**FORMULARZ PARAMETRY**

 (zestawienie techniczno-funkcjonalne)

(miejscowość) ……………............……., dnia ………….……. r.

Na potrzeby postępowania o udzielenie zamówienia publicznego pn. Sekwenator nowej generacji z wyposażeniem z dopuszczeniem składania ofert częściowych, znak sprawy: **AZP-261-26/2020**, prowadzonego przez Zamawiającego **Instytut Biologii Doświadczalnej imienia Marcelego Nenckiego Polskiej Akademii Nauk**, działając w imieniu i na rzecz Wykonawcy **(wpisać nazwę) : .................................................................................................................................................**

oświadczam, że oferujemy przedmiot zamówienia o parametrach techniczno –funkcjonalnych wskazanych i opisanych w tabeli poniżej.

|  |
| --- |
| Sekwenator  |
| l.p. | Wymagane minimalne parametry -opis.(wypełnił Zamawiający) | **Parametry charakteryzujące konkretne** **oferowane urządzenie -szczegółowy opis**.**(wypełnia Wykonawca)** |
| **A** | **B** | **C** |
|  | **Nazwa producenta/urządzenia/typ/oznaczenie**: |  |
|  | Sekwencjonowanie przez syntezę bez emulsyjnego PCR zachodzące w jednorazowym nośniku – komórce przepływowej  |  |
|  | Zautomatyzowana, niewymagająca ingerencji użytkownika aparatu, amplifikacja na fazie stałej (komórka przepływowa) prowadząca do wytworzenia klastrów  |  |
|  | Cykl amplifikacji i sekwencjonowania niewymagający ręcznych manipulacji  |  |
|  | Zautomatyzowane amplifikacja oraz odczyt sekwencji wewnątrz jednego urządzenia  |  |
|  | 2 niezależne pozycje dla komórki przepływowej z możliwością niezależnej reakcji sekwencjonowania dla każdej z nich  |  |
|  | Dostosowanie długości pojedynczych odczytów do wybranej aplikacji, skalowalność wydajności sekwencjonowania – możliwość uzyskiwania wydajności sekwencjonowania od 80 Gb i 800 mln odczytów do 3,0 Tb Gb i 10 mlr odczytów w jednym cyklu pracy  |  |
|  | Zakres długości sekwencjonowania od 1 x 50 bp do 2 x 250 bp  |  |
|  | Możliwość pracy na pojedynczej linii analizy biblioteki lub na całej komórce przepływowej |  |
|  | Laserowe źródło wzbudzania |  |
|  | Wbudowany komputer sterujący o parametrach co najmniej: jednostka podstawowa z Intel i7 4700EQ CPU memory: 2x8 GB, dysk twardy: 256 GB mSATA, Windows 10 |  |
|  | Materiały zużywalne z identyfikacja RFID z weryfikacją kompatybilności odczynników z komórką przepływową |  |
|  | Zestawy odczynnikowe do przygotowania bibliotek oraz sekwencjonowania: −całogenomowego−celowanego resekwencjonowania−RNA−metylacji |  |
|  | Zasilanie: 200-240V, 50/60Hz, 16A,1 faza, 2500W |  |
|  | Wydajność systemu:−min. 24 genomy ludzkie (pokrycie 30x) z możliwością skalowania−min. 200 eksomów ludzkich (~8Gb / 100x) z możliwością skalowania−min. 200 transkryptomów eukariotycznych (≥50mln odczytów) z możliwością skalowania |  |