**Technická specifikace pro část 2 veřejné zakázky**

**Přístroj pro sekvenaci**

Přístroj pro automatizovanou sekvenaci metylačních analýz, mutací nebo kvantifikaci SNP, umožňující stanovení úrovně metylací u vybraných úseků genu. Jde o bioluminiscenční metodu sekvenování, která využívá syntézu pro kvantitativní analýzu sekvencí DNA.

Musí umožňovat:

* procentickou kvantifikaci hladin metylací DNA u velkého počet CpG míst souvisejících s metylačními změnami v promotorových i kódujících úsecích genů
* Integrovanou přípravu templátu (v rámci jednoho přístroje)
* Délku sekvenování do 160-180 bp
* Kapacita jamky pro vzorek: 20μl
* Teplota komory: 28 ± 0.5 °C
* Výkon rotoru: 30-60 RPM, 2500 RPM při promývacím cyklu
* Hlavní aplikace: analýza SNP, detekce mutací, CpG a CpN metylace a de novo sekvenace
* Automatizované procesy pracovních postupů: Zahrnuje automatické navázání templátu, denaturaci templátu, annealing primerů a všechny související promývací cykly nezbytné pro sekvenační reakci.

Požadavky pro zadání konkrétního běhu:

* zpracování maximálně 48 vzorků v jednom běhu
* při tvorbě nového testu CpG, možnost vložení analyzovaných sekvencí před jejich bisulfitovou modifikací, aby mohl software automaticky generovat nejvhodnější sekvenci pro metylační analýzu
* před spuštěním vlastního běhu možnost ověření přístroje pomocí referenčního vzorku DNA
* pokud není možnost automatického zvolení kontroly bisulfitové úpravy DNA, zadavatel požaduje možnost ručního přidání C před nebo za T, které bylo C před bisulfitovou modifikací, nebo přidáním G před nebo za A, které bylo G před bisulfitovou modifikací

Požadavky pro nastavení konkrétního běhu:

* možnost min. 2 dostupných protokolů pro spuštění: **standardní** protokol, který by se měl využívat jako výchozí protokol **a extra protokol**, který by umožňoval použití sekvenačních primerů
* automatické i ruční vložení sekvenačních primerů, tzn. že v nastavení běhu musí být možnost nastavení automatického nebo ručního vložení sekvenačních primerů

Software je součástí dodávky:

* Možnost provádění více testů a typů testů současně, včetně SNP AQ, CpG a SQA. Umožňuje analýzu metylace, sekvenování de novo, charakterizaci mutací (včetně In/Dels), speciaci, kvantitativní sekvenování alel a genotypizaci SNP
* možnost zkopírování konkrétního běhu na USB a následné zpracování získaných dat z USB
* možnost uložit analyzovaný soubor na síťovou jednotku a zpracovat přímo v přístroji