(4) Basic requirements of the procurement :

A High resolution Mass Spectrometry system.

a High resolution Mass Spectrometry. ① The device structure is the QTOF system of which quadrupole mass analyzer (Q) is connected to vertical time-of-flight mass spectrometry (TOF). ② Measurable mass range is 40kDa (TOF) and precursor ion selection is 5—2,250m／z. Mass accuracy (RMS) is not greater than 0.5 ppm by internal standard method and not greater than 2 ppm by external standard method. ③ For comprehensive protein identification, acquisition of max 100 precursor ions per second can be achieved. In that case, required resolution must be over 30,000 (reference m／z 813.39). In addition, for semi-quantitative measurement for protein, acquisition of max 200 precursor ions per second can be achieved. ④ Both qualitative and quantitative analysis can be achieved from MS／MS ion information.

b Nano LC system. ① By using splitless gradient pump, it can achieve stable flow rate in the range of 100—1,000 nL／min. ② Pressure resistance is max 10,000 psi. ③ Easy handling of sample separation column and high-throughput analysis using multiple columns can be achieved.

c N2 generator. ① N2 generator which is required for running Mass Spectrometry is available.

B High sensitivity Mass Spectrometry system.

a High sensitivity Mass Spectrometry. ① To achieve both high sensitivity quantitation and qualification, the device must be linear-ion-trap tandem Mass Spectrometry with good ion transmission efficiency. ② Measurable mass range must be 5—2,000m／z. ③ In order to achieve complex sample analysis, MS3 quantitation with higher selectivity than MRM mode can be achieved. ④ By using the same fragmentation method with high resolution Mass Spectrometry, seamless transition from protein identification to protein quantitation.

b HPLC System. ① The flow setting of solution sending unit is in the range of 0.0001 ml／min & 8211 ; 3.0000 ml／min. ② Max pressure resistance must be over 130 Mpa. ③ Gradient method : it has the functionality which is equal or greater than high pressure binary system. ④ Temperature control of the column oven is block heater type.

c N2 generator. ① N2 generator which is required for running Mass Spectrometry is available.

(5) Time limit for the submission of the requested material : 17 : 00　22 May, 2017

(6) Contact point for the notice : Kazuhiro Kasai, Accounting Procurement Division, Hirosaki University Hospital, 53 Hon-cho Hirosaki-shi Aomori Japan 036—8563 Japan, TEL 0172—39—5197

資料提供招請に関する公表

次のとおり物品の導入を予定していますので、当該導入に関して資料等の提供を招請します。

平成29年４月３日

国立大学法人弘前大学

契約担当役　医学部附属病院長　福田　眞作

◎調達機関番号　415　◎所在地番号　02

○第３号

１　調達内容

(1) 品目分類番号　24

(2) 導入計画物品及び数量　遺伝子解析大容量計算機システム　一式

(3) 調達方法　購入等

(4) 導入予定時期　平成29年度10月以降

(5) 調達に必要とされる基本的な要求要件

A　遺伝子解析装置　①１ランで最大1,200億塩基情報を得ることが可能で、ヒト全ゲノムシーケンスやヒト全エクソームシーケンス、トランスクリプトームシーケンスが可能なもの。　②塩基配列読取方式は、エラーの少ない、可逆的ターミネータ化学法を用いたSequence by Synthesis法を採用していること。　③ＤＮＡ増幅法はClonal Single Molecule Array法を用いていること。　④シーケンスシステム本体に全自動ＤＮＡ増幅装置を内蔵していること。　⑤解析精度を保つため、迅速な保守支援体制を安定的に供給できること。

B　大容量計算機システム　①計算サーバ一式、ログインサーバ一式、大容量共有ストレージ一式、遺伝子解析用サーバ一式から構成され、これらを高速ネットワーク一式により、一体化したシステム運用が可能であること。　②計算サーバ一式は、168個以上のＣＰＵコア、896ＧＢ以上の主記憶容量を有すること。また、ＲＡＩＤ１構成時に７ＴＢ以上のストレージを備えていること。　③ログインサーバ一式は、８個以上のＣＰＵコア、24ＧＢ以上の主記憶容量を有し、ＲＡＩＤ１構成時に１ＴＢ以上のストレージを備えていること。　④大容量共有ストレージ一式は、ＲＡＩＤ６構成時に１ＰＢ以上を有し、共有ファイルシステムにより、すべてのストレージとサーバからアクセス可能なこと。　⑤遺伝子解析用サーバ一式は、ＣＰＵ周波数が2.8GHz以上、８ＧＢ以上の主記憶容量で、ＲＡＩＤ６構成時に30ＴＢ以上のストレージを備えていること。　⑥高速ネットワーク一式は、各サーバを56Gbps以上の通信性能で接続できること。　⑦稼働維持・支援業務を行うこと。

２　資料及びコメントの提供方法　上記１(2)の物品に関する一般的な参考資料及び同(5)の要求要件等に関するコメント並びに提供可能なライブラリーに関する資料等の提供を招請する。

(1) 資料等の提供期限　平成29年５月22日17時00分（郵送の場合は必着のこと。）

(2) 提供先　〒036—8563 青森県弘前市本町53 弘前大学医学部附属病院経理調達課　調達担当　葛西　一宏　電話0172—39—5197

３　説明書の交付　本公表に基づき応募する供給者に対して導入説明書を交付する。

(1) 交付期間　平成29年４月３日から平成29年５月22日まで。

(2) 交付場所　上記２(2)に同じ。

４　説明会の開催　本公表に基づく導入説明会を開催する。

(1) 開催日時　平成29年４月10日15時30分

(2) 開催場所　弘前大学医学部附属病院大会議室

５　その他　この導入計画の詳細は導入説明書による。なお、本公表内容は予定であり、変更することがあり得る。

６　Summary

(1) Classification of the products to be procured : 24

(2) Nature and quantity of the products to be purchased : Supercomputing system for genome analysis 1 Set

(3) Type of the procurement : Purchase

(4) Basic requirements of the procurement :

A Genome Analysis system. ① Able to obtain up to 120 billion basal information per run, and perform whole human genome and transcriptome sequencing. ② Sequence by Synthesis technology with reversible terminator chemistry, which reduces error rates is adopted for base sequence reading methods. ③ Clonal Single Molecule Array technology is used for DNA amplification. ④ Main unit of the sequencing system has built-in DNA amplifier. ⑤ Stable supply of prompt maintenance support is secured to keep analysis precision.

B Mass storage computer system. ① should consist from the following machines : One calculation server, one login server, one large capacity shared storage and one server for gene analysis. All of the computers should be connected with high-speed network and should be integrated as a signal system. ② One calculation server should have 168 or more CPU cores and 896 GB or more memories. When configuring RAID 1, this server should have 7 TB or more storage. ③ One login server should have 8 or more CPU cores, 24 GB or more memories, and 1 TB or more storage with RAID 1 mode. ④ One large capacity shared storage