



ЕВРОПЕЙСКИ СЪЮЗ
ЕВРОПЕЙСКИ
СОЦИАЛЕН ФОНД
ЕВРОПЕЙСКИ ФОНД
ЗА РЕГИОНАЛНО РАЗВИТИЕ



ОПЕРАТИВНА ПРОГРАМА
НАУКА И ОБРАЗОВАНИЕ ЗА
ИНТЕЛИГЕНТЕН РАСТЕЖ

ТЕХНИЧЕСКА СПЕЦИФИКАЦИЯ ЗА ОБОСОБЕНА ПОЗИЦИЯ 1

на

на 1/един/ брой апарат за новогенерационно секвениране от следващо поколение и сканиране на microarray чипове с възможност за секвениране на човешки геном, екзом и транскриптом и сканиране на microarray чипове за детекция на генетични и структурни вариации, както следва:

- сканиране на microarray чипове на същия апарат
- технологията на секвениране да използва едновременното прибавяне на четирите нуклеотида на секвенционен цикъл, които са обратимо терминирани и белязани с две различни флуоресцентни багрила
- точността на секвениране, измерена по скалата на Фред, да може да достигне такива нива, че в рамките на един експеримент (run) повече от 80% от базите да имат стойност Q30 или повече от Q30
- апаратът да работи с предварително аликвотирани реактиви в касета, маркирана с радиочестотен идентификатор за автоматично разпознаване на поставената касета от апарата
- секвенаторът да продуцира следните видове файлове – fastq, bam, vcf, text за максимална приложимост към външни софтуери
- технология на работа – секвениране чрез синтеза
- секвениране на фрагменти с рамка на четене – 1 x 75 bp, 2 x 75bp, 2 x 150 bp
- един апарат, който извършва клонална амплификация, секвениране и първичен анализ на данните (автоматично определяне на базите - base calling)
- капацитет на апарата по отношение на производителността – не по-малко от 110 Gb
- напълно автоматизирано и осъществяващо се само на апарата без намесата на оператор pair-end sequencing
- вграден компютър с 96 GB RAM или по-добра памет за контрол на апарата, процесиране на изображенията и автоматично определяне на базите - base calling
- с възможност за секвениране на:
 - 1 цял човешки геном
 - 12 цели екзома
 - 16 цели транскриптома
- максимален брой прочитания на работна клетка не по-малко от 130 милиона клъстера при единична рамка на четене и не по-малко от 260 милиона при прочитане на даден фрагмент от двата края към средата
- с възможност за връзка с клаудинг система за съхранение и анализ на данните от секвенатора
- апаратът позволява провеждане на експерименти от следните няколко типа:
секвениране на ДНК проби, включително цялостно геномно ресеквениране (whole genome resequencing); таргетно ресеквениране (target resequencing); de novo секвениране; анализ на ДНК проби, получени чрез хроматинова имунопреципитация (ChIP-Seq); секвениране на бисулфитно третирана ДНК за изследване на метилиране на ДНК; секвениране на РНК проби, включително анализ на генна експресия (mRNA-Seq), Total RNA sequencing, таргетно РНК секвениране, секвениране на малки РНК (small RNA-Seq), пренатално изследване от майчината кръв

****Забележка:** В случай, че в техническата спецификация се съдържа: модел, източник или специфичен процес, търговска марка, патент, тип или конкретен произход или производство, следва да се счита допълнено с думите „или еквивалентно/и“.

----- www.eufunds.bg -----



ЕВРОПЕЙСКИ СЪЮЗ

ЕВРОПЕЙСКИ
СОЦИАЛЕН ФОНД

ЕВРОПЕЙСКИ ФОНД
ЗА РЕГИОНАЛНО РАЗВИТИЕ



ОПЕРАТИВНА ПРОГРАМА
НАУКА И ОБРАЗОВАНИЕ ЗА
ИНТЕЛИГЕНТЕН РАСТЕЖ

www.eufunds.bg

Проект BG05M2OP001-1.002-0010, „Център за компетентност по персонализирана медицина, 3Д и телемедицина, роботизирана и минимално инвазивна хирургия“, финансиран от Оперативна програма „Наука и образование за интелигентен растеж“ и Европейски фонд за регионална развитие