Predmetom zákazky je dodávka a poskytovanie záručného a pozáručného servisu na tovar **„Vysokovýkonný sekvenátor 2. generácie“** - prístroj určený na vysokoparalelné druhogeneračné celogenómové sekvenovanie s príslušenstvom na kalibráciu, testovanie a validáciu nastavení.

**Vlastnosti prístroja:**

* 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).
* založený na princípe enzymatického sekvenovania syntézou komplementárneho vlákna s adíciou jediného nukleotidu v jednom cykle a na následnej detekcii fluorescenčného signálu. realizovateľnosť projektu, je závislá od ceny na sekvenovanie jedného človeka najviac 1700 EUR, teda s nízkymi nákladmi.
* umožňovanie párových čítaní 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.
* flexibilita 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.
* púšťanie rôznych typov knižníc, najmä fragmentových DNA knižníc, s použitím unikátnych sekvenčných indexov pre sekvenovanie viac vzoriek naraz.

 **Kľúčové parametre prístroja:**

 - 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 jedinom behu generovanie aspoň 15 miliárd 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 sekvenačných

 dát (najmä mapovanie k ľudskému genómu).

**Príslušenstvo prístroja:**

* špeciálne zariadenia pre fragmentáciu DNA,
* špeciálne prístroje na kontrolu kvality knižníc,
* špeciálne inkubačné termostaty,
* prístroje na nanášanie knižníc na sekvenačný čip.