

| Názov položky | Špecifikácia položky | Množstvo | Jednotková cena bez DPH | DPH | Cena bez DPH | Celková cena s DPH |
|---------------------------------------|---|----------|-------------------------|--------------|----------------|--------------------|
| Vysokovýkonný sekvenátor 2. generácie | <p>Prístroj určený na vysokoparalelné druhogeneračné celogenómové sekvenovanie s príslušenstvom na kalibráciu, testovanie a validáciu nastavení. Musí umožňovať analýzu aspoň 40 samostatných ľudských genómov v priemere aspoň s 30 násobným pokrytím genómu (teda aspoň 30 x 3 miliardy báz ľudského genómu = 90 Gbáz). Musí byť založený na princípe enzymatického sekvenovania syntézou komplementárneho vlákna s adíciou jediného nukleotidu v jednom cykle a na následnej detekcii fluorescenčného signálu. Aby bolo možné realizovať projekt, musí byť cena na sekvenovanie jedného človeka najviac 1700 EUR, teda s nízkymi nákladmi. Musí umožňovať párové čítanie jednotlivých fragmentov. Čítania musia byť o súvislej dĺžke 150 bázových párov, v párovom usporiadaní teda 2 x 150 bp. Kvalita volania báz pri 150 bp čítaniach nesmie byť nižšia ako 70% báz s PHRED skóre Q30 alebo vyššou. Jeden takto špecifikovaný beh nesmie byť dlhší ako 48 hodín. Musí mať flexibilitu použitia kratších čítaní pre niektoré aplikácie v projekte. V jednom behu musí byť schopný generovať aspoň 15 miliónov samostatných čítaní alebo viac. Je to esenciálna infraštruktúra pre realizáciu projektu. Musí umožňovať púšťanie rôznych typov knižníc, najmä fragmentových DNA knižníc, s použitím unikátnych sekvenčných indexov pre sekvenovanie viac vzoriek naraz.</p> <p>Kľúčové parametre prístroja:</p> <ul style="list-style-type: none">- enzymatické sekvenovanie syntézou komplementárneho vlákna po 1 báze v 1 cykle- fluorescenčná detekcia jednotlivých nukleotidov- možnosť párových čítaní fragmentov (paired end)- možnosť čítať nepretržité úseky o dĺžke 150 bázových párov ale aj kratších- v jednom behu generovanie aspoň 15 miliónov samostatných čítaní (ktoré prešli filtrovaním kvality)- schopnosť analyzovať 40 celých ľudských genómov s pokrytím genómu aspoň 30x v jednom behu prístroja (aspoň 90 Gb)- aspoň 70% volaných báz s kvalitou Q30 (podľa PHRED kvalitatívneho score) alebo vyššou pri dĺžke čítania 150 bp- musí obsahovať efektívne riešenie na primárnu a sekundárnu analýzu sekvenovaných dát (najmä mapovanie k ľudskému genómu)- servisný kontrakt na 5 rokov <p>Príslušenstvo prístroja:</p> <ul style="list-style-type: none">- špeciálne zariadenia pre fragmentáciu DNA,- špeciálne prístroje na kontrolu kvality knižníc,- špeciálne inkubačné termostaty,- prístroje na nanášanie knižníc na sekvenačný čip | 1 | 1 585 450,00 € | 317 090,00 € | 1 585 450,00 € | 1 902 540,00 € |

V Bratislave, dňa 2024

IČO: