

| Názov položky                         | Špecifikácia položky   | Množstvo | Jednotková cena bez DPH | DPH          | Celková cena s DPH |
|---------------------------------------|--|----------|-------------------------|--------------|--------------------|
| Vysokovýkonný sekvenátor 2. generácie | <p>Prístroj určený na vysokoparalelné umuňogenetické sekvenovanie s prístupom na kalibráciu, testovanie a validáciu nastavení. Musí umožňovať analýzu aspoň 40 samostatných ľudských génomov v priemere aspoň s 30 násobným pokrytím génomu (teda aspoň 30 x 3 miliardy báz ľudského génomu = 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 párovo 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 miliárd 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"><li>- enzymatické sekvenovanie syntézou komplementárneho vlákna po 1 báze v 1 cykle</li><li>- fluorescenčná detekcia jednotlivých nukleotidov</li><li>- možnosť párových čítaní fragmentov (paired end)</li><li>- možnosť čítať nepretržité úseky o dĺžke 150 bázových párov ale aj kratších</li><li>- v jednom behu generovanie aspoň 15 miliárd samostatných čítaní (ktoré prešli filtrovaním kvality)</li><li>- schopnosť analyzovať 40 celých ľudských génomov s pokrytím génomu aspoň 30x v jednom behu prístroja (aspoň 90 Gb)</li><li>- aspoň 70% volaných báz s kvalitou Q30 (podľa PHRED kvalitatívneho score) alebo vyššou pri dĺžke čítania 150 bp</li><li>- musí obsahovať efektívne riešenie na primárnu a sekundárnu analýzu sekvenačných dát (najmä mapovanie k ľudskému génomu)</li></ul> <p><b>Príslušenstvo prístroja:</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>-špeciálne zariadenia pre fragmentáciu DNA,</li><li>-špeciálne prístroje na kontrolu kvality knižníc,</li><li>-špeciálne inkubačné termostaty,</li><li>-prístroje na nanašanie knižníc na sekvenačný čip</li></ul> | 1        | 1 654 300,00 €          | 330 860,00 € | 1 985 160,00 €     |

V Bratislave, dňa.

pečiatka a podpis