**Образец № 2а**

**Таблица за техническо съответствие по артикули**

от обществена поръчка с предмет: „Доставка на апаратура – Високопроизводителен секвенатор за цялостно геномно, екзомно и транскриптомно секвениране, използващ новогенерационната технология на секвениране чрез синтез със сървърна биоинформатична платформа за ултра-бърз вторичен анализ на данни от следващо поколение секвениране (NGS), по споразумение Д01-285/17.12.2019г. с МОН за нуждите на НУКБПИ (Национален Университетски Комплекс за Биомедицински и Приложни Изследвания)”

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **№ артикул** | Наименование на артикули /спецификация/ | Съответствие да/не/по-добре | Описание на параметрите на предложения артикул | Марка производи-тел/модел | Произход |
| **1.1.** | **Високопроизводителен секвенатор, използващ новогенерационната технология на секвениране чрез синтез**Апаратът: - 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 B (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; eдна високопроизводителна сканираща камера с червени и 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 х 50 bp, 2 х 100 bp, 2 х 150 bp и 2 х 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 (VАС), 16 Ампера, 2500W; щепсел: Shuco CЕЕ 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 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)Стартов пакет от реактиви и консумативи за пускане на апарата, включващ цялостно екзомно секвениране на 3 х 96 проби, геномно секвениране на 24 проби, РНК секвениране на 24 проби. |  |  |  |  |
| **1.2.** | **Сървърна биоинформатична платформа за ултра-бърз вторичен анализ на данни от следващо поколение секвениране (NGS)**Биоинформатичната платформа за анализ на секвенционните данни да включва специализиран софтуер инсталиран в локален сървър; **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.- 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 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**Софтуеърът 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 процесиране 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.  |  |  |  |  |

**Забележка:**

**Таблицата за техническо съответствие по артикули се попълва, подписва и подпечатва на всяка страница, като приложение към техническото предложение.**

**Дата……………… ИМЕ И ФАМИЛИЯ: \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_**

**Подпис и печат[1]: \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_**

**[1] Документът се подписва от законния представител на участника, или от надлежно упълномощено лице.**