

Rozeznanie rynku

Zwracam się z prośbą o przesłanie informacji cenowych i technicznych na dostawę Sekwenatora wysokoprzepustowego do sekwencjonowania następnej generacji z wyposażeniem o parametrach najbardziej zbliżonych do niżej podanych:

Lp.	Opis parametrów	Wymagane minimalne parametry techniczne
1.	Typ urządzenia	Platforma do sekwencjonowania następnej generacji (NGS) metodą przez syntezę obejmująca zintegrowane moduły do amplifikacji, sekwencjonowania, odczytu, konwersji danych oraz analizy bioinformatycznej
2.	Amplifikacja	- zautomatyzowana, niewymagająca ingerencji użytkownika - na fazie stałej prowadząca do wytworzenia macierzy klastrow części cząsteczek klonalnych - układ klastrow uporządkowany - cykle amplifikacji i sekwencjonowania w pełni zautomatyzowane
3.	Cechy urządzenia	- odczynniki do amplifikacji, sekwencjonowania, zbiornik na zlewki oraz gniazdo na komórkę przepływową zintegrowane w formie pojedynczego, jednorazowego kartridża - wyposażonego w znacznik typu RFID o terminie przydatności co najmniej 6 miesięcy - zamknięty obieg odczynników w obrębie jednego kartridża zapobiegający kontaminacji - brak wymogu płukania aparatu po zakończeniu cyklu sekwencjonowania
4.	Funkcjonalność podstawowa	Zapewnia wykonanie różnych typów analiz genetycznych o typie sekwencjonowania następnej generacji (z ang. Next Generation Sequencing, NGS), w tym co najmniej: - sekwencjonowania celowanego panelami genowymi, - sekwencjonowania całoksomowego, - sekwencjonowanie całogenomowego - sekwencjonowania transkryptomu - sekwencjonowania epigenomu
5.	Parametry sekwencjonowania	- zapewnia sekwencjonowanie różnych długości odczytów w zakresie od 1x50pz do 2x300pz - wydajność urządzenia co najmniej do 540Gb na przebieg - dokładność odczytu Q30: $\geq 90\%$ uzyskiwanych danych w trybie odczytów 2x150par zasad oraz $\geq 85\%$ uzyskiwanych danych w trybie odczytu 2x300bp

znak sprawy

		- minimalna ilość materiału wyjściowego nie więcej niż 50ng
6.		Liczba odczytów generowana w jednym cyklu pracy urządzenia: - co najmniej do 1,8mld w trybie pojedynczych odczytów lub co najmniej do 3,6 mld sekwencji końcowych w trybie „paired-end”
7.		Czas sekwencjonowania: - nie dłuższy niż 45 godzin dla odczytu 2 × 150 bp
8.	Sterowanie i analiza danych	Sekwenator musi być wyposażony w wewnętrzne rozwiązanie informatyczne obejmujące jednostkę obliczeniową wraz z systemem operacyjnym i oprogramowaniem zapewniające co najmniej: - sterowanie urządzeniem oraz monitorowanie przebiegu sekwencjonowania - przetwarzanie danych pierwotnych generowanych przez sekwenator - demultipleksowanie próbek - mapowanie/wyrównywanie sekwencji do genomu referencyjnego, - sortowanie danych, - wykrywanie wariantów; - konwersję danych pierwotnych z przebiegu sekwencjonowania, w tym plików BCL do standardowych formatów wykorzystywanych w dalszej analizie NGS - generowanie i prezentację podstawowych parametrów kontroli jakości przebiegu - zapis oraz eksport danych do lokalizacji wskazanej przez Zamawiającego Wymienione funkcje muszą być realizowane lokalnie, bez konieczności korzystania z zewnętrznych zasobów obliczeniowych lub usług chmurowych. Wszystkie elementy programowe i licencje niezbędne do realizacji tych funkcji muszą być objęte zakresem dostawy i uwzględnione w cenie oferty.
9.		Minimalne parametry wbudowanej jednostki obliczeniowej: - pamięć RAM: min. 256 GB - dysk SSD: min. 3,5 TB - system operacyjny typu Linux lub równoważny - brak konieczności zakupu dodatkowych licencji systemowych

znak sprawy

10.	Aplikacje	Co najmniej: - sekwencjonowanie total RNA - co najmniej 36 prób/ 50mln par odczytów/próbę/200cykli - sekwencjonowanie transkryptomu co najmniej do 72 prób/25mln par odczytów/próba/200cykli - sekwencjonowanie ludzkiego egzomu (WES)- nie mniej niż 40 prób przy średnim pokryciu 100x - multipleksowanie próbek-dostępne do 384 barkodów
11.	UPS	wymagany
12.	Zasilanie	Sieciowe jednofazowe zgodnie z normą PN-IEC 60038
13.	Inne wymagania	Wszystkie oferowane funkcjonalności, parametry i funkcje urządzenia są aktywne i dostępne w pełnym zakresie od momentu dostawy oraz pozostaną w pełni dostępne przez cały okres użytkowania urządzenia, bez konieczności dokonywania dodatkowych opłat licencyjnych, aktywacyjnych, serwisowych lub czasowych, a jeżeli do prawidłowego działania lub wykorzystania którejkolwiek z deklarowanych funkcji wymagane jest dodatkowe oprogramowanie, sterowniki, przewody komunikacyjne lub inny element sprzętowy, wszystkie te składniki muszą być uwzględnione w cenie oferty i dostarczone Zamawiającemu z prawem nieograniczonego w czasie użytkowania
14.	Oznaczenie znakiem CE	Wymagane
15.	Typ urządzenia	- serwer analizy wtórnej danych NGS z oprogramowaniem, kompatybilny z zaoferowanym sekwenatorem w zakresie obsługiwanych formatów danych, przekazywania danych i dostępnych pipeline'ów analitycznych. - system musi działać w lokalnej infrastrukturze Zamawiającego, bez konieczności przesyłania danych genomowych do usług chmurowych.
16.	Wymagania sprzętowe	- co najmniej 2 procesory klasy serwerowej, łącznie minimum 32 rdzenie i min. 64 wątki. - minimum 512 GB RAM DDR4 - co najmniej 2 dyski NVMe o pojemności minimum 7,68 TB każdy
17.		Dyski systemowe: - co najmniej 2 dyski SSD o pojemności minimum 480 GB każdy, pracujące w RAID 1 lub konfiguracji równoważnej, odpornej na awarię jednego dysku.
18.		- co najmniej jeden dedykowany sprzętowy układ przyspieszający obliczenia bioinformatyczne, wykorzystujący FPGA lub rozwiązanie równoważne, zapewniające wymagane funkcje
19.	Zakres analiz i funkcje oprogramowania	Zapewnia analizę danych z sekwencjonowania genomów człowieka, w tym co najmniej: - sekwencjonowania całogenomowego człowieka, WGS; - sekwencjonowania eksomowego, WES; - sekwencjonowania epigenomu - sekwencjonowania panelowego, w tym paneli amplikonowych lub wzbogacanych.

znak sprawy

20.		Oprogramowanie musi obejmować gotowe lub prekonfigurowane potoki (pipeline'y) analityczne zapewniające co najmniej: - obsługę danych wejściowych na różnych etapach analizy, w tym BCL, FASTQ oraz BAM/CRAM - generowanie plików FASTQ i/lub demultipleksowanie danych, - mapowanie i wyrównywanie odczytów do genomu referencyjnego człowieka, - sortowanie danych, - oznaczanie duplikatów, - wykonywanie analiz germinalnych i somatycznych danych NGS z materiału ludzkiego - wariantów pojedynczych nukleotydów (SNV), - indel, (insercji i delecji), - zmian liczby kopii (CNV) oraz wariantów strukturalnych (SV) - generowanie plików wynikowych analizy min. FASTQ, BAM lub CRAM oraz VCF lub gVCF - uruchamianie analizy od różnych etapów pipeline'u, w szczególności z plików FASTQ, BAM lub CRAM
21.	Genomy referencyjne i skalowalność	- obsługa własnych genomów referencyjnych oraz min. hg19, hg38, GRCh37, hs37d5, CHM13v2.0 lub nowszy
22.	Wydajność	Zapewnia wykonanie kompletnej wtórnej analizy: - jednej próbki WGS człowieka o średnim pokryciu co najmniej 34x, obejmującej mapowanie, sortowanie, oznaczanie duplikatów oraz wykrywanie germinalnych wariantów SNV i indel, w czasie nie dłuższym niż 30 minut;
23.	Kompresja i przepływ danych	System musi zapewnić co najmniej: - odczyt danych z lokalnej pamięci masowej Zamawiającego i zapis wyników we wskazanej lokalizacji lokalnej; - bezstratną kompresję danych FASTQ, zmniejszającą rozmiar danych co najmniej trzykrotnie z możliwością pełnego odtworzenia danych do formatu FASTQ - rejestrowanie przebiegu analiz, błędów i działań administracyjnych.
24.	Licencje	- W ramach dostawy Wykonawca musi zapewnić licencję na wykonanie co najmniej 1000 kompletnych analiz WGS człowieka przez okres minimum 36 miesięcy od odbioru Systemu. - Zakres dostawy musi obejmować wszystkie licencje potrzebne do korzystania ze sprzętu, oprogramowania, pipeline'ów, akceleracji obliczeniowej, kompresji danych i wymaganej liczby analiz. Wykonanie analiz nie może wymagać zakupu dodatkowych usług, ani licencji niewskazanych w ofercie.
25.	Pakiet startowy odczynników niezbędny do zainstalowania, uruchomienia i	Co najmniej: - 2 kompletne zestawy odczynników zapewniające wykonanie do 300 cykli sekwencjonowania, z obsługą podwójnego indeksowania (dual-indexing) i wydajnością

znak sprawy

	walidacji urządzenia	sięgającą co najmniej do 400 mln odczytów pojedynczych na uruchomienie - 1 kompletny zestaw odczynników pozwalający na wykonanie do 300 cykli sekwencjonowania, z obsługą podwójnego indeksowania (dual-indexing) i wydajnością sięgającą do 1,2 mld odczytów pojedynczych na uruchomienie
26.	Zasilanie	-Serwer musi być wyposażony w redundantny system zasilania, obejmujący co najmniej dwa moduły zasilające. - Awaria lub odłączenie jednego modułu nie może powodować wyłączenia, restartu ani przerwania pracy serwera. - Moduły zasilające zapewniają ich wymianę podczas pracy urządzenia, bez konieczności jego wyłączenia.
27.	Typ urządzenia	- moduł do automatycznej elektroforezy kapilarnej co najmniej fragmentów DNA i RNA
28.	Funkcjonalność podstawowa	System zapewnia automatyczne: - rozdzielanie i wykrywanie fragmentów, - określanie wielkości i stężenia fragmentów, - prezentowanie wyników w postaci elektroforegramu oraz obrazu odpowiadającego rozdzielaniu żelowemu - separację, detekcję, oznaczanie wielkości i stężenia co najmniej fragmentów DNA i RNA.
29.	Sposób detekcji	- fluorescencyjna, z wykorzystaniem źródła wzbudzenia LED lub rozwiązań równoważnego.
30.	Analizowane próbki	Co najmniej : - biblioteki NGS, - fragmentowany i genomowy DNA, - produkty PCR - cDNA, - całkowity RNA i fragmenty RNA
31.	Szybkość analizy	Nie więcej niż 8 minut na próbkę dla fragmentów o wielkości co najmniej do 1kpz
32.	Ilość próbki	- minimalne zużycie próbki $\leq 1 \mu\text{l}$ na analizę - minimalna objętość próbki $\leq 2 \mu\text{l}$ przy zastosowaniu mikropróbki
33.	Matryca rozdzielająca	- gotowe do użycia, wymienne kartridże z żelom lub inne zamknięte materiały eksploatacyjne, niewymagające ręcznego przygotowywania, wylewania i barwienia żelu oferowane przez producenta urządzenia - pojedynczy kartridż dostępny co najmniej dla DNA, RNA - Kartridż musi zapewniać sukcesywne wykonywanie analiz i ponowne wykorzystanie niewykorzystanej zawartości zgodnie z okresem trwałości określonym przez producenta, bez konieczności zużycia całego kartridża podczas jednego uruchomienia.
34.	Rozdzielczość	- nie gorsza niż 4 pary zasad dla fragmentów DNA o wielkości co najmniej do 500 par zasad przy czułości nie gorszej niż 5pg/ μL

znak sprawy

35.	Analiza próbek	- prezentacja wyników co najmniej jako klasyczny żel - podgląd elektroferogramów pojedynczych próbek - automatyczne określenie stopnia integralności RNA; - dostosowanie wydruku i wyświetlanych danych do potrzeb użytkownika; - diagnostyka poprawnego działania urządzenia; - zapis wyników w formie cyfrowej, możliwość dalszej obróbki i wysyłki pocztą elektroniczną. - wykrywanie fragmentów PCR i optymalizacja PCR - kontrola jakości cDNA i gDNA - kontrola jakości fragmentowanego DNA/przygotowania bibliotek NGS oraz weryfikacja NGS - analiza cfDNA i diagnostyka molekularna'-analiza próbek o niskim stężeniu - kontrola jakości całkowitego RNA i analiza fragmentów RNA - Profilowanie fragmentów DNA i RNA
36.	Sterowanie i komunikacja	- komputer typu laptop - z zainstalowanym oprogramowaniem sterującym
37.	Mobilność	- urządzenie przenośne o wadze nie więcej niż 6kg - żaden z wymiarów nie przekracza 40cm - brak konieczności ponownej kalibracji po zmianie miejsca ustawienia - sterowania przewodowe i zdalne przez Wi-fi
38.	Zasilanie	Sieciowe jednofazowe zgodnie z normą PN-IEC 60038
39.	Inne wymagania	Wszystkie oferowane funkcjonalności, parametry i funkcje urządzenia są aktywne i dostępne w pełnym zakresie od momentu dostawy oraz pozostaną w pełni dostępne przez cały okres użytkowania urządzenia, bez konieczności dokonywania dodatkowych opłat licencyjnych, aktywacyjnych, serwisowych lub czasowych, a jeżeli do prawidłowego działania lub wykorzystania którejkolwiek z deklarowanych funkcji wymagane jest dodatkowe oprogramowanie, sterowniki, przewody komunikacyjne lub inny element sprzętowy, wszystkie te składniki muszą być uwzględnione w cenie oferty i dostarczone Zamawiającemu z prawem nieograniczonego w czasie użytkowania
40.	Oznaczenie znakiem CE	Wymagane

Termin składania informacji cenowych i technicznych: 31-08-2026 do godz. 11.00

Adres składania informacji cenowych i technicznych: aam@wum.edu.pl

Osoba do kontaktu: Joanna Zimniak, tel. 22 57 20 665