

PNC - DD 931 del 6 giugno 2022. Avviso per la concessione di finanziamenti destinati ad iniziative di ricerca per tecnologie e percorsi innovativi in ambito sanitario e assistenziale D3 4 Health Digital Driven Diagnostics, prognostics and therapeutics for sustainable Health care – CUP B53C22006140001

Roma, 15 giugno 2026

OSPEDALE PEDIATRICO BAMBINO GESÙ

CAPITOLATO TECNICO

n. 1 software Miltenyi MACS iQ View SB

Il presente capitolato, nell'ambito del progetto sopra indicato finalizzato allo sviluppo di “gemelli digitali e biologici” attraverso un approccio di *data mining*, mediante la collaborazione con le Università e centri di ricerca, ha come oggetto la fornitura di strumentazione necessaria per la raccolta di dati sanitari da analizzare con algoritmi basati sull'intelligenza artificiale su piattaforme multistrato e tecnologie innovative.

Nell'implementazione delle attività di ricerca e sviluppo svolte dall'Area di Ricerca Oncoematologia, è stato scelto il software Miltenyi MACS iQ View SB, sviluppato per analizzare i set di dati ottenuti dalla piattaforma MACSima® (matricola 224), già presente nel Laboratorio di Terapia Genica dell'Ospedale Pediatrico Bambino Gesù, per le seguenti caratteristiche tecniche:

- analizzare i set di dati multiomici multidimensionali raccolti durante gli esperimenti MICS (MACSima Imaging Cyclic Staining) per estrarre le informazioni incluse caratteristiche cellulari come dimensioni, posizione, forma, ecc., e caratteristiche dei marcatori come intensità di fluorescenza, somma;
- visualizzare, raggruppare, filtrare, colorare e rinominare grandi quantità di immagini contemporaneamente in modo semplice e intuitivo;
- filtrare popolazioni cellulari o selezionare singole cellule sul grafico e di visualizzarne immediatamente la posizione nell'immagine o nella tabella dati, mediante un algoritmo a due fasi, costituito da (a) segmentazione nucleare basata sul metodo watershed o sul metodo superpixel per ottenere una segmentazione basata sull'immagine, ideale per campioni con cellule complesse (ad esempio, neuroni) o cellule anucleate e (b) metodo donut vincolato basato sui vostri marcatori preferiti per la segmentazione citoplasmatica;
- eseguire analisi imparziali di caratteristiche tramite clustering t-SNE, UMAP e k-means, fornendo risultati significativi, istogrammi per visualizzare una singola caratteristica per un gruppo di cellule, mostrando la distribuzione cellulare. I grafici a dispersione possono rappresentare due caratteristiche, come ad esempio i livelli di espressione di due marcatori. Inoltre, è possibile visualizzare una terza caratteristica tramite una sfumatura di colore, indicando la densità di distribuzione delle due caratteristiche selezionate o il livello di espressione di un terzo marcatore, ad esempio. I grafici a strisce e a violino illustrano più caratteristiche all'interno di un gruppo di cellule. Le mappe di calore facilitano il confronto di diverse caratteristiche tra più gruppi di cellule. Inoltre, sono disponibili: funzione di matrice di correlazione delle immagini, confronto immediato dei pattern di colorazione utilizzando i valori di correlazione o covarianza, mappatura delle distanze per cellule o regioni per definire gruppi di cellule in base alla loro posizione rispetto alle cellule di interesse;
- tracciare tutte le selezioni, i criteri di selezione e le combinazioni applicate durante l'analisi per ripercorrere l'esperimento e salvare il flusso di lavoro, al fine di riapplicarlo agli esperimenti replicati risparmiando tempo ed evitare errori;

- utilizzando le sonde di rilevamento RNAsky®, conteggiare i trascritti spazialmente risolti associati alle cellule per studi di distanza e densità, per estrarre e quantificare i dati di espressione dell'RNA da esperimenti multiomici, fornendo dati di espressione proteica e dell'RNA multiplex per un'analisi completa;
- creare un database personalizzato che semplifica l'annotazione di marcatori specifici, mediante tabelle precompilate con un'ampia gamma di biomarcatori per fornire una solida base di partenza a cui aggiungere o modificare i marcatori in base alla propria ricerca per garantire un'interpretazione corretta e coerente dei risultati. Questa tabella si collega rapidamente all'esperimento MICS e riconosce immediatamente i marcatori utilizzati con il sistema MACSima.

La fornitura deve prevedere

- installazione e collaudo eseguito da parte di personale tecnico specializzato,
- manuale d'uso in lingua italiana specifico per i modelli proposti
- copia della dichiarazione di conformità alla normativa di legge applicabile attività di installazione e collaudo,
- formazione all'utilizzo della strumentazione e per il personale tecnico biomedico in caso di primo intervento per guasto
- garanzia 12 mesi standard

La consegna della strumentazione sarà presso i Laboratori di Terapia Genica OPBG, V.le F. Baldelli, 41, piano 3, 00146 Roma.