**CZĘŚĆ 1 – DZIERŻAWA SEKWENATORA GENOMOWEGO WRAZ Z ODCZYNNIKAMI/ZESTAWAMI DO DZIERŻAWIONEGO APARATU**

**POZYCJA I – ODCZYNNIKI/ZESTAWY**

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| *Lp.* | *Opis przedmiotu zamówienia* | *wielkość opakowania lub j.m.* | *Ilość wymagana* | *Nazwa oferowanego produktu/numer katalogowy* | *Producent oferowanego produktu* | *cena jednostkowa netto* | *wartość netto PLN* | *VAT %* | *wartość brutto PLN* |
| 1 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem kompletny zestaw odczynników pozwalający na tworzenie klastrów oraz sekwencjonowanie podczas co najmniej 150 cykli i zapewniający uzyskanie do 260 milionów odczytów w trybie sparowanych końców. Zestaw zapewnia uzyskanie co najmniej 16 Gb danych w trakcie jednego cyklu pracy sekwenatora. |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 2 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem kompletny zestaw odczynników pozwalający na tworzenie klastrów oraz sekwencjonowanie podczas co najmniej 300 cykli i zapewniający uzyskanie do 260 milionów odczytów w trybie sparowanych końców. Zestaw zapewnia uzyskanie co najmniej 32 Gb danych w trakcie jednego cyklu pracy sekwenatora. |  zestaw | 5 op. |  |  |  |  |  |  |
| 3 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem kompletny zestaw odczynników pozwalający na tworzenie klastrów oraz sekwencjonowanie podczas co najmniej 75 cykli i zapewniający uzyskanie do 130 milionów odczytów w trybie pojedynczych odczytów. Zestaw zapewnia uzyskanie co najmniej 25 Gb danych w trakcie jednego cyklu pracy sekwenatora. |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 4 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem kompletny zestaw odczynników pozwalający na tworzenie klastrów oraz sekwencjonowanie podczas co najmniej 150 cykli i zapewniający uzyskanie do 800 milionów odczytów w trybie sparowanych końców. Zestaw zapewnia uzyskanie co najmniej 50 Gb danych w trakcie jednego cyklu pracy sekwenatora. |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 5 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem kompletny zestaw odczynników pozwalający na tworzenie klastrów oraz sekwencjonowanie podczas co najmniej 300 cykli i zapewniający uzyskanie do 800 milionów odczytów w trybie sparowanych końców. Zestaw zapewnia uzyskanie co najmniej 100 Gb danych w trakcie jednego cyklu pracy sekwenatora. |  zestaw | 5 op. |  |  |  |  |  |  |
| 6 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem kontrolny zestaw DNA stanowiący wzorcową bibliotekę dla sekwenatorów pracujących w technologii sekwencjonowania przez syntezę. Stężenie biblioteki wynosi 10 nM. |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 7 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem zestaw sond hybrydyzacyjnych (panel genowy) możliwy do stosowania wraz z zestawem odczynnikowym do enzymatycznej fragmentacji i wzbogacania prób przed sekwencjonowaniem (wymaganym w pozycji 8). Panel zawiera sondy pokrywające 45Mb ludzkiego eksomu. Zestaw jest przeznaczony do 8 lub 12 reakcji wzbogacania.  |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 8 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem zestaw odczynnikowy do fragmentacji oraz wzbogacania prób przed sekwencjonowaniem metodą hybrydyzacji z użyciem kulek magnetycznych. Zestaw zawiera kulki magnetyczne opłaszczone enzymem pozwalającym na przeprowadzenie reakcji tagmentacji badanego DNA. Zestaw przeznaczony do ≥ 50 ng wejściowego DNA bez konieczności kwantyfikacji prób badanych. Zestaw pozwala na 90-minutową hybrydyzację. Zestaw do wykorzystania z różnymi zestawami sond hybrydyzacyjnych do wzbogacania prób w różnych aplikacjach analitycznych. Zestaw przeznaczony jest dla 96 reakcji. |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 9 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem zestaw 10-nukleotydowych, unikalnych sekwencji DNA do stosowania jako adaptory multipleksujące. Zestaw zawiera 96 sekwencji na 96 prób - adaptory multileksujące z serii A.  |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 10 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem zestaw 10-nukleotydowych, unikalnych sekwencji DNA do stosowania jako adaptory multipleksujące. Zestaw zawiera 96 sekwencji na 96 prób - adaptory multileksujące z serii B.  |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 11 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem zestaw sond hybrydyzacyjnych (panel genowy) możliwy do stosowania wraz z zestawem odczynnikowym do enzymatycznej fragmentacji (wymaganym w pozycji 12) i wzbogacania prób przed sekwencjonowaniem. Panel zawiera nie mniej niż 7500 sond molekularnych kompatybilnych z sekwencją genomu dla co najmniej 20 wirusów wywołujących silne infekcje dróg oddechowych człowieka w tym szczepy wirusa grypy oraz SARS-Cov-2. Zestaw pozwala na przeprowadzenie co najmniej 12 reakcji wzbogacania, po 8 prób w każdej reakcji. |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 12 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem zestaw odczynnikowy do przygotowania bibliotek RNA-Seq pozwalający na przeprowadzenie kolejno: odwrotnej transkrypcji, enzymatycznej fragmentację powstałego cDNA oraz wzbogacania w pożądane sekwencje docelowe prób metodą hybrydyzacji z użyciem kulek magnetycznych. Zestaw przeznaczony do pracy z ≥ 10 ng RNA całkowitego z tkanki mrożonej oraz ≥ 20 ng RNA z tkanki utrwalonej (FFPE). Zestaw do wykorzystania y z różnymi zestawami sond hybrydyzacyjnych do wzbogacania prób w różnych aplikacjach analitycznych, pozwala na przygotowanie do 96 prób.  |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 13 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem zestaw odczynników przeznaczony do przygotowania bibliotek NGS pozwalających na jednoczesną analizę zmian genetycznych (typu: (SNP, indels, CNV) na poziomie DNA dla co najmniej 500 genów oraz na poziomie RNA (w tym fuzje genów) dla co najmniej 50 genów powiązanych z procesem nowotworzenia. Zestaw przeznaczony do pracy ≥ 40 ng DNA/RNA z preparatów pozyskanych tkanki utrwalonej (FFPE). Zestaw zawiera sondy do hybrydyzacji, sekwencje znacznikowe niezbędne do przygotowania kompletnych bibliotek NGS dla 24 prób, a także odczynniki do przeprowadzenia reakcji sekwencjonowania w zaoferowanym urządzeniu. Wraz z zestawem odczynników dostarczana jest adekwatna do liczby badanych prób licencja do oprogramowania kompatybilnego z powstałymi bibliotekami, pozwalającego na przeprowadzenie analizy trzeciorzędowej zakończonej przygotowaniem raportu z analizy wskazującego istotne klinicznie zmiany genetyczne oraz pozwalającego na określenie parametrów TMB oraz MSI istotnych dla dalszych decyzji nt. doboru terapii. |  zestaw | 2 op. |  |  |  |  |  |  |
| 14 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem zestaw odczynnikowy do fragmentacji oraz wzbogacania prób przed sekwencjonowaniem metodą hybrydyzacji z użyciem kulek magnetycznych. Zestaw zawiera kulki magnetyczne opłaszczone enzymem pozwalającym na przeprowadzenie reakcji tagmentacji badanego DNA. Zestaw przeznaczony do ≥ 50 ng wejściowego DNA bez konieczności kwantyfikacji prób badanych. Zestaw pozwala na 90-minutową hybrydyzację. Zestaw przeznaczony jest dla 24 reakcji. |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 15 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem zestaw sond hybrydyzacyjnych (panel genowy) możliwy do stosowania wraz z zestawem odczynnikowym do enzymatycznej fragmentacji oraz wzbogacania prób przed sekwencjonowaniem (wymaganym w pozycji 21). Panel zawiera nie mniej niż 10 000 sond komplementarnych z tymi sekwencjami puli ponad 110 genów powiązanych z predyspozycjami człowieka do zachorowania na nowotwór. Zestaw pozwala na pracę z próbkami DNA izolowanymi z próbki krwi bądź śliny. Zestaw przeznaczony do 8 lub 12 reakcji wzbogacania.  |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 16 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem Zestaw 10-nukleotydowych, unikalnych sekwencji DNA do stosowania jako adaptory multipleksujące. Zestaw zawiera 96 sekwencji na 96 prób - adaptory multileksujące z serii C.  |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 17 | Kompatybilny z oferowanym sekwenatorem Zestaw 10-nukleotydowych, unikalnych sekwencji DNA do stosowania jako adaptory multipleksujące. Zestaw zawiera 96 sekwencji na 96 prób - adaptory multileksujące z serii D.  |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 18 | Zestaw odczynników przeznaczony do przygotowania bibliotek NGS typu comprehensive pozwalających na jednoczesną analizę zmian genetycznych typu: (SNP, indels, CNV) na poziomie DNA dla co najmniej 500 genów i na poziomie RNA (w tym fuzje genów) dla co najmniej 50 genów powiązanych z procesem nowotworzenia. Zestaw przeznaczony do pracy ≥40 ng DNA/RNA z preparatów pozyskanych tkanki utrwalonej (FFPE). Zestaw zawiera sondy do hybrydyzacji, sekwencje znacznikowe niezbędne do przygotowania kompletnych bibliotek NGS, a także odczynniki do przeprowadzenia reakcji sekwencjonowania w oferowanym urządzeniu. Wraz z zestawem odczynników dostarczenie adekwatnej do liczby badanych prób licencji do oprogramowania kompatybilnego z powstałymi bibliotekami, pozwalającego na przeprowadzenie analizy trzeciorzędowej zakończonej przygotowaniem raportu z analizy wskazującego istotne klinicznie zmiany genetyczne oraz pozwalającego na określenie parametrów TMB oraz MSI istotnych dla dalszych decyzji nt. doboru terapii.Format opakowań odczynników umożliwia wykonanie automatycznego przygotowania bibliotek NGS dla 32 bibliotek, możliwych do przygotowania w co najmniej 2 niezależnych transzach. |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 19 | Zestaw odczynników zawierający pulę specyficznych sond molekularnych przeznaczonych do zastosowania wraz z panelem genowym typu comprehensive i pozwalający na przeprowadzenie oceny parametru GenomeInstability Score (GIS) / oceny statusu HRD. Format opakowania odczynników umożliwia rozbudowę kompatybilnej z oferowanym systemem biblioteki typu comprehensive dla 24 prób, możliwych do przygotowania w co najmniej 3 niezależnych transzach. | zestaw | 2 op. |  |  |  |  |  |  |
| **RAZEM** |  | **xxx** |  |

**POZYCJA II – dzierżawa sekwenatora genomowego**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Przedmiot zamówienia | Ilość miesięcy | Wartość netto za 1 miesiąc  | Stawka VAT % | Łączna wartość netto w PLN (za 12 miesiecy) | Łączna wartość brutto w PLN (za 12 miesiecy) |
| **Dzierżawa aparatu****wraz z urządzeniem dodatkowym**………………………………...………….. (nazwa)**Parametry techniczno – użytkowe oraz elementy składowe zestawu zgodnie z opisem wskazanym w tabeli poniżej** | **12** |   |   |   |   |

**Łączna wartość netto (POZYCJA I + POZYCJA II) wynosi:…………………………………………. PLN**

**Łączna wartość brutto (POZYCJA I + POZYCJA II) wynosi:…………………………………………. PLN**

**OPIS PRZEDMIOTU ZAMÓWIENIA:**

 **Dzierżawa wysokoprzepustowego sekwenatora genomowego**

Nazwa urządzenia, typ, model: …..............................................................................

Producent: ……………………………………………………………………………………………………………

Kraj pochodzenia: ………………………………………………………………………………………..……….

Rok produkcji: ………………………………………………………………………………………………………

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Lp.** | **Wymagane parametry**  | **Warunek konieczny** | **Parametry oferowane, opis, komentarz** |
| 1. | Urządzenie do sekwencjonowania kwasów nukleinowych (DNA lub/i RNA) metodą sekwencjonowania następnej generacji. Data produkcji: aparat nie starszy niż z 2016 r. | TAK |  |
| 2. | Urządzenie wykorzystujące technologię sekwencjonowania przez syntezę. | TAK |  |
| 3. | System zapewniający zautomatyzowaną, niewymagającą ingerencji użytkownika urządzenia, izotermiczną amplifikację na fazie stałej (komórka przepływowa), prowadzącą do wytworzenia macierzy klastrów cząsteczek klonalnych. | TAK |  |
| 4. | W urządzeniu zintegrowane są moduły do: amplifikacji, odczytu sekwencji oraz analizy danych. | TAK |  |
| 5. | Cykl amplifikacji i sekwencjonowania nie wymagający ręcznych manipulacji oraz dodatkowych urządzeń. | TAK |  |
| 6. | Brak wymogu wykorzystywania dodatkowego sprzętu oraz brak konieczności wykonania reakcji emulsyjnego PCR – amplifikacja klonalna na pokładzie sekwenatora. | TAK |  |
| 7. | Cykle amplifikacji i sekwencjonowania, również w trybie sparowanych końców są w pełni zautomatyzowane. | TAK |  |
| 8. | Długość odczytu w zakresie od 1x75pz do 2 x 150pz. Sekwencjonowanie paired-end nie wymagające fizycznej zmiany orientacji komórki przepływowej.  | TAK |  |
| 9. | Maksymalna wydajność urządzenia w jednym cyklu pracy urządzenia (liczba par zasad DNA odczytywana w jednej reakcji urządzenia) nie mniej 100 Gb w trybie sparowanych końców. | TAK |  |
| 10. | Liczba odczytów generowana w jednym cyklu pracy urządzenia w trybie High Output:- nie mniej niż 380 mln odczytów w trybie pojedynczych odczytów- nie mniej niż 760 mln w trybie sprarowanych końców. | TAK |  |
| 11. | Liczba odczytów generowana w jednym cyklu pracy urządzenia w trybie Mid Output:- nie mniej niż 120 mln odczytów w trybie pojedynczych odczytów- nie mniej niż 240 mln w trybie sprarowanych końców. | TAK |  |
| 12. | Dokładność odczytu Q30 dla minimum 75% uzyskanych danych. | TAK |  |
| 13. | Urządzenie musi pozwalać na sekwencjonowanie egzomów i transkryptomów, celowanego sekwencjonowania DNA i RNA, małego RNA oraz na profilowanie guzów litych z zastosowaniem rozwiązań Comprehensive Genomic Profiling.  | TAK |  |
| 14. | Zintegrowany komputer sterujący z wbudowanym dotykowym ekranem oraz zainstalowanym systemem operacyjnym. | TAK |  |
| 15. | Modułowe oprogramowanie do analizy uzyskanych wyników z wszystkich aplikacji, łącznie z dedykowanym szlakiem generacji plików .fastq. | TAK |  |
| 16. | Źródło wzbudzania: dioda LED 520 nm, 650 nm. | TAK |  |
| 17. | Wymiary: szer. × gł. × wys.: 59 cm × 53 cm × 64 cm. (+/- 1cm). | TAK |  |
| 18. | Masa własna: 83 kg (+/- 1kg). | TAK |  |
| **Parametry urządzenia** |
| 1. | Możliwość jednoczesnego sekwencjonowania prób DNA i RNA na potrzeby równoległej analizy mutacji somatycznych oraz fuzji genów. | TAK |  |
| 2. | Cykle amplifikacji i sekwencjonowania nie wymagają ręcznych manipulacji ani dodatkowych urządzeń. | TAK |  |
| 3. | Brak wymogu wykorzystywania dodatkowego sprzętu oraz brak konieczności wykonania reakcji emulsyjnego PCR – amplifikacja klonalna na pokładzie sekwenatora. | TAK |  |
| 4. | Dokładność odczytu Q30 dla minimum 75% uzyskanych danych. | TAK |  |
| 5. | Możliwość stosowania odczynników systemowych zapewniających odpowiednio:a) pracę w trybie średnioprzepustowym, z zapewnieniem utworzenia klastrów oraz sekwencjonowania podczas 300 cykli. Reakcja prowadzi do uzyskania co najmniej 120 milionów odczytów w trybie sparowanych końców, co daje możliwość pozyskania co najmniej 32 Gb danych podczas jednego cyklu pracy sekwenatora.b) pracę w trybie wysokoprzepustowym, z zapewnieniem utworzenia klastrów oraz sekwencjonowania podczas 300 cykli. Reakcja prowadzi do uzyskania co najmniej 760 milionów odczytów w trybie sparowanych końców, co daje możliwość pozyskania co najmniej 100 Gb danych podczas jednego cyklu pracy sekwenatora.c) pracę w trybie wysokoprzepustowym, z zapewnieniem utworzenia klastrów oraz sekwencjonowania podczas 150 cykli. Reakcja prowadzi do uzyskania co najmniej 760 milionów odczytów w trybie sparowanych końców, co daje możliwość pozyskania co najmniej 50 Gb danych podczas jednego cyklu pracy sekwenatora.d) pracę w trybie wysokoprzepustowym, z zapewnieniem utworzenia klastrów oraz sekwencjonowanie podczas 75 cykli. Reakcja prowadzi do powstania ok 120 milionów odczytów w trybie pojedynczych odczytów, co daje możliwość pozyskania co najmniej 25 Gb danych podczas jednego cyklu pracy sekwenatora. | TAK |  |
| **Wymagane warunki dotyczące serwisu dzierżawionego analizatora** |
| 1. | Wykonawca przez cały okres dzierżawy dokonuje przeglądów technicznych, konserwacji (zgodnie z zaleceniami producenta), napraw i wymiany części zamiennych urządzenia w terminach uzgodnionych z Użytkownikiem przedmiotu dzierżawy i zobowiązany jest potwierdzać wykonane prace wpisami w paszporcie technicznym oraz obustronnie podpisanym raporcie (karcie pracy) dołączanym do faktury. | TAK |  |
| 2. | Wykonawca zapewni przez cały okres trwania dzierżawy nadzór techniczny nad urządzeniem i jego działaniem.  | TAK |  |
| 3. | Wykonawca przeprowadzi w ramach wartości umowy przeszkolenie osób/personelu wskazanego przez Zamawiającego, w zakresie użytkowania urządzenia, w miejscu instalacji w terminie 7 dni od instalacji urządzenia. Przeprowadzone szkolenia udokumentowane zostaną stosownym certyfikatem. | TAK |  |
| 4. | Nieodpłatna dostawa, instalacja oraz deinstalacja i odbiór po zakończeniu obowiązywania dzierżawy, potwierdzona protokolarnie zgodnie z obowiązującym wzorem. | TAK |  |
| 5. | Naprawy urządzenia oraz związanych z nim urządzeń wraz z częściami zamiennymi, będą wykonywane przez Wykonawcę w ramach wartości umowy. | TAK |  |
| 6. | Czas reakcji na zgłoszenie awarii - maksymalny czas działań zmierzających do usunięcia awarii - 72 godziny z możliwością zastosowania zdalnej diagnozy (w dni robocze od poniedziałku do piątku). | TAK |  |
| 7. | Wykonawca zobowiązuje się do usunięcia awarii w czasie do 15 dni roboczych, a w przypadku sprowadzenia części z zagranicy 21 dni roboczych od dnia zgłoszenia. | TAK |  |
| 8. | W przypadku wykonania naprawy, potwierdzeniem wykonania usługi będzie karta pracy serwisu podpisana przez przedstawiciela zamawiającego oraz wpis do dokumentacji urządzenia. | TAK |  |
| 9. | Bezpośredni kontakt do inżyniera serwisu: | TAK, proszę podać | …………………………………….Tel./fax…………Email: ……………. |
| 10. | Za skuteczne zgłoszenie awarii uważa się zgłoszenie w postaci e-maila, telefonu. | TAK, proszę podać |  |
| 12. | Trzy awarie tego samego podzespołu/części urządzenia skutkują obowiązkiem Wykonawcy do wymiany urządzenia w czasie nie dłuższym niż 7 dni roboczych liczonych od daty uznania trzeciej reklamacji. | TAK |  |
| 13. | Wykonawca zapewni (w ramach wartości umowy) aktualizację oprogramowania i dokumentacji w okresie eksploatacji urządzenia. | TAK |  |
| 14. | Wraz z urządzeniem Wykonawca dostarczy następujące dokumenty w języku polskim: a. Instrukcja obsługi urządzenia (w formie papierowej i elektronicznej), b. karty charakterystyki substancji niebezpiecznych (jeżeli występują) w formie elektronicznej, c. paszport urządzenia. | TAK |  |
| 15. | Wykonawca zobowiązany jest po instalacji urządzenia do przekazania do Sekcji Gospodarki Aparaturowej listy elementów wyposażenia dodatkowego, wskazując na ich typ/model oraz numer seryjny. Dodatkowo wykonawca zobowiązany jest wpisać do paszportu technicznego urządzenia elementy wyposażenia dodatkowego, będące aparaturą medyczną. | TAK |  |
| **Zestaw urządzeń dodatkowych do preparatyki prób** |
| 1. | Urządzenie do sekwencjonowania kwasów nukleinowych (DNA lub/i RNA) metodą sekwencjonowania nastepnej generacji dostarczowne wraz z zestawem urządzeń dodatkowych niezbędnych do przygotowania bibliotek NGS typu Comprehensive Genomic Profiling tj.: | TAK |  |
| 1a. | Blok grzejny (2 szt.):- zapewniający zakres temperatury od temp. otoczenia do minimum 99 °C - precyzja ustawień temperatury (+/- 0,1 °C) - posiadający pokrywę z płytą grzejną zapobiegająca parowaniu zawartości probówek/dołków płytek- kompatybilny z płytkami wielodołkowymi dla objętości do 0,8 ml/dołek | TAK |  |
| 1b. | Wytrząsarka szybkoobrotowa do jednorazowych probówek i płytek wielodołkowych (2 szt.):- zakres szybkości mieszania w probówkach typu eppendorf nie mniejszy niż 200 rpm - 1 800 rpm- zakres szybkości mieszania w płytkach wielodołowych nie mniejszy niż 200 rpm - 3000 rpm- zapewniająca ogrzewanie zawartości probówek/płytek w zakresie od temp. otoczenia do 99 °C  | TAK |  |
| 1c. | Macierz dyskową do archiwizacji surowych danych pozyskanych z sekwenatora wysokoprzepustowego (1 szt.):- pojemność co najmniej 60 Tb | TAK |  |

**UWAGA:**

**1. Zamawiającym zaleca przed podpisaniem, zapisanie dokumentu w formacie .pdf**

**2. Dokument musi być opatrzony przez osobę lub osoby uprawnione do reprezentowania wykonawcy, kwalifikowanym podpisem elektronicznym i przekazany Zamawiającemu wraz z dokumentem (-ami) potwierdzającymi prawo do reprezentacji Wykonawcy przez osobę podpisującą ofertę.**

**CZĘŚĆ 2 – ODCZYNNIKI/ZESTAWY DO SEKWENCJONOWANIA**

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| *Lp.* | *Opis przedmiotu zamówienia* | *wielkość opakowania lub j.m.* | *Ilość wymagana* | *Nazwa oferowanego produktu/numer katalogowy* | *Producent oferowanego produktu* | *cena jednostkowa netto* | *wartość netto PLN* | *VAT %* | *wartość brutto PLN* |
| 1 | Kompatybilny z sekwenatorem o średniej i wysokiej przepustowości kompletny zestaw odczynników dedykowany do pracy w trybie Dx aparatu. Zestaw pozwala na tworzenie klastrów oraz sekwencjonowanie podczas co najmniej 300 cykli i zapewniający uzyskanie nie mniej niż 600 milionów odczytów w trybie sparowanych końców. Zestaw zapewnia uzyskanie co najmniej 90 Gb danych w trakcie jednego cyklu pracy sekwenatora.Zestaw odczynników przeznaczony do diagnostyki in vitro (CE IVD). |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 2 | Kompatybilny z sekwenatorem o średniej i wysokiej przepustowości kompletny zestaw odczynników dedykowany do pracy w trybie Dx aparatu. Zestaw pozwala na tworzenie klastrów oraz sekwencjonowanie podczas co najmniej 75 cykli i zapewniający uzyskanie nie mniej niż 300 milionów odczytów w trybie pojedynczych odczytów. Zestaw zapewnia uzyskanie co najmniej 22 Gb danych w trakcie jednego cyklu pracy sekwenatora.Zestaw odczynników przeznaczony do diagnostyki in vitro (CE IVD). |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 3 | Kompatybilny z niskoprzepustowym sekwenatorem kompletny zestaw odczynników do pracy w trybie średnioprzepustowym. Zestaw pozwalający na tworzenie klastrów oraz sekwencjonowanie podczas co najmniej 300 cykli i zapewniający uzyskanie co najmniej 14 milionów odczytów w trybie sparowanych końców. Zestaw zapewnia pozyskanie co najmniej 2,1 Gb danych podczas jednego cyklu pracy sekwenatora. |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 4 | Kompatybilny z niskoprzepustowym sekwenatorem kompletny zestaw odczynników do pracy w trybie wysokoprzepustowym. Zestaw pozwalający na tworzenie klastrów oraz sekwencjonowanie podczas co najmniej 300 cykli i zapewniający uzyskanie co najmniej 44 milionów odczytów w trybie sparowanych końców. Zestaw zapewnia pozyskanie co najmniej 6,6 Gb danych podczas jednego cyklu pracy sekwenatora. |   zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 5 | Kompatybilny z niskoprzepustowym sekwenatorem kompletny zestaw odczynników do pracy w trybie wysokoprzepustowym. Zestaw pozwalający na tworzenie klastrów oraz sekwencjonowanie podczas co najmniej 150 cykli i zapewniający uzyskanie co najmniej 44 milionów odczytów w trybie sparowanych końców. Zestaw zapewnia pozyskanie co najmniej 3,3 Gb danych podczas jednego cyklu pracy sekwenatora. |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 6 | Kompatybilny z niskoprzepustowym sekwenatorem kompletny zestaw odczynników do pracy w trybie wysokoprzepustowym. Zestaw pozwalający na tworzenie klastrów oraz sekwencjonowanie podczas co najmniej 75 cykli i zapewniający uzyskanie co najmniej 22 milionów odczytów w trybie pojedynczych odczytów. Zestaw zapewnia pozyskanie co najmniej 1,6 Gb danych podczas jednego cyklu pracy sekwenatora. |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 7 | Kompatybilny z niskoprzepustowym sekwenatorem kompletny zestaw odczynników do pracy w trybie szybkiego sekwencjonowania. Zestaw pozwalający na tworzenie klastrów oraz sekwencjonowanie do 100 cykli i zapewniający uzyskanie do 20 milionów odczytów w trybie pojedynczych odczytów. Zestaw zapewnia pozyskanie co do 2 Gb danych podczas jednego cyklu pracy sekwenatora. |  zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| 8 | Zestaw starterów pozwalających na wzbogacenie biblioteki NGS w sekwencje wszystkich genów wirusa SARS-Cov-2 i będący kompatybilnym za panelem CovidSeq, przy zastosowaniu protokołu ARTIC v4. 1 opakowanie zapewni pracę z maksymalnie 84 próbami. |  zestaw | 6 op. |  |  |  |  |  |  |
| 9 | Kompatybilny z wysokoprzepustowym sekwenatorem kompletny zestaw odczynników. Zestaw pozwalający na tworzenie klastrów oraz sekwencjonowanie podczas co najmniej 300 cykli i zapewniający uzyskanie co najmniej 6,5 miliardów odczytów w trybie sparowanych końców. Zestaw zapewnia pozyskanie co najmniej 1 000 Gb danych podczas jednego cyklu pracy sekwenatora. |    zestaw | 1 op. |  |  |  |  |  |  |
| **RAZEM** |  | **xxx** |  |

**UWAGA:**

**1. Zamawiającym zaleca przed podpisaniem, zapisanie dokumentu w formacie .pdf**

**2. Dokument musi być opatrzony przez osobę lub osoby uprawnione do reprezentowania wykonawcy, kwalifikowanym podpisem elektronicznym i przekazany Zamawiającemu wraz z dokumentem (-ami) potwierdzającymi prawo do reprezentacji Wykonawcy przez osobę podpisującą ofertę.**