

Артикул №	Наименование на позицията/ спецификация	Количество
1	Високопроизводителен секвенатор за цялостно геномно, екзомно и транскриптомно секвениране, използващ новогенерационната технология на секвениране чрез синтез	
1.1	<p>Високопроизводителен секвенатор, използващ новогенерационната технология на секвениране чрез синтез</p> <p><u>Апаратът:</u></p> <ul style="list-style-type: none"> - да притежава капацитет на системата: едновременно секвениране от 1 до 384 проби; или секвениране на 48 човешки генома едновременно в едно пускане на апарата и върху до 2 флоу клетки; по отношение на производителността: от 160 Gb до не по-малко от 6000 Gb; 20 В (билиона) прочети за по-малко от 2 дни. - да може да работи с една или две флоу клетки едновременно, като с всяка флоу клетка да може да се работи независимо, позволяващо отделно пускане и спиране. - да осигурява напълно автоматизирано и осъществяващо се единствено на апарата секвениране от двата края на фрагмента (pair-end) без намеса на оператора; - да работи с предварително аликвотирани реактиви в касета, маркирана с радиочестотен идентификор за автоматично разпознаване на поставената касета от апарата; - да притежава оптична система - мултилазерна система с два лазера за възбуждане на флуорофори с дължини на вълната при 532 nm (максимална мощност 5 W) и 660 nm (5 W максимална мощност), трети лазер при 780 nm за фокусиране и четвърти лазер при 790 nm за изключително точно движение на XY етапа; една високопроизводителна сканираща камера с червени и 	1

зелени сензори, която да сканира и двата канала едновременно за бързо заснемане на флоу клетките;

- да притежава сензорен дисплей; вграден модул за генериране на клъстери и връзка с клаудинг система (интернет облачно хранилище) за съхранение, прехвърляне и анализ на данни;

- контролният софтуер на апарата да позволява определяне на базите и оценка на качеството и генериране на FASTQ файлове.

Технология на работа: – секвениране чрез синтез;

- секвениране на фрагменти с рамка на четене – 2 x 50 bp, 2 x 100 bp, 2 x 150 bp и 2 x 250 bp;

- технологията на секвениране да използва едновременното прибавяне на четирите нуклеотида на секвенционен цикъл, които са обратимо терминирани и флуоресцентно белязани, така методът значително намалява грешките и броя на пропуснатите варианти в хомополимерните нуклеотидни последователности;

- точността на секвениране, измерена по скалата на Фред, да може да достигне такива нива, че в рамките на един експеримент (run) минимум 75% от базите да имат стойност Q30 или повече от Q30 (при 2 × 150 bp).

Захранване: 220-240V променлив ток (VAC), 16 Ампера, 2500W; щепсел: Shuco CEE 7/3;

UPS система и допълнителна външна батерия към нея: максимална изходяща мощност 2700Watts/3000 VA; 200-240VAC; 50/60Hz; да осигурява работно време (средна мощност 1.8kW) поне 51 min; да осигурява работно време (пикова мощност 2.5kW) поне 34 min;

Приложения на апарата: цялостно геномно секвениране (от малки геноми до

	<p>цели човешки геноми); цялостно екзомно секвениране; таргетно ре-секвениране; de novo секвениране; секвениране на бисулфитно-обработена ДНК (methyl-seq); РНК секвениране; ChIP-Seq, и други (DIP-Seq, ATAC-Seq, TCR-Seq)</p> <p><u>Стартов пакет от реактиви и консумативи за пускане на апарата, включващ цялостно екзомно секвениране на 3 x 96 проби, геномно секвениране на 24 проби, РНК секвениране на 24 проби.</u></p>	
1.2.	<p>Сървърна биоинформатична платформа за ултра-бърз вторичен анализ на данни от следващо поколение секвениране (NGS)</p> <p><u>Биоинформатичната платформа за анализ на секвенционните данни да включва специализиран софтуер инсталиран в локален сървър;</u></p> <p>Сървър със следните минимални характеристики и възможност да поддържа обработката на данни генерирани от до 2 отделни секвенатора от следващо поколение, описани в артикул 1.1.</p> <ul style="list-style-type: none"> - процесор - Dual Intel® Xeon® Gold 6226 2.7GHz, 19MB Cache 12 Cores, LGA3647 server grade processors - системна памет - 256GB (8 x 32GB) DDR4-2666 ECC registered DIMM Micron 32GB DDR4-2666 ECC RDIMM - Chipset - PCH: Intel® C621, TDP 15W, BMC: ASpeed AST2500A2-GP, Embedded Graphics SoC: SiliconMotion SM768 - Bios - AMI - Дистанционно управление - IPMI 2.0 съвместимо - Изходи за системен вход / изход - 1 x 110-240V AC input; 1 x LAN1 (BMC/IPMI); 4 x USB 3.0; 1 x HDMI FHD output - Съхранение - PCIe NVMe: Micron 9300 max series 6.4TB NVMe U.2 SSD; SATA III SSD: Transcend 2.5“ 256GB SATAIII SSD - Етернет – две градени PCIe мрежови карти: Riser Card #0: 2 x PCIe x16 Gen 3.0 slots; Riser Card #1: 1 x PCIe x16 slot, 1x PCIe x8 slot, M.2 22110-M slot - Индикатори на системата - 1 x зелен LED за работеща система; 1 x зелен 	1

LED за работещ SSD

- Захранване - 200-240V; 11-9A, 50-60Hz; 1574W 1U medical grade AC/DC ATX power supply
- Температура на работа - 0°C до +40°C
- Влажност от 10% - 95%, без кондензация

Софтуерът да включва всички модули за инсталиране на локалния сървър, които са хардуерно-ускорени чрез използване на технология за реконфигурируемо програмиране на логически масив (FPGA).

- да използва алгоритми за геномни анализи, включително BCL конверсия, картиране и подравняване, сортиране и определяне на хаплотипни варианти
- анализ на новогенерационни секвенционни (NGS) данни от цели геноми, екзоми и РНК секвениране
- възможност за обработка на секвенционни данни от цял човешки геном при 30× покритие за около 25 минути
- възможност за обработка на секвенционни данни от цял човешки екзом при 100× покритие за около 8 минути
- да позволява откриване на малки варианти с висока аналитична чувствителност и специфичност
- напълно съвместим с NGS секвенатор, работещ на принципа на секвениране чрез синтез с капацитет не по-малко от 40 пълни човешки генома на едно пускане

Включени модули:

- детекция на герминативни мутации – NGS анализ от край до край (BCL → VCF), включващ усъвършенстван калибрационен модел за детекция на грешки за повишена точност на генотипиране
- детекция на соматични мутации – включва модели “само тумор” и “тумор-норма”, предназначени за откриване на соматични варианти в туморни проби
- РНК анализ - извършва транскрипционен анализ, започващ с откриване и подравняване на места за сплайсинг (splice junction), последван от бързо подравняване и картиране на места за сплайсинг, количествено определяне и

откриване на фузии

- генотипиране и популационен анализ – анализира варианти в множество геноми и голям брой проби с висока скорост и точност
- CNV анализ - извършва анализ на вариантите на броя копия (CNV) при герминативни и соматични екзоми и геноми
- метилационен анализ

Софтуерът да позволява осъществяване на качествен контрол и генериране на доклад, включващ показатели като;

- качествен контрол на подготовката на библиотеките
- качествен контрол на анализ
- демултиплексване
- дублирани прочити
- инструменти за процесирание на сурови данни, подобни на SAM/PICARD

Софтуерният лиценз да бъде предназначен за производителност минимум 100 000 GB или поне 1000 проби - 30xWGS съответстващ еквивалент.