

Parametry techniczne**Zestaw NGS do sekwencjonowania krótkich odcinków genu i genomu**

Urządzenie do wysokoprzepustowego sekwencjonowania nowej generacji (NGS) opartej na technologii syntezy, dające krótkie, ale precyzyjne odczyty; wraz ze stacją sterującą

Lp.	Opis	Ilość
1.	<ul style="list-style-type: none"> Sekwenator technologii następnej generacji Źródło wzbudzania system musi wykorzystywać technologię energooszczędną i trwałą (np. diody LED). Zintegrowane w urządzeniu moduły do amplifikacji, odczytu sekwencji oraz analizy danych. Detekcja sygnału oparta na technologii fluorescencyjnej, półprzewodnikowej lub równoważnej, zapewniającej wysoką szybkość i dokładność odczytu (Q30 zgodnie z wymaganiami). Etap denaturacji bibliotek musi być automatyczny na pokładzie aparatu. Zautomatyzowana amplifikacja klonalna na pokładzie urządzenia, niewymagająca wykonania reakcji emulsyjnego PCR. Cykl amplifikacji i sekwencjonowania nie wymagający ręcznych manipulacji oraz dodatkowych urządzeń. Cykle amplifikacji i sekwencjonowania powinny być w pełni zautomatyzowane, także w trybie sekwencjonowania sparowanych odczytów fragmentów DNA. inimum Długość odczytu w zakresie od 1 × 100 par zasad do minimum 2 × 300 par zasad w trybie sparowanych odczytów fragmentów DNA . Możliwość uzyskania odczytów 2 × 500 par zasad stanowi parametr pożądaný w celu osiągnięcia maksymalnej długości odczytu. Seqwencjonowanie typu sparowanych odczytów fragmentów DNA niewymagające fizycznej zmiany orientacji komórki przepływowej. System musi umożliwiać wygenerowanie minimum 20Gb danych o wysokiej jakości (zgodnie ze wskaźnikiem Q30 lub równoważnym dla danej technologii) w ramach jednego cyklu pracy (biegu) urządzenia, w trybie odczytów sparowanych. 	1

	<ul style="list-style-type: none"> Minimalna wymagana liczba odczytów generowana w jednym cyklu pracy urządzenia: <ul style="list-style-type: none"> 75 milionów w trybie pojedynczych odczytów 150 milionów w trybie sparowanych końców Dokładność odczytu, określona parametrem Q30 (lub ekwiwalentem dokładności surowego odczytu na poziomie min. 99%) minimum: <ul style="list-style-type: none"> 1 × 100 par zasad > 85% 2 × 150 par zasad > 85% 2 × 300 par zasad > 80% 2 × 500 par zasad > 80% – parametr pożądaný (dotyczy systemów oferujących taką długość odczytu). Wymagana czułość detekcji fluorescencji na analizę próbki materiału genetycznego w ilości poniżej 50 ng przy zastosowaniu dedykowanych odczynników do przygotowania bibliotek. Zamawiający dopuszcza systemy z odczynnikami wymagającymi mrożenia, jednak premiowane będą rozwiązania minimalizujące czas przygotowania aparatu. Brak konieczności przestrzegania określonych terminów procedury płukania sekwenatora. System musi być wyposażony w wewnętrzne (obecne na pokładzie urządzenia) rozwiązanie informatyczne umożliwiające szybką i precyzyjną analizę drugorzędową otrzymanych wyników w postaci rozwiązania sprzętowego oraz analitycznego. Rozwiązanie informatyczne umożliwia minimum: konwersję plików surowych do formatu FASTQ lub równoważnego, przyrównanie odczytów do sekwencji referencyjnej (BAM/SAM) oraz wykrywanie wariantów (VCF). Wymagane aplikacje obsługiwane przez system: <ul style="list-style-type: none"> Transkryptomika – analiza ekspresji genów, celowane resekwencjonowanie, panele genowe RNA, analiza mRNA oraz total RNA. Mikrobiologia – WGS małych genomów, detekcja patogenów, metagenomika 16S rRNA oraz „shotgun”. Resequencjonowanie celowane amplikonów, enrichment – DNA, cDNA, analizy związane z edycją genomu, badanie repertuaru immunologicznego. 	
--	--	--

	<ul style="list-style-type: none"> ○ Kontrola jakości bibliotek DNA. • Zintegrowany, elektroniczny system sterujący z wbudowanym dotykowym ekranem full HD • Urządzenie nabladowe, suma trzech wymiarów (szerokość + głębokość + wysokość) ≤ 200 centymetrów, waga ≤ 70 kilogramów. • Załączony pakiet odczynników startowych. • Statyw magnetyczny kompatybilny z probówkami typu Eppendorf 1.5/2.0 mililitra oraz 0.2 mililitra. • Szkolenie użytkowników dotyczące obsługi urządzenia i programów w siedzibie zamawiającego • Gwarancja minimum 24 miesiące od daty instalacji. 	
2.	<p>Aparat do sekwencjonowania metodą Sangera</p> <ul style="list-style-type: none"> • Aparat ma być przeznaczony do rozdziału elektroforetycznego fragmentów DNA metodą kapilarną umożliwiającą sekwencjonowanie i analizę długości fragmentów DNA. • Dokładność odczytu przy sekwencjonowaniu min. $\geq 98,5\%$, dokładność odczytu przy analizie fragmentów 99,99%. • Aparat musi być wyposażony w panel dotykowy, możliwość obsługi aparatu z pozycji panelu dotykowego jak i komputera • Aparat co najmniej 4 kapilarowy • Minimalna wydajność jednostkowa modułu rozdzielczego lub zestawu odczynników: nie mniej niż 120 iniekcji, co musi przekładać się na minimum 480 analiz przy wykorzystaniu aparatu 4-kapilarowego” • system musi umożliwiać elastyczne dopasowanie ilości zużywanych odczynników do aktualnego zapotrzebowania laboratorium, np. poprzez dostępność zestawów odczynnikowych o różnej wydajności lub możliwość dozowania odczynników z opakowań zbiorczych bez strat wynikających z ich przeterminowania w aparacie • Wymagana jedna uniwersalna długość kapilary, wykorzystywana zarówno do sekwencjonowania jak i analizy fragmentów 	1

	<ul style="list-style-type: none"> • Możliwość przechowywania odczynników w wyłączonym aparacie przez co najmniej 30 dni bez konieczności ich wyjmowania po zakończeniu pracy aparatu • Zapewnienie równoczesnej detekcji co najmniej 6 różnych sygnałów fluorescencji w jednej kapilarze • Automatyczny podajnik na 96 próbek • Możliwość pracy na płytkach 96 dołkowych jak i 8-probówkowych stripach • Wymagana możliwość ustalania kolejności próbek pobieranych z płytki • Konieczna możliwość pobierania próbek do analizy sekwencjonowania jak i analizy fragmentów DNA umieszczonych na jednej płytce • Monitorowanie statusu zużycia odczynników, daty ich ważności, ilości pozostałego odczynnika itp. system ostrzega o kończącej się dacie ważności odczynników, ale umożliwia dalszą pracę z ich wykorzystaniem; aparat powinien być wyposażony w system RFID • Możliwość autokalibracji systemu - system niewymagającego przeprowadzania kalibracji przez użytkownika • Możliwość przyłączenia urządzenia do Wi-Fi lub sieci LAN • Możliwość zdalnego monitorowania oraz kontrolowania urządzenia • Aparat ma pozwalać na pracę w formule stand-alone, bez konieczności sterowania z komputera. • Wewnętrzna pamięć aparatu pozwalająca przechowywać dane z co najmniej 14 000 runów • Możliwość stosowanie wielu różnych zestawów do sekwencjonowania (do matryc krótkich, do matryc długich) • Możliwość zastosowania polimeru uniwersalnego do sekwencjonowania i analizy fragmentów • Wymagany zestaw komputerowy: komputer z najnowszą dostępną na rynku wersją oprogramowania konieczną do sterowania urządzeniem, kolekcji danych, analizy sekwencji DNA, wykrywanie mutacji, oznaczenie heterozygotyczności • Instrukcja obsługi w pełnej wersji w języku angielskim • Instalacja ma być przeprowadzona przez autoryzowany serwis producenta 	
--	---	--

	<ul style="list-style-type: none">Szkolenie użytkowników: jedno- lub dwudniowe szkolenie aplikacyjne w siedzibie zamawiającego	
--	--	--



Rzeczpospolita
Polska

Sfinansowane przez
Unię Europejską
NextGenerationEU

