|  |
| --- |
| **ZAŁĄCZNIK NR 2A** |

Wykonawca:

…………………………………………………………………

*(pełna nazwa/firma, adres, w zależności od podmiotu: NIP/PESEL, KRS/CEiDG)*

reprezentowany przez:

…………………………………………………………………

*(imię, nazwisko, stanowisko/podstawa do reprezentacji*

**SZCZEGÓŁOWY OPIS MINIMALNYCH PARAMETRÓW TECHNICZNYCH w zakresie części 1**

**System do sekwencjonowania nowej generacji umożliwiający genotypowanie przez sekwencjonowanie – zestaw**

**System automatyzacji i przygotowania bibliotek prób do systemu do sekwencjonowania**

Zamawiający odrzuci ofertę, której minimalne parametry techniczne nie będą spełniały wymagań opisu przedmiotu zamówienia.

W celu potwierdzenia parametrów technicznych oferowanego urządzenia, Wykonawca do  oferty dołączy kartę katalogową producenta lub opis techniczny producenta urządzenia, potwierdzający zgodność oferowanych parametrów technicznych z wymaganiami Zamawiającego określonymi w szczegółowym opisie przedmiotu zamówienia

**UWAGA!** Wykonawca jest zobowiązany podać dokładny opis oferowanego urządzenia w prawej kolumnie tabeli „szczegółowy zakres przedmiotu zamówienia oferowany przez Wykonawcę”.

**POZ. 1**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **LP** | **MINIMALNY ZAKRES PRZEDMIOTU ZAMÓWIENIA WYMAGANY PRZEZ ZAMAWIAJĄCEGO** | **PARAMETRY OFEROWANE PRZEZ WYKONAWCĘ** **(Wykonawca wypełnia wpisując konkretne parametry oferowanego urządzenia zgodne z wymaganiami Zamawiającego** |
| **Wyposażenie w ramach projektu pn. „Centrum kliniczne B+R medycyny i hodowli zwierząt oraz ochrony klimatu”:****System do sekwencjonowania nowej generacji umożliwiający genotypowanie przez sekwencjonowanie –zestaw****Producent: …………………………………………………………………………………………………………………………………………..****Typ: …………………………………………………………………………………………………………………………………………………….** |
| **I Urządzenie** |
| 1. | W pełni zautomatyzowany proces sekwencjonowania próbek oczyszczonych kwasów nukleinowych wraz z uzyskaniem wyników i ich analizą. |  |
| 2 | Sekwencjonowanie bibliotek uzyskanych metodami automatyczną lub manualną. |  |
| 3 | Możliwość zastosowania następujących analiz/aplikacji:1. sekwencjonowanie genomów,
2. sekwencjonowanie targetowe exomów (eksomów),
3. sekwencjonowanie targetowe genów,
4. sekwencjonowanie targetowe RNA,
5. sekwencjonowanie całego transkryptomu RNA,
6. sekwencjonowanie mRNA,
7. analiza small-RNA,
8. wykrywanie wariantów DNA poprzez sekwencjonowanie targetowe (Genotyping-by-Sequencing – GBS),
9. wykrywanie wariantów DNA poprzez sekwencjonowanie exomu,
10. metagenomika;
 |  |
| 4 | Możliwość uzyskania wyniku badania GBS dla próbek niskiej zawartości DNA od 10 ng |  |
| 5 | Skalowalność eksperymentów - przeprowadzenie analiz o różnej skali (różna liczba próbek) bez zbędnej straty odczynników/komponentów wykorzystywanych do analizy |  |
| 6 | Możliwa ilość odczytów (number of reads) na jeden RUN – do 100 mln |  |
| 7 | Możliwa długość odczytów (read length) - analiza sekwencji długości do 500 bp. |  |
| 8 | Analiza SNP, indeli, CNV, aneuploidii i ekspresji genów. |  |
| 9 | Analiza dostępnych, gotowych, dedykowanych paneli markerów SNP dla zwierząt gospodarskich i towarzyszących do identyfikacji osobniczej i weryfikacji rodzicielstwa (kontroli rodowodów – parentage control) oraz do analizy cech i chorób genetycznych dla takich gatunków jak: bydło, koń, owca, pies, kot; dla bydła, psów i kotów do identyfikacji osobniczej i weryfikacji rodzicielstwa – panele markerów SNP rekomendowanych przez ISAG. |  |
| 10 | System detekcji niezależny od optyki (nie wymaga użycia optyki) - sekwencjonowanie w oparciu o  półprzewodnikową technologię pomiaru. |  |
| 11 | Analiza DNA i RNA paneli samodzielnie projektowanych dla różnych gatunków i różnych metod/aplikacji. |  |
| 12 | Kompatybilność z urządzeniem do przygotowania bibliotek polegająca na przesyłaniu danych technicznych oraz danych o próbkach pomiędzy urządzeniem a sekwenatorem. Możliwość kontroli pracy obu urządzeń przy pomocy jednego dedykowanego oprogramowania. Oprogramowanie ma przechowywać informacje o automatycznym przygotowaniu próbek (DNA lub RNA 🡪 biblioteka) do momentu archiwizacji lub usunięcia przez użytkownika. |  |
| 13 | Urządzenie typu UPS wraz z niezbędnymi modułami bateryjnymi podtrzymujące pracę sekwenatora przy braku zasilania sieciowego, przy najwyższym obciążeniu, przez co najmniej 15 minut, kompatybilne z sekwenatorem, z pełną stabilizacją sinusoidy. |  |
| 14 | Zestaw startowy zawierający odczynniki umożliwiające instalację, sprawdzenie poprawności działania sekwenatora wraz z urządzeniami pomocniczymi oraz przeprowadzenie i sprawdzenie poprawności całego protokołu od pomiaru stężenia próbek DNA lub RNA do etapu odczytu i analizy wyników. Zestaw ma umożliwić sprawdzenie skalowalności urządzenia oraz sprawdzenie długości odczytu do min. 400 par zasad w sekwencji. |  |
| **II. Oprogramowanie** |
| 1 | Oprogramowanie z dożywotnią (bezterminową) licencją umożliwiające ustawienie/przygotowanie analizy oraz kompleksową analizę otrzymanych wyników dla wszystkich możliwych typów analiz/metod. |  |
| 2 | Wewnętrzna jednostka do sterowania sekwenatorem z  wbudowanym w sekwenator panelem dotykowym. |  |
| 3 | Wykonawca zapewni zdalne wsparcie / obsługę bioinformatyczną w zakresie obsługi oprogramowania, planowania i projektowania eksperymentu, optymalizacji procesu sekwencjonowania i analizy wyników, do  wykorzystania w okresie pierwszych dwóch lat  użytkowania sekwenatora (licząc od daty podpisania protokołu odbioru), w wymiarze nie  mniejszym niż 10 godz. Wsparcie/obsługa bioinformatyczna zdalna lub  w  siedzibie Zamawiającego. |  |

**Poz. 2**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **LP** | **MINIMALNY ZAKRES PRZEDMIOTU ZAMÓWIENIA WYMAGANY PRZEZ ZAMAWIAJĄCEGO** | **PARAMETRY OFEROWANE PRZEZ WYKONAWCĘ** **(Wykonawca wypełnia wpisując konkretne parametry oferowanego urządzenia zgodne z wymaganiami Zamawiającego** |
| **Wyposażenie w ramach projektu pn. „Centrum kliniczne B+R medycyny i hodowli zwierząt oraz ochrony klimatu”:****System automatyzacji i przygotowanie bibliotek prób do systemu do sekwencjonowania****Producent: ……………………………………………………………………………………………………………………………………………….****Typ: …………………………………………………………………………………………………………………………………………………………****UWAGA! Urządzenie musi być kompatybilne z sekwenatorem. Kompatybilność ma polegać na  komunikowaniu się urządzeń za pomocą dedykowanego oprogramowania.**  |
| 1. | Urządzenie musi umożliwiać automatyczne przygotowanie i procesowanie bibliotek NGS dedykowanych do sekwenatora (odpowiednie adaptery). |  |
| 2 | Automatyczne przygotowanie bibliotek, w  tym  przygotowanie matryc i ładowanie materiału do  chipów kompatybilnych z sekwenatorem. |  |
| 3 | Bezobsługowe wzbogacanie i oczyszczanie bibliotek. |  |
| 4 | Monitoring próbek i odczynników. |  |
| 5 | Wewnętrzna jednostka do sterowania stacją z  wbudowanym w stację panelem dotykowym. |  |
| 6 | Wbudowany blok termocyklera. |  |
| 7 | Wbudowane niezbędne wirówki pozwalające na  przygotowanie bibliotek bez używania zewnętrznych wirówek. |  |
| 8 | Wbudowana lampa UV do sterylizacji. |  |
| 9 | Czas przygotowania stacji do pracy nie dłuższy niż 1 godzina. |  |

|  |
| --- |
| ............................, dnia ................................. |
|  |