

**รายละเอียดคุณลักษณะเฉพาะ**  
**เครื่องตรวจสอบโดยการหาลำดับเบสของสารพันธุกรรมทางอนุชีวโมเลกุล**

1. เป็นเครื่องวิเคราะห์หาลำดับเบสของสารพันธุกรรมในระดับจีโนม (Genome Sequencer) โดยใช้เทคนิค Pyrosequencing หรือการวัดไฮโดรเจนไอออนที่เกิดขึ้น ซึ่งควบคุมการทำงานด้วยคอมพิวเตอร์ประกอบด้วย
  - 1.1 ส่วนวิเคราะห์หาลำดับเบสของสารพันธุกรรมในระดับจีโนม
  - 1.2 ส่วนควบคุมการทำงานและประมวลผล
2. ส่วนวิเคราะห์หาลำดับเบสของสารพันธุกรรมในระดับจีโนม มีลักษณะดังนี้
  - 2.1 เป็นชนิดตั้งโต๊ะ (Benchtop)
  - 2.2 มีช่องใส่ PicoTiterPlate หรือ Ion Semiconductor Sequencing Chip
  - 2.3 มีช่องเสียบหลอดบรรจุสารละลายและขวดรองรับ waste
  - 2.4 มีการตรวจวัดแสงจากปฏิกิริยา Chemiluminescent ด้วย CCD camera ขนาด 6 megapixel หรือ ตรวจวัดการเปลี่ยนแปลง pH ของสารละลายตัวอย่างด้วย ion sensor
  - 2.5 มีระบบการนำพาสารที่ทำปฏิกิริยา (Fluidics systems) เพื่อผ่าน PicoTiterPlate device หรือ ไหลผ่านเข้าสู่ sensor array
  - 2.6 สามารถหาลำดับเบสจากสารพันธุกรรมได้ไม่น้อยกว่า 35 ล้านเบส ที่มีความยาวเฉลี่ยของการอ่านข้อมูลต่อหน่วย (Read length หรือ Single read) ที่ไม่น้อยกว่า 100 เบส และสามารถอ่านข้อมูลได้ไม่น้อยกว่า 100,000 ชุดการอ่าน (reads) สำหรับการวิเคราะห์แต่ละครั้ง
  - 2.7 มีค่าความแม่นยำ (accuracy) ของ sequence สูงถึง 99 % ที่ความยาวไม่น้อยกว่า 100 เบส
  - 2.8 ใช้เวลาในขั้นตอนการหาลำดับเบส ไม่เกิน 10 ชั่วโมง และใช้เวลาไม่เกิน 2 ชั่วโมงในการประมวลผลข้อมูล
  - 2.9 สามารถทำปฏิกิริยาวิเคราะห์หาลำดับเบสของตัวอย่างแบบอัตโนมัติได้ไม่น้อยกว่า 12 ตัวอย่าง พร้อมกันโดยมีการติดฉลากบอกชนิดของตัวอย่าง
  - 2.10 สามารถวิเคราะห์งานได้หลากหลาย ดังต่อไปนี้
    - 2.10.1 หาลำดับสารพันธุกรรมจาก PCR product หรือ ทำ Amplicon Sequencing ได้
    - 2.10.2 หาลำดับสารพันธุกรรมของชิ้นจีโนม เทียบกับลำดับสารพันธุกรรมเดิม ที่มีอยู่ (Resequencing)
    - 2.10.3 หาลำดับสารพันธุกรรมของชิ้นจีโนม ของสิ่งมีชีวิตชนิดใหม่ได้ (De Novo sequencing)
3. ชุดควบคุมการทำงานและประมวลผล ประกอบด้วย
  - 3.1 โปรแกรมควบคุมการทำงานและประมวลผล มีลักษณะดังนี้
    - 3.1.1 สามารถดูข้อมูลคุณภาพของลำดับเบสสารพันธุกรรมที่ได้
    - 3.1.2 สามารถทำการต่อสายของลำดับเบสสารพันธุกรรมที่ได้ให้เป็นสายยาว
    - 3.1.3 สามารถนำลำดับเบสสารพันธุกรรมสายยาวที่ได้จากข้อ 3.1.2 เทียบกับลำดับเบสสารพันธุกรรมที่มีอยู่แล้ว
    - 3.1.4 สามารถวิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับเบสสารพันธุกรรม
  - 3.2 ชุดคอมพิวเตอร์ ซึ่งใช้ระบบปฏิบัติการเป็นลินุกซ์ (Linux) และมีคุณสมบัติของเครื่องไม่น้อยกว่า Xeon W3550 หรือ Two Six core processors, Memory ไม่น้อยกว่า 12 GB RAM, Hard drive ไม่น้อยกว่า 160 GB , มีจอ LCD ไม่น้อยกว่า 17 นิ้ว
4. มีน้ำยาสำหรับใช้กับเครื่องวิเคราะห์หาลำดับเบสของสารพันธุกรรมในระดับจีโนม 1 ชุด
5. มีเครื่องสำรองไฟฟ้าชนิด True Online สำหรับเครื่องวิเคราะห์หาลำดับเบสของสารพันธุกรรม ขนาดไม่น้อยกว่า 2 KVA

6. ผู้ขายต้องจัดหา náยาที่จำเป็นทั้งหมดในการใช้งานเพื่อใช้ในการทดสอบและประเมินคุณภาพของเครื่อง
7. มีคู่มือในการใช้งานและบำรุงรักษา จำนวนอย่างละ 1 ชุด
8. เป็นผลิตภัณฑ์ที่ผลิตจากโรงงานที่ได้รับการรับรอง ISO 9001 series
9. ใช้กับไฟฟ้าขนาด 220 โวลต์ 50 เฮิร์ต ได้
10. รับประกันคุณภาพ 1 ปี และบริการตรวจสอบการทำงานของเครื่องทุก 6 เดือน ในระหว่างการรับประกัน นับจากวันส่งมอบเครื่อง
11. ผู้ขายต้องรับผิดชอบการบริการหลังการขาย และจัดหาอะไหล่ของเครื่อง และจัดหา náยาในการใช้งาน
12. หากผู้ขายไม่สามารถส่งของในข้อ 3.2 ได้ ผู้ขายต้องจัดหาของที่มีคุณสมบัติเทียบเท่า หรือดีกว่า มาส่งมอบแทนโดยให้อยู่ในดุลยพินิจของคณะกรรมการตรวจรับจะพิจารณา
13. ผู้ขายต้องสอนการใช้งานแก่ผู้ปฏิบัติงานจนสามารถใช้งานได้ดี
14. ส่งมอบ ติดตั้งและทดลองจนใช้งานได้ดี ณ สถานที่ที่กรมปศุสัตว์กำหนด

..... ประธานกรรมการ  
(นายไพโรจน์ อารังโสภาส)

..... กรรมการ  
(นางมาลี อีรานุสนธิ์)

..... กรรมการ  
(นางกิงดาว หมอแก้ว)

..... กรรมการ  
(นายสรราช ชูกระชั้น)

..... กรรมการ  
(นายณัฐนันท์ ศิริรัตนธัญญะกุล)

..... กรรมการ  
(นางวลัยกานต์ เจียมเจตจรูญ)

..... กรรมการ  
(นางธรรมวรรณ หนูนโธสง)

..... กรรมการและเลขานุการ  
(นายกิติพงศ์ ศิริสุทธานันท์)

..... กรรมการและผู้ช่วยเลขานุการ  
(นางเกศยา ศรีอำไพ)

เครื่องตรวจสอบโดยการหาลำดับเบสของสารพันธุกรรมทางอนุชีวโมเลกุล

.....