

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

Zestaw NGS do sekwencjonowania krótkich odcinków genu i genomu składający się z:

1. Sekwenator NGS

- Zintegrowane w urządzeniu moduły do amplifikacji, odczytu sekwencji oraz analizy danych
- Sekwencjonowanie przez syntezę z wykorzystaniem dwukanałowej chemii w detekcji nukleotydów
- Etap denaturacji bibliotek w urządzeniu
- Zamknięty obieg odczynników w obrębie jednego kartridża oraz brak konieczności płukania urządzenia po każdej reakcji
- Cykl amplifikacji i sekwencjonowania nie wymagający ręcznych manipulacji oraz dodatkowych urządzeń
- Amplifikacja klonalna w urządzeniu
- Cykle amplifikacji i sekwencjonowania w pełni zautomatyzowane również w trybie sparowanych odczytów (paired-end)
- Długość odczytu w zakresie od 1x100pz do 2x300 pz. Sekwencjonowanie typu paired end niewymagające fizycznej zmiany orientacji komórki przepływowej
- Wydajność urządzenia w jednym cyklu pracy (liczba par zasad DNA odczytywana w jednej reakcji urządzenia z wykorzystaniem pojedynczej komórki przepływowej) minimum 20 Gb w trybie sparowanych odczytów
- Minimalna liczba odczytów generowana w jednym cyklu pracy urządzenia przy wykorzystaniu jednej komórki przepływowej
 - 50 mln w trybie pojedynczych odczytów
 - 100 mln w trybie sparowanych końców
- Dokładność odczytu przy parametrze Q30
 - 1x100 bp minimum 90 %
 - 2x 150bp minimum 90%
 - 2x300bp minimum 85%
- Możliwa analiza próbek poniżej stężenia 50ng przy zastosowaniu dedykowanych odczynników do przygotowania bibliotek
- Zestawy do sekwencjonowania nie wymagające transportu w suchym lodzie oraz przechowywania w lodówce/ zamrażarce
- Statyw magnetyczny typu MM-separator- min. 24 pozycyjny (na próbki 1,5ml i 2 ml)
- System wyposażony w wewnętrzne obecne na pokładzie urządzenia rozwiązania bioinformatyczne umożliwiające analizę drugorzędową
- Aplikacje obsługiwane przez system
 - transkryptomika – analiza ekspresji genów, celowane resekwencjonowanie -panele genomowe RNA, analiza mRNA, oraz total RNA
 - mikrobiologia – WGS, małych genomów, detekcja patogenów, metagenomika 16S rRNA oraz shotgun
 - resekwencjonowanie celowanie ampikonów, enrichment- DNA cDNA
 - kontrola jakości bibliotek DNA



Rzeczpospolita
Polska

Sfinansowane przez
Unię Europejską
NextGenerationEU



- System z wbudowanym dotykowym ekranem full HD
 - Waga do 50 kg
 - maksymalne wymiary 50 cm x 50 cm x 50 cm
2. Stacja sterująca o minimalnych wymaganiach:
- odpowiedni procesor i system operacyjny zapewniający bezproblemową pracę urządzenia, wykorzystanie jego wszystkich możliwości oraz obróbkę i archiwizację danych
 - monitor LCD co najmniej 24" - min. 2 szt.
 - dysk min. 1 TB SSD
 - RAM min. 16GB
 - klawiatura i mysz
3. Zestaw odczynników startowych do sprawdzenia analiz
- Odczynniki do przygotowania bibliotek DNA (minimum 100 prób) do sekwencjonowania multipleksowego
 - Kity do sekwencjonowania od 5 do 25 mln odczytów
 - Kontrola jakości reakcji
 - Zestaw ułatwiający pipetowanie pomagający w precyzyjnym ułożeniu probówek z primerami indeksowanymi
4. Usługi informatyczne
- platforma bioinformatyczna działająca w chmurze do zarządzania, analizy i przechowywania danych z sekwencjonowania NGS
 - możliwość przesyłania danych z sekwenatora do platformy obliczeniowej
 - dostęp do gotowych procedur umożliwiających analizę drugorzędową między innymi dla: RNA-Seq, WGS, 16S rRNA
 - wraz z licencją, pakiet minimum 1250 punktów pozwalających na analizy drugorzędowe i przechowywanie danych