## Załącznik nr 2 do SWZ

Nr postępowania: ZP/9/2024

**Opis przedmiotu zamówienia**

**Po modyfikacji w dniu 29.01.2024 r.**

Producent:…………………………

Model:……………………………..

Rok produkcji:………………….(nie wcześniej niż 2022)

Tabela Wykaz parametrów wymaganych i oferowanych

| Lp. | Parametry wymagane | Parametry oferowane |
| --- | --- | --- |
|  | System do sekwencjonowania NGS (next-generation sequencing) o szerokim spektrum zastosowania, do wykorzystania w co najmniej następujących aplikacjach:  • analiza komercyjnych i autorskich paneli genowych typu DNA-Seq i RNA-Seq,  • resekwencjonowanie celowane klonów, amplikonów, enrichmentu (DNA, cDNA),  • resekwencjonowanie małych genomów – mikroorganizmy (DNA),  • metagenomika (sekwencjonowanie 16S rRNA),  • celowane profilowanie ekspresji genów,  • sekwencjonowanie małych RNA,  • sekwencjonowanie mRNA w trybie sparowanych końców. |  |
|  | Zintegrowane w jednym urządzeniu moduły do amplifikacji klonalnej i odczytu sekwencji przy użyciu jednego zintegrowanego zestawu odczynników  Zamawiający dopuszcza urządzenie w którym są zintegrowane moduły do amplifikacji klonalnej i odczytu sekwencji, zachodzące przy użyciu jednego kompletnego zestawu odczynników obejmującego następujące elementy: kartridż odczynnikowy, pojemnik z buforem oraz flow cell |  |
|  | Sekwencjonowanie przez syntezę w technologii opartej na odwracalnych terminalnych zasadach DNA |  |
|  | Minimum dwa tryby pracy, w tym minimum:  • tryb naukowy (RUO),  • tryb diagnostyczny (CE IVD). |  |
|  | Zautomatyzowana, niewymagająca ingerencji użytkownika aparatu, izotermiczna amplifikacja na fazie stałej (komórka przepływowa), prowadząca do wytworzenia macierzy klastrów cząsteczek klonalnych |  |
|  | Cykl amplifikacji i sekwencjonowania nie wymagający ręcznych manipulacji oraz dodatkowych urządzeń |  |
|  | Brak konieczności wykonania reakcji emulsyjnego PCR – amplifikacja klonalna w urządzeniu |  |
|  | Cykle amplifikacji i sekwencjonowania, również w trybie sparowanych końców w pełni zautomatyzowane |  |
|  | Długość odczytu w zakresie minimum: od 1 x 36pz do maksimum 2 x 300 pz |  |
|  | Sekwencjonowanie w trybie sparowanych końców niewymagające fizycznej zmiany orientacji komórki przepływowej |  |
|  | Maksymalna wydajność urządzenia w jednym cyklu pracy (liczba odczytywanych par zasad DNA) nie mniejsza niż 13 Gb w trybie sparowanych końców |  |
|  | Maksymalna liczba odczytów generowana w jednym cyklu pracy urządzenia minimum:  • 22 mln w trybie pojedynczych odczytów,  • 44 mln w trybie sparowanych końców. |  |
|  | Dokładność odczytu Q30 dla standardowej biblioteki testowej producenta w trybie sparowanych końców dla długości odczytu 2 × 150 bp > 75% |  |
|  | Generowanie wyników w postaci plików FASTQ |  |
|  | Zestaw odczynników niezbędny do uruchomienia systemu |  |
|  | Wykonanie kwalifikacji IQ i OQ |  |
|  | Dostępność flow cell zapewniającej możliwość przeprowadzania reakcji o wydajności z zakresu  od minimum 0,5 Gb do 1,2 Gb |  |
|  | Dostępność flow cell zapewniających uzyskanie poniżej 10 mln odczytów w trybie sparowanych końców w pojedynczej reakcji |  |
|  | Zintegrowany komputer sterujący z wbudowanym ekranem dotykowym LCD oraz zainstalowanym systemem operacyjnym kompatybilnym z infrastrukturą zamawiającego. |  |
|  | Urządzenie nablatowe o masie poniżej 60 kg |  |
|  | Certyfikat CE IVD |  |
|  | Autoryzowany serwis gwarancyjny i pogwarancyjny |  |
|  | Gwarancja minimum 24 miesiące na całość |  |

Opis przedmiotu zamówienia – Załącznik nr 2 do SWZ musi być podpisany kwalifikowanym podpisem elektronicznym lub podpisem zaufanym lub podpisem osobistym.