazione appaltante ad acquisire forniture con caratteristiche tecniche differenti, il cui impiego comporterebbe incompatibilità o difficoltà tecniche sproporzionate;

PRESO ATTO quanto sopra esposto, l'U.O.C. Approvvigionamenti, dando atto che la spesa prevista è di € 32.500,00 IVA 22% esclusa, propone di affidare lo svolgimento di detti esami alla ditta NOVOGENE in quanto risulta migliore offerente come da offerte in atti 707/2015 all. 9);

VISTA la nota in atti n. 707/2015 del Responsabile dell'U.O.C. Economico Finanziaria con la quale attesta la regolarità contabile della presente determinazione ed annota i relativi valori sui componenti conti di bilancio;

CON i pareri favorevoli del Direttore Scientifico, del Direttore sanitario e del Direttore amministrativo,

DETERMINA

1. di autorizzare, per le motivazioni di cui sopra, l'affidamento dell'attività di processazione di campioni mediante tecniche di next generation whole exome sequencing alla ditta Novogene con sede a Rm, 19C, Lockhart CTR, 301-307, Hong Kong;
2. di dare atto che il costo di cui sopra, come da rapporto dell'U.O.C. Economico Finanziaria, è stato registrato sul Progetto INGM – RC VARIE RC00-EPD – Bilancio 2016 come segue:

Impegno	Conto economico	Descrizione del conto	Importo
2016001351	459015	Servizi diversi	€. 39.650,00



fu



DETERMINAZIONE N.

1645

del **2 AGO. 2016** Atti n. 707/2015 – All. 11)

3. di disporre la pubblicazione del presente provvedimento sul sito della Fondazione, all'Albo Pretorio- on line, dando atto che lo stesso è immediatamente esecutivo, ai' sensi dell'art. 17, comma 6, della L.R. Lombardia n. 23/2015, con l'osservanza della vigente normativa in materia di protezione dei dati personali (D.Lgs. 30/6/2003 n. 196).

IL DIRETTORE SCIENTIFICO f.f.
(Prof. Silvano Bosari)

IL DIRETTORE GENERALE
(Dott.ssa Simona Gireldi)

IL DIRETTORE AMMINISTRATIVO
(Dott.ssa Francesca Fancelli)

IL DIRETTORE SANITARIO
(Dr.ssa Laura Chiappa)

REGISTRATA NELL'ELENCO DELLE DETERMINAZIONI
IN DATA **2 AGO 2016** AL N. **1645**

UOS/UOC proponente	UOC. APPROVVIGIONAMENTI	
Responsabile del procedimento:	Ing. Paolo Cassoli	
Pratica trattata da:	Sig.ra Annalisa Mossetti	

