**Część III SIWZ**

# OPIS PRZEDMIOTU ZAMÓWIENIA

***„Dostawa aparatu i osprzętu do przeprowadzania sekwencjonowania nowej generacji – NGS dla PUM w Szczecinie”***

**DZ-262-17/2017**

1. Przedmiotem zamówienia jest dostawa aparatu i osprzętu do przeprowadzania sekwencjonowania nowej generacji – NGS dla Pomorskiego Uniwersytetu Medycznego w Szczecinie.
2. Opis systemu:

* System sekwencjonowania następnej generacji (NGS)
* Urządzenie fabrycznie nowe
* Wymiary urządzenia nie przekraczające: 60 cm x 100 cm x 100 cm (szer. x dł. x wys.)
* Masa urządzenia nie przekraczająca: 100 kg
* W urządzeniu zintegrowane moduły: do amplifikacji, odczytu sekwencji oraz analizy danych.
* Sekwencjonowanie przez syntezę.
* Zautomatyzowana, niewymagająca ingerencji użytkownika aparatu, izotermiczna amplifikacja na fazie stałej (na powierzchni ścian komórki przepływowej), prowadząca do wytworzenia macierzy klastrów cząsteczek klonalnych.
* Amplifikacja klonalna przebiega na pokładzie sekwenatora.
* Cykl amplifikacji i sekwencjonowania nie wymagający ręcznych manipulacji oraz dodatkowych urządzeń.
* Brak konieczności wykonania reakcji emulsyjnego PCR.
* Długość odczytu w zakresie od co najmniej 75 pz do co najmniej 2 x 150 pz.
* Sekwencjonowanie w trybie sparowanych końców, nie wymagające fizycznej zmiany orientacji komórki przepływowej.
* Maksymalna wydajność urządzenia w jednym cyklu pracy urządzenia (liczba par zasad DNA odczytywana w jednej reakcji urządzenia) nie mniej niż 7,0 Gb w trybie sparowanych końców.
* Liczba odczytów generowana w jednym cyklu pracy urządzenia w trybie wysokoprzepustowym: -nie mniej niż 20 mln w trybie pojedynczych odczytów, - nie mniej niż 40 mln w trybie sparowanych końców.
* Liczba odczytów generowana w jednym cyklu pracy urządzenia w trybie średniej przepustowości: -nie mniej niż 7 mln w trybie pojedynczych odczytów, -nie mniej niż 12 mln w trybie sparowanych końców
* Dokładność odczytu wynosząca Q30 dla co najmniej 80% uzyskanych danych przy analizie w trybie sparowanych końców 2x 150 pz.
* Urządzenie pozwala na sekwencjonowanie małego RNA, przeprowadzenie celowanego resekwencjonowania, wykonanie celowanego sekwencjonowania RNA, prowadzenie analiz mających na celu profilowanie nowotworów hematologicznych i guzów litych.
* Możliwość przeprowadzania kontroli sekwencjonowania, pozwalającego między innymi na sprawdzeniu właściwego przebiegu procesu dla każdego typu reakcji, poprzez dodanie do każdego sekwencjonowania biblioteki kontrolnej.

1. Wyposażenie dodatkowe:

* UPS:  
  Zasilacz awaryjny wyposażony co najmniej w 9 gniazd oraz zabezpieczenie przepięciowe. Wyposażony w złącza komunikacyjne RS232, USB oraz SmartSlot.  
  Moc co najmniej – 1980 W  
  Moc pozorna co najmniej – 2200 VA  
  Napięcie wejściowe [V] - 230  
  Napięcie wyjściowe [V] - 230  
  Kształt napięcia wyjściowego - Pełna sinusoida.
* Wytrząsarka szybkoobrotowa:  
  Zakres szybkości mieszania od maksymalnie 200 rpm do co najmniej 3000 rpm.  
  Zakres ogrzewania prób – od temperatury pokojowej do 99°C.  
  Możliwość programowania parametrów temperatury i szybkości wytrząsania.  
  Wbudowany timer.  
  Funkcja szybkiego mieszania.  
  Niezbędne wkłady:  
  Wkład do probówek typu Abgene 96/0.8 ml z zaokrąglonym dnem dołka.  
  Wkład do płytek do PCR typu Eppendorf #0030-128.672.  
  Wkład do mikropłytek 96 dołkowych typu Greiner, NUNC, Matrix.