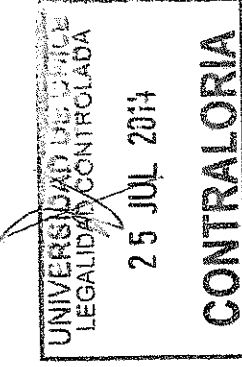


AUTORIZA TRATO DIRECTO CON LA FIRMA
OPGEN, Inc.



RESOLUCION LT N° 038 / 2014.

Santiago, julio 04 de 2014

VISTOS:

Lo dispuesto en el D.F.L. N° 3 del 2006, del Ministerio de Educación; en el artículo 8 letra g de la Ley N° 19.886 y en el artículo 10, N° 7 letra k del D.S. N° 250 de 2004 del Ministerio de Hacienda; en los Decretos Universitarios N° 2761 de 2014, N° 2949 de 2010, N° 1587 de 2014 y la Resolución N° 00300 (31.03.10) de la Universidad de Chile.

CONSIDERANDO:

1. Que la Ley de Compras Públicas N° 19.886, sobre Contratos Administrativos de Suministro y Prestación de Servicios, establece reglas de transparencia y procedimientos para las compras y contrataciones públicas.
2. Que en el marco de desarrollo de las actividades de investigación que desarrolla el Proyecto FONDAP 15090007, "Centro de Regulación del Genoma" dirigido por el Dr. Miguel Allende Connelly, es necesario contratar un servicio de secuenciación de genomas bacterianos de *Orestias Ascotensis*.
3. Que el servicio de secuenciación es requerido por los investigadores asociados al proyecto FONDAP 15090007 pertenecientes al Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, quienes han detectado que la firma OPGEN, Inc., es creadora y vendedora exclusiva del sistema Whole Genome Mapping ARGUS, para la producción de mapas de restricción ordenados de alta resolución y que en su conjunto, abarcan todo el mapa del genoma.
4. Que la tecnología usada por OPGEN Inc. incluye un paquete de soluciones completo, incluyendo:
 - Procesamiento de muestras de ADN, captura de imágenes de los fragmentos de restricción y conversión de datos a un mapa visual consenso.
 - Mapa de ensamble De novo (independiente de los datos de secuencia).
 - Uso de endonucleasas de restricción que reconocen sitios de corte de seis pares de bases.
 - Uso de un módulo de ensamble de secuencias que permite la alineación in silico de mapas contigs a un mapa de todo el genoma para ensamble de secuencias.
 - Uso de un módulo de genómica comparada que permite la comparación entre todo el genoma y los mapas in silico para identificar regiones de similitud y disimilitud a través de los genomas, y
 - Uso de un módulo de tipificación de cepas que determina la identidad y la identificación a nivel de sub-especies o condición biológica característica.
5. Que la firma OPGEN, Inc. tiene un estándar tecnológico de punta en el desarrollo de secuenciaciones de DNA, por lo tanto, asegura resultados altamente confiables para el desarrollo de la investigación que lleva a cabo el Centro de Regulación del Genoma.

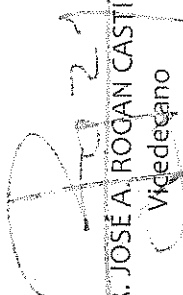
6. Que explorado el mercado nacional a través de la Plataforma www.mercadopublico.cl, no se encontró en Chile un proveedor que ofrezca el servicio específico requerido por los investigadores asociados al proyecto.
7. Que el Proyecto FONDAP 15090007 cuenta con los recursos necesarios para cubrir el costo del servicio de secuenciación de genomas bacterianos de Orestias Ascotansis.
8. Que por las razones antes expuestas y por las características especiales del servicio a contratar, se ha concluido que es del todo indispensable acudir a la contratación directa, conforme lo autoriza el artículo 8 letra g) de la Ley N° 19.886 y el artículo 10 N° 7 letra k) del D.S. N° 250 de 2004, del Ministerio de Hacienda y la Resolución N° 00300 del 31/03/2010 de la Universidad de Chile.

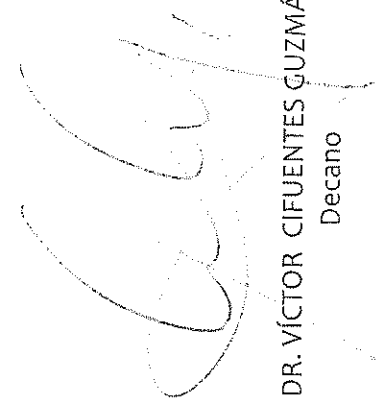
RESUELVO:

1. Autorícese el trato directo con la empresa OPGEN Inc., para contratar un servicio de secuenciación de genomas bacterianos de Orestias Ascotansis, pudiendo efectuarse el proceso de compra, fuera del sistema de información de la Dirección de Compras y Contratación Pública.
2. La Universidad de Chile – Facultad de Ciencias pagará a la firma OPGEN Inc., la suma de US\$ 6.500,00 (seis mil quinientos, 00/100 dólares americanos), más gastos de transferencia bancaria.

Impútese el gasto al Título A., Subtítulo 2, Ítem 2.6 del Presupuesto Universitario vigente.

Anótese, Comuníquese y Regístrese.


DR. JOSÉ A. ROGAN CASTILLO
Vicedecano


DR. VÍCTOR CIFUENTES GUZMÁN
Decano


PEDRO S. ARANCIBIA ALFARO
Director Económico y Administrativo (S)

SOLICITUD DE COMPRA

Ley Nº 19.886

Solicitado por: **Proyectos Investigación** En cumplimiento con lo establecido en la Ley 19.886 de compras públicas y/o, **Miguel Allende Connelly** Anexo N° **87390**
 Correo Electrónico: **allende@uchile.cl** Solicito se efectue la adquisición mediante la vía de **Compra directa extranjero** a través del portal **www.mercadopublico.cl**, de lo siguiente:

Defina el bien y/o servicio a adquirir claramente
 Servicio de secuenciación de genomas bacterianos de Orestias Ascotanensis con la firma OPGEN, Inc.

En el caso de **Licitación Pública** incorpore un valor **US\$ 6.500,00**

Si la adquisición supera las 3 U. T. M. que establece la Ley 19.886 los **Criterios de Evaluación**, serán los siguientes:

Precio	<input type="text" value="0"/>	Experiencia	<input type="text" value="0"/>	Servicio Técnico	<input type="text" value="0"/>	Post Venta	<input type="text" value="0"/>
Plazo Entrega	<input type="text" value="0"/>	Metodología	<input type="text" value="0"/>	Recargo Flete	<input type="text" value="0"/>	Comp. Anterior	<input type="text" value="0"/>
Requisitos administrativos	<input type="text" value="0"/>	Requisitos Técnicos	<input type="text" value="0"/>	Otros Criterios	<input type="text" value="0"/>		

Definir Otros Criterios de Evaluación

Indicar por que se necesita lo solicitado:
 Servicio de secuenciación requerido en el marco de la investigación que desarrolla el Centro de Regulación del Genoma.

Fuente de Financiamiento
 Proyecto FONDAP CRG 15090007

APROBADO
 Depto. de Proyectos
 Fecha: 08/07/14
 Facultad de Ciencias
 Universidad de Chile

Juan C. Hidalgo G.
 Nombre y Firma
 Autorización/Presupuestaría

p.p. Florencia Espinoza M.

Dr. Miguel Allende C.
 Nombre y Firma
 Jefe de Unidad y/o
 Director de Proyecto

En Santiago a, **Friday, July 4, 14**
 dtd/mm/aa

Recepción Adquisiciones : MP- **109**
 ID: 5434- **109**
 N° Resolución

10/07/2014
 dtd/mm/aa

Francisco S. Navarrete
 Nombre y Firma





708 Quince Orchard Road
Gaithersburg, MD 20878
www.OpGen.com

Support: 866.858.2749
Corporate: 301.869.9462
Fax: 301.869.9494

QUOTATION

Ship To University of Chile Blanco Encalá 2120 Santiago, Chile 8320000	Date Issued June 5, 2014
	Effective To June 30, 2014
	Customer Alex Di Genova
	Company University of Chile
	Quote ID OGQ-02481-G8YF (Rev1)
	Product # SCL001

1. Introduction:

This quotation defines the scope, schedule and responsibilities for the preparation of a super-scaffold file of *Orestias Ascotatensis* using OpGen's Whole Genome Mapping technology where single molecule restriction maps (SMRMs) generated by OpGen and Customer's sequence data will serve as the inputs for OpGen's Genome-Builder™ software. OpGen will evaluate the project status at each milestone and determine if the project can continue to the next milestone. Fee schedule is based on project milestones.

2. Customer Sample:

Customer samples specifications:

- Organism: *Orestias Ascotatensis*
- Genome size (estimated): 750 Mb
- Number of chromosomes: 28
- Ploidy: Diploid

Customer will provide samples in one of the following formats according to OpGen sample preparation guidelines:

- Whole Blood
- Cell Pellet
- High-Molecular-Weight (HMW) DNA embedded in low melting temperature agarose (ie. agarose plugs), similar to PFGE preparation. A base protocol for guidance in DNA preparation is available to Customer upon request.

OpGen will assume responsibility for extracting or isolating the HMW DNA and subsequent analysis.

3. Customer Sequence Data:

Sequence assembly statistics:

- N50: 199 kb
- N50: 1171 kb
- Total Scaffolds > 200 kb: 697
- Total size of scaffold greater than 200kb: 621 Mb
- N's (%) within scaffold greater than 200 kb: 3%
- Repeat sequence 21%

Customer will provide genome sequence scaffold data for the organism in FASTA file format.

4. Fee Schedule and Deliverables:

The prices below reflect a promotional discount of 35% off of the standard price for this service. The discounted pricing expires with the expiration date of this quote by which time a valid purchase order and specimens must be received at OpGen. Services will be invoiced at the completion of each Milestone as summarized below. Milestone reports may be presented distinctly or as a comprehensive report if two or more Milestones are completed within a similar time frame.



700 Quince Orchard Road
Gaithersburg, MD 20878
www.OpGen.com

Support: 301.359.2746
Corporate: 301.359.9583
Fax: 301.359.9584

Service Deliverables	Standard Amount (USD)	Promotional Discount Amount (USD)
<p>Milestone 1 – Sequence Analysis OpGen's bioinformatics specialists will evaluate Customer's sequence scaffold data to verify the sequence assembly statistics and recommend a restriction enzyme for SMRM generation. The outcomes of this milestone will determine whether the project may proceed to the next milestone. Estimated Delivery: Five (5) business days from OpGen's receipt of Customer's sequence scaffold data in FASTA file format.</p> <p>Deliverable: OpGen will present a report illustrating the analysis of the sequence data and enzyme selection analysis.</p>	\$500.00	\$325.00
<p>Milestone 2 – Customer Sample Evaluation OpGen will evaluate HMW DNA. Upon verification of DNA quality, OpGen will collect a subset of MapCard data on the Arcus@Whole Genome Mapping System. This sample MapCard data set will serve as a model to estimate the scope of the project including the number of MapCards required for sufficient SMRM generation. OpGen will review the data for restriction enzyme suitability and assess the alignment between the SMRM data and the sequence scaffolds. From this analysis, OpGen will estimate the level of predictable success of Genome-Builder to join sequence scaffolds.</p> <p>If the DNA quality does not meet OpGen minimum requirements or the estimated number of MapCards required exceeds 15 MapCards per Gb, OpGen will communicate the project deficiencies to the customer in writing with recommendations to proceed or the option of project termination. Additional fees and a new service order may be required if the estimated number of MapCards required exceeds 15 MapCards per Gb or if additional Customer sample must be evaluated. Estimated Delivery: Fifteen (15) business days from receipt of the sample by OpGen.</p> <p>Deliverable: OpGen will present a report illustrating the outcome of the HMW DNA assessment and sample MapCard data collection.</p>	\$1,500.00	\$975.00
<p>Milestone 3 – SMRM Generation OpGen will collect MapCard data at OpGen's MapIt® Services laboratory and generate sufficient SMRMs for input to Genome-Builder software. Estimated Delivery: Ten (10) business days from successful completion of Milestone 2.</p> <p>Deliverable: OpGen will present a report illustrating the outcome of the complete MapCard data collection.</p>	\$4,000.00	\$2,600.00
<p>Milestone 4 – Sequence Scaffold Join by Genome-Builder OpGen will use Genome-Builder software to interrogate the SMRM data against <i>in silico</i> maps of Customer's sequence scaffolds. The expected outcome of Genome-Builder is identification of potential assembly joins between scaffolds. NOTE: <i>The specific project performance (scaffolding rate and accuracy) is unknown, and no guarantees can be made regarding the ability to join any or all scaffolds.</i> Estimated Delivery: Twenty (20) business days from completion of Milestone 3.</p> <p>Deliverable: OpGen will present a report summarizing the scaffold joins and super-scaffolding outcome. The following supporting data files will be provided through an FTP site:</p> <ul style="list-style-type: none"> • GFF3 file • Table of pair-wise joins (scaffold orientation and adjacent scaffold) • Complete data set of SMRMs • Extended Scaffold File (.maps file) <p>MapSolver™ software licenses will also be provided for viewing SMRM data subsets</p>	\$4,000.00	\$2,600.00
<p>Total Amount</p>	10,000.00	
<p>35% Discount</p>		-\$3,500.00

Total Est Amount:

\$6,500.00



708 Quince Orchard Road
Gaithersburg, MD 20878
www.OpGen.com

Support 888.556.2766
Corporate 301.369.9623
Fax 301.369.5624

6. Termination:

Once the project has begun, services may only be terminated on technical merits accepted mutually by OpGen and Customer, specifically where either the sequence or SIFRM data are not sufficient for the project to advance to the next milestone. If services are terminated at any point in the project, Customer will be responsible for payment for all milestones initiated.

7. Confidentiality:

OpGen will safeguard and hold as confidential all data files and project-specific information supplied to OpGen by Customer under the Purchase Order contemplated by this quotation, and any written information provided by Customer that is marked as confidential or proprietary. OpGen will use any material provided by Customer for this project only for purposes of completing the referenced project and will not make any such materials available to third parties without Customer's prior written consent. Customer shall safeguard and hold as confidential any written information provided by OpGen that is marked as confidential or proprietary.

8. Additional Information:

Order will commence upon receipt of a Purchase Order for the Total Ext Amount stated on this quotation. The balance will be due within 30 days of invoice date for each Milestone delivery. This quotation is valid until 6/30/2014. See ~~www.OpGen.com~~ for OpGen's Terms and Conditions.

Sole Source Statement

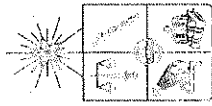
The ARGUS® Whole Genome Mapping System is a unique product that is manufactured and sold exclusively by OpGen, Inc. No other company manufactures or sells a similar or competing product that uses long reads of immobilized, high molecular weight DNA to produce high resolution, ordered restriction maps that span an entire genome—a whole genome map.

Using OpGen's proprietary technology, the ARGUS Whole Genome Mapping System is a complete, cartridge-based, automated solution comprised of hardware, software, reagents and consumables required for the generation of ordered whole genome restriction maps. The MapManager™ and MapSolver™ software, included in the ARGUS System, combine these restriction maps into a single consensus whole genome map for organisms with genome size less than 100 Mb, for example bacteria, yeast or fungi. These Whole Genome Maps may be used for sequence assembly and validation, comparative genomic studies and bacterial strain typing.

For genomes larger than 100 Mb, the single molecule restriction maps generated by the ARGUS System are combined with sequence data by OpGen's Genome-Builder™ software suite to join sequence scaffolds and achieve high accuracy sequence assembly. These assembled reference sequences may be used for sequence validation or structural variation analysis of individual chromosomes.

Key Features include:

- Complete solution package – including DNA sample processing, restriction fragment image capture and data conversion to a visual, consensus map
- *De novo* map assembly - independent of sequence data
- Utilizes restriction endonucleases recognizing six (6) base pair cut sites
- High Resolution – Discriminates to a restriction fragment size of 2kb
- Broad Dynamic Range - Analysis of genomes from 150 kb to 3 Gb
- High throughput – Up to 35 Gb/data scan
- High density – A minimum of 30X coverage at each locus across the entire map
- Sequence Assembly Module - Enables alignment of *in silico* contig maps to a whole genome map for sequence assembly
- Comparative Genomic Module – Enables comparison between whole genome and *in silico* maps to identify regions of similarity and dissimilarity across the genomes of even very closely-related sequences and to discover the locations of structural motifs that may correlate with phenotypic traits such as pathogenicity, virulence and antibiotic resistance
- Strain Typing Module - Determines identity, and sub-species level identification or biological trait characterization that allow for differentiation



FUNDAMENTACIÓN COMPRA SERVICIOS DE SECUENCIACIÓN

El Whole Genome Mapping System ARGUS® es un producto único que es fabricado y vendido exclusivamente por OpGen, Inc. Ninguna otra compañía fabrica o vende un producto similar o competente que utiliza lecturas de ADN de alto peso molecular inmovilizado, para producir, mapas de restricción ordenados de alta resolución que abarcan, en su conjunto, todo el mapa del genoma.

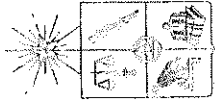
Gracias a la tecnología patentada de OpGen, todo el sistema Genome Mapping ARGUS es una solución automatizada completa, basada en un cartucho compuesto por hardware, software, reactivos y consumibles necesarios para la generación de mapas de restricción de todo el genoma. El MapManager™ y el software MapSolver™, incluidos en el Sistema ARGUS, combinan estos mapas de restricción en un consenso único a todo el mapa del genoma de los organismos con un tamaño del genoma de menos de 100 Mb, por ejemplo, bacterias, levaduras y hongos. Estos Mapas del Genoma pueden ser utilizados para la secuencia de montaje y validación, estudios de genómica comparada y la caracterización de cepas bacterianas.

Para los genomas de más de 100 Mb, los mapas de restricción de una sola molécula generados por el sistema ARGUS se combinan con los datos de secuencia del software OpGen's Genome-Builder™ para unir scaffolds de secuencias y lograr una secuencia de montaje de alta precisión. Estas secuencias de referencia reunidas se pueden utilizar para la validación de secuencias o análisis de la variación estructural de los cromosomas individuales.

Las características clave incluyen:

- Paquete de soluciones completo - incluyendo el procesamiento de muestras de ADN, la captura de imagen de los fragmentos de restricción y conversión de datos a un mapa visual consenso
- Mapa del ensamble *De novo* - independiente de los datos de secuencia
- Utiliza endonucleasas de restricción que reconocen sitios de corte de seis (6) pares de bases
- Alta Resolución - discrimina a un tamaño de fragmentos de restricción de 2kb
- Amplio Rango Dinámico - Análisis de los genomas de 150 kb a 3 Gb
- Alto rendimiento - hasta exploraciones de 35 Gb / datos

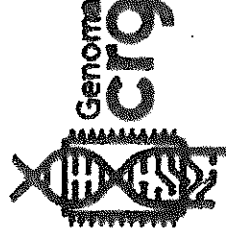




UNIVERSIDAD DE CHILE • FACULTAD DE CIENCIAS • DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA

- Alta Densidad - Un mínimo de 30X de cobertura en cada lugar a través de todo el mapa
- Módulo de ensamble de secuencias - permite la alineación *in silico* de mapas de contigs a un mapa de todo el genoma para el ensamble de secuencias
- Módulo de Genómica Comparada - Permite la comparación entre todo el genoma y los mapas *in silico* para identificar regiones de similitud y disimilitud a través de los genomas de incluso secuencias muy estrechamente relacionadas y para descubrir los lugares de motivos estructurales que pueden correlacionarse con rasgos fenotípicos, como patogenicidad, virulencia y resistencia a los antibióticos
- Módulo de tipificación de cepas - Determina la identidad y la identificación a nivel de sub-especies o condición biológica característica, que permite la diferenciación.

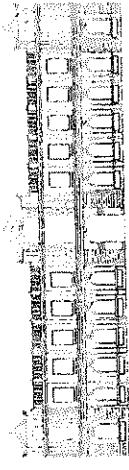
Santiago, julio 09 de 2014



p.p. Florencio Espinoza M.

Dr. Miguel Allende C.
Director Proy. FONDAP CRG 15090007

CENTRO FONDAP DE
REGULACION DEL GENOMA



Las Palmeras 3425 - Casilla 653 - Santiago - Chile - Teléfono: (56-2) 9787226 - Fax: (56-2) 2712983