

IKAROS

Especificaciones :



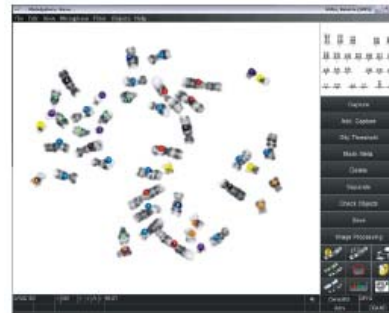
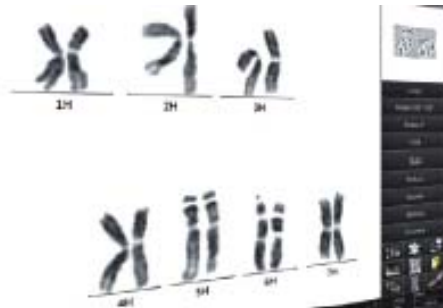
Cámara:

- Resolución: 1360 x 1024 pixels (SXGA) , 1,4Mpixel
- Sensor (CCD) : 2/3", pixeles cuadrados de 6,45 micrones x 6,45 micrones, monocromo
- Velocidad: 15 imágenes por segundo (15 fps) a resolución completa
- Profundidad de Digitalización: 12 Bits
- Capacidad Electrónica de Pozo (Full Well Capacity): 17000 e (17.000 electrones)
- Memoria Interna: 32 Mbyte
- Interfaz: USB

Ikaros:

- El software de Cariotipo debe efectuar adquisición, mejoramiento y procesamiento de imágenes, separación de cromosomas y armado del cariotograma. Adicionalmente, el sistema debe incluir software (base de datos) que concentre toda la información generada, incluyendo datos de paciente, archivos de imagen y estadísticas, así como un editor gráfico para la generación de reportes clínicos.
- El software de Cariotipo debe ser capaz de armar automáticamente el cariotograma de metafases preparadas con todos y cada uno de los métodos de tinción abajo descritos :
 - Bando G-/GTG [Giemsa]
 - Bando R-/RHG [Reverso]
 - Bando C-/CBG [Centromérico]
 - Bando Q-/QFQ [Quinacrina]
 - Bando FR-fluorescente R-/RHG [Fluorescencia Reversa].

- El software de cariotipo debe disponer de función de zoom sobre la imagen, que ha de ser ajustable entre 40% y 500% del tamaño original de la imagen.
- La imagen bruta original adquirida durante el escaneo debe ser accesible durante todas las fases del procesamiento y análisis. Como garantía de trazabilidad del análisis, la imagen bruta original no debe poder sufrir modificación (o sobreescritura) alguna que imposibilite su visualización posterior en el estado original de captura. Todos los pasos del mejoramiento y el procesado de la imagen han de ser salvados, por consiguiente, como metadatos que no alteren la imagen bruta original.
- El software de Cariotipo debe incluir settings predefinidos de procesamiento (nitidez, contraste, niveles de gris) para cada uno de los tipos de tinción arriba especificados.
- El software de cariotipo debe disponer de función de corrección o “paso atrás” (i.e., “undo”) ilimitada, hasta el nivel de la imagen bruta original.



- El software de Cariotipo debe incluir un mínimo de 10 plantillas de cariograma humano diferentes y adaptables.
- Dos años de actualizaciones gratuitas para todos los programas
- Durante el trabajo sobre la vista de Metafase, se debe poder visualizar simultáneamente el estado actual de la pantalla de Cariograma. Recíprocamente, desde la pantalla del Cariograma se debe poder visualizar simultáneamente la vista de Metafase.
- Los niveles de nitidez y de contraste se pueden aplicar de forma automática o manual. Éstos, tanto manuales como automáticos, deben ser ajustables para las diferentes tinciones empleadas (e.g., Giemsa, Quinacrina, Reverso de Fluorescencia, etc) y, una vez optimizado su ajuste, deben poder ser guardados como settings para cada uno de los tipos de tinción.
- El análisis de todas las células (Metafases) de un mismo Caso debe poder ser hecho de forma simultánea por diferentes usuarios en más de una estación de análisis, a fin de aumentar la eficiencia del laboratorio. → Un usuario no bloquea un Caso durante su procesamiento.

-El sistema de Gestión de Datos de Paciente ha de proveer una estructura jerárquica concordante con los estándares de citogenética, fundamentada en e incluyendo los siguientes niveles de organización: 1-Caso clínico, 2-Cultivos de un Caso, 3-Láminas de un Cultivo, 4-Células de una Lámina

Debe ser posible editar las plantillas existentes y crear nuevas plantillas, así como incluir cromosomas marcadores o supranumerarios en éstas y representar en ellas distintos niveles de poliploidía.

El software de Cariotipo debe tener funcionalidad de comparación de más de un Cariograma dentro de un único caso y entre casos distintos.

- Conteo automático y manual de cromosomas. Representación de idiogramas (ISCN 2009) en el Cariograma a diferentes resoluciones de bandeó.

Actualización automática de la fórmula del cariotipo durante el proceso de separación.

- Extracción automática de las aberraciones numéricas y estructurales (según nomenclatura de ISCN, 2009) de los cariotipos de un mismo caso.

-La Lista de los resultados del análisis de un caso, incluyendo el Cariotipo y las Aberraciones encontradas en cada célula debe poder ser exportada a un archivo de extensión “.TXT”.

-Debe ser posible ocultar los cromosomas sexuales de las imágenes exportadas así como de los reportes clínicos, si así lo desea el usuario.

-Las fichas de datos de paciente y del caso deben poder ser totalmente personalizables. El sistema de gestión de datos de paciente debe posibilitar la búsqueda de cualquiera de los campos creados en la ficha del paciente o del.

-Todas las aberraciones (tanto numéricas como estructurales) presentes en un caso deben poder ser seleccionadas desde una lista y asignadas a cualquier célula con un sólo click.

