

Specifikace zboží

Název zboží	Celogenomový sekvenátor pro sekvenaci DNA pomocí dlouhých čtení
Číslo/kód v rámci projektu	
Místo plnění	Biomedicínské centrum, Lékařská fakulta v Plzni, Univerzita Karlova, alej Svobody 76, 323 00 Plzeň
Popis zboží	

Technická specifikace:

Systém pro sekvenaci dlouhých úseků DNA s vysokou přesností bez nutnosti dalšího zpřesnění (přesnost vyšší než 99,99 %). V rámci výzkumu bude určen především pro sekvenaci mikrobiálních genomů *de novo* a PCR produktů obtížně sekvenovatelných běžnými technikami (např. krátká čtení) s vysokým obsahem bází C a G. Pro sekvenaci bakteriálních genomů bez dříve známých sekvencí (*de novo*) musí být systém schopný zajistit sekvenování genomů s vysokým obsahem repetitivních sekvencí (např. inserčních sekvencí s délkou >1 kbp) tak, aby bylo možné získat uzavřený mikrobiální genom (např. chromozom a plazmidy) bez nutnosti dalších laboratorních experimentů.

Systém musí splňovat následující kritéria:

- Sekvence DNA technologií na úrovni sekvenace jedné molekuly/fragmentu přímo získaného ze sekvenované DNA bez nutnosti amplifikace při přípravě knihovny nebo syntézy během sekvenace
- Sekvence DNA fragmentů o délce > 10 kbp s přesností alespoň 99,9 %
- Získání alespoň 200 Gpb hrubých dat během jedné sekvenace
- Sekvence alespoň 96 mikrobiálních genomů *de novo* s velikostí do 1 Gbp během jednoho běhu s prosekvenovaností alespoň 15X
- V případě mikrobiálních genomů reálná sekvenace fragmentů o velikosti alespoň 7 kbp (získané sekvence hrubých dat bez nutnosti následného, byť automatického, bioinformatického skládání kratších fragmentů)
- Délka sekvenace během jednoho běhu do 30 hodin včetně
- Příprava sekvenační knihovny pomocí chemie dodávané výrobcem sekvenátoru
- Možnost získání dat o epigenetických změnách (alespoň methylace DNA) v rámci sekvenace DNA bez nutnosti další laboratorní přípravy vzorku
- Připojení ke zdroji napětí 240 V, max. 40 A
- Hmotnost do 400 kg

Součástí dodávky je i software pro primární analýzu data včetně tzv. basecallingu, assembling, epigenetické analýzy, dedikovaný softwarový modul pro analýzu bakteriálních genomů

Provedení zaškolení (<i>minimální délka zaškolení, rozsah, opakování, další podmínky</i>)	Předvedení sekvenace na vzorku alespoň 2 bakteriálních genomů.
Dodání technické nebo jiné dokumentace, certifikáty aj.	Součástí bude návod k obsluze alespoň v anglické verzi minimálně v elektronické formě.