

Szczegółowy opis przedmiotu zamówienia – część G

L.p.	INDEX	Nazwa sprzętu / minimalne parametry wymagane przez zamawiającego	Ilość	Opis techniczny oferowanego oprogramowania (podać również nazwę i wersję)
1	70440_1	<p>Pakiet oprogramowania do wykonywania zaawansowanych analiz bioinformatycznych w dziedzinie genetyki, genomiki, transkryptomiki i biologii molekularnej, umożliwiające pełne wykorzystanie możliwości, jakie oferują wysokoprzepustowe sekwenatory nowej generacji:</p> <p>Oprogramowanie CLC Genomics Workbench (Licencja jedno stanowiskowa dożywotnia) lub równoważne</p> <p>Warunki równoważności:</p> <p>1. Funkcje ogólne:</p> <ul style="list-style-type: none"> 1.1. analizę ekspresji genów; 1.2. analizę sekwencji DNA; 1.3. analizę struktury RNA; 1.4. wyszukiwanie wzorów w sekwencji (<i>patterns</i>); 1.5. wizualizację danych; 1.6. przeszukiwanie lokalnych i internetowych bioinformatycznych baz danych (BLAST, GenBank, Entrez, UniProt, PubMed, NCBI); 1.7. zarządzanie projektami i danymi bioinformatycznymi. 1.8. obsługa systemów: Windows, Mac OS X, Linux. <p>2. Funkcje z zakresu genomiki:</p> <ul style="list-style-type: none"> 2.1. wbudowana przeglądarka genomów; 2.2. wyświetlanie informacji w oparciu o warstwy informacji o sekwencjach (<i>tracks</i>); 2.3. assembling <i>de novo</i> sekwencji typu Sanger, 454, Illumina Genome Analyzer i SOLiD; 	1	

Platforma Analiz i Archiwizacji Danych (PAAD) - Projekt współfinansowany ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka „Dotacje na innowacje”

	<p>2.4. assembling <i>de novo</i> sekwencji mieszanych typów;</p> <p>2.5. generowanie raportu kontigów zawierającego informacje statystyczne i wykresy, np. rozkład pokrycia, rozkład rozmiarów kontigów, statystyki N75, N50 i N25;</p> <p>2.6. mapowanie odczytów w natywnej przestrzeni kolorów dla systemu SOLiD;</p> <p>2.7. mapowanie odczytów genomów o dowolnych rozmiarach;</p> <p>2.8. mapowanie odczytów sekwencji typu Sanger, 454, Illumina Genome Analyzer, Helicos oraz SOLiD;</p> <p>2.9. mapowanie odczytów sekwencji mieszanych typów;</p> <p>2.10. assembling standardowych odczytów i wsparcie dla assemblingu odczytów <i>paired end</i> oraz <i>mate pair</i> z dowolnej technologii sekwencjonowania;</p> <p>2.11. zaawansowane narzędzia do graficznej detekcji mutacji i rearanżacji genomowych w skali genomowej;</p> <p>2.12. maskowanie mapowania odczytów bazujące na anotacjach, np. eksonach;</p> <p>2.13. interaktywny i skalowalny podgląd genomów uwzględniający odczyty sekwencji, jakość danych i sekwencje referencyjne; pełna integracja z przeglądarkami wyników dalszych analiz;</p> <p>2.14. wykrywanie wariantów probabilistycznych (<i>probabilistic variant detection</i>) z możliwością wyboru ploidalności;</p> <p>2.15. wykrywanie wariantów bazujące na jakości (<i>Quality-based Variant Detection</i>);</p> <p>2.16. warianty strukturalne (<i>structural variation</i>), jak np. insercje, delecje i warianty wewnątrzchromosomowe (<i>interchromosomal variations</i>).</p> <p>3. Funkcje z zakresu transkryptomiki:</p>	
--	---	--

Platforma Analiz i Archiwizacji Danych (PAAD) - Projekt współfinansowany ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka „Dotacje na innowacje”

Uniwersytet Śląski w Katowicach
ul. Bankowa 12, 40-007 Katowice

Instytut Niskich Temperatur i Badań Strukturalnych PAN we Wrocławiu im. Włodzimierza Trzebiatowskiego
ul. Okólna 2, 50-422 Wrocław

		<p>3.1. obliczanie miar ekspresji genów (RPKM) z odczytów sekwencji mRNA i generowanie profili ekspresji (analizy RNA-Seq);</p> <p>3.2. pełne wsparcie dla natywnej przestrzeni kolorów systemu SOLiD;</p> <p>3.3. RNA-Seq wraz z interpretacją wyników oraz możliwość użycia odczytów unikalnych i całosciowych gen/ekson, jak również średniego pokrycia jako miar ekspresji;</p> <p>3.4. analizy małego RNA: odcinanie adaptorów (<i>adapter trimming</i>), zliczanie tagów (<i>counting of tags</i>), anotacja z użyciem miRBase i innych zasobów, wizualizacja wariantów miRNA oraz analiza ekspresji;</p> <p>3.5. testy statystyczne porównujące poziom ekspresji;</p> <p>3.6. odkrywanie nowych transkryptów/eksonów przez mapowanie odczytów mRNA do całych chromosomów lub genomów; porównywanie dopasowania ze znanymi eksonami;</p> <p>3.7. statystyki liczby dopasowań oraz unikalnych genów, eksonów i odczytów obejmujących granice ekson-ekson;</p> <p>3.8. możliwość pracy z macierzami ekspresji i wynikami RNA-Seq jednocześnie z możliwością porównania wyników;</p> <p>3.9. wsparcie dla danych ekspresji: mikromacierzowych i bazujących na sekwencjonowaniu (RNA-Seq);</p> <p>3.10. wizualizacje danych: interaktywne <i>heat maps</i>, tabele oraz wykresy;</p> <p>3.11. wbudowane narzędzia do normalizacji i transformacji danych;</p> <p>3.12. wbudowane narzędzia kontroli jakości: analiza głównych składowych (<i>principal component</i></p>	
--	--	--	--

Platforma Analiz i Archiwizacji Danych (PAAD) - Projekt współfinansowany ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka „Dotacje na innowacje”

Uniwersytet Śląski w Katowicach
ul. Bankowa 12, 40-007 Katowice

Instytut Niskich Temperatur i Badań Strukturalnych PAN we Wrocławiu im. Włodzimierza Trzebiatowskiego
ul. Okólna 2, 50-422 Wrocław

		<p><i>analysis</i>), MA- oraz <i>boxplots</i>;</p> <p>3.13. narzędzia umożliwiające porównywanie i analizy statystyczne dwu lub wielu grup;</p> <p>3.14. przeprowadzanie analiz ANOVA i T-tests ze wsparciem dla sparowanych i powtórzonych pomiarów (<i>paired/repeated measures</i>);</p> <p>3.15. narzędzia do korekty wartości statystycznych p (<i>Multiple testing corrected p-values</i>) – Bonferroni i/lub FDR;</p> <p>3.16. algorytmy klastrowania: klastrowanie hierarchiczne, k-średnich, PAM ze wsparciem dla różnych odległości i miar podobieństwa;</p> <p>3.17. możliwość zaimportowania macierzy adnotacji NetAffx i dodania adnotacji do eksperymentów;</p> <p>3.18. wbudowane narzędzia do analiz GSEA (<i>Gene Set Enrichment Analysis</i>) i dla testów opartych na hipergeometrii dla nadreprezentacji kategorii anotacji (<i>Hyper-Geometric based tests for overrepresented annotation categories</i>) – np. 'GO' stats, specyficzne szlaki biochemiczne;</p> <p>3.19. możliwość adnotowania sekwencji z plików GFF i GFT.</p> <p>4. Funkcje z zakresu epigenomiki:</p> <p>4.1. wbudowane narzędzia do analiz ChIP-seq;</p> <p>4.2. odnajdywanie i poprawianie pików;</p> <p>4.3. wykresy i tabele dystrybucji tła i fałszywego wykrycia;</p> <p>4.4. tabele pików i anotacji.</p> <p>5. Funkcje NGS:</p> <p>5.1. wsparcie dla pulowanego sekwencjonowania po nazwie pliku;</p> <p>5.2. wsparcie dla pulowanego sekwencjonowania po tagu specyficznym dla próbki;</p>	
--	--	---	--

Platforma Analiz i Archiwizacji Danych (PAAD) - Projekt współfinansowany ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka „Dotacje na innowacje”

Uniwersytet Śląski w Katowicach
ul. Bankowa 12, 40-007 Katowice

Instytut Niskich Temperatur i Badań Strukturalnych PAN we Wrocławiu im. Włodzimierza Trzebiatowskiego
ul. Okólna 2, 50-422 Wrocław

	<p>5.3. raportowanie jakości i statystyk dla surowych danych;</p> <p>5.4. filtrowanie i przycinanie odczytów;</p> <p>6. Analizy struktury RNA:</p> <p>6.1. przewidywanie struktury drugorzędowej;</p> <p>6.2. graficzny podgląd i edycja struktury drugorzędowej;</p> <p>6.3. widok tabelaryczny struktur i rozkładów energii;</p> <p>6.4. symboliczna reprezentacja w widoku sekwencji.</p> <p>7. Analizy sekwencji DNA:</p> <p>7.1. wbudowany edytor do graficznego i algorytmicznego projektowania starterów;</p> <p>7.2. PCR <i>in silico</i>;</p> <p>7.3. assembling sekwencji DNA;</p> <p>7.4. multipleksing PCR;</p> <p>7.5. klonowanie molekularne;</p> <p>7.6. projektowanie eksperymentów <i>Gateway Cloning</i> oraz <i>Multi-Site Gateway Cloning</i>;</p> <p>7.7. analiza lokalnej złożoności regionów;</p> <p>7.8. odwrotna translacja z białka do genu bazująca na tablicach translacji określonych gatunków;</p> <p>7.9. zaawansowana analiza restrykcyjna i zarządzanie enzymami restrykcyjnymi;</p> <p>7.10. analizy bazujące na wykresach punktowych;</p> <p>7.11. generowanie raportów statystycznych DNA zawierających liczbę charakterystyk dla danych molekuł;</p> <p>7.12. wyszukiwanie sekwencji NCBI;</p> <p>7.13. dostęp do informacji z internetowego serwisu PubMed.</p> <p>8. Wyszukiwanie wzorców (<i>patterns</i>):</p> <p>8.1. przeszukiwanie podstawowe;</p> <p>8.2. wyszukiwanie z użyciem wyrażeń regularnych;</p> <p>8.3. wyszukiwanie z wzoracmi ProSite;</p>	
--	--	--

Platforma Analiz i Archiwizacji Danych (PAAD) - Projekt współfinansowany ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka „Dotacje na innowacje”

Uniwersytet Śląski w Katowicach
ul. Bankowa 12, 40-007 Katowice

Instytut Niskich Temperatur i Badań Strukturalnych PAN we Wrocławiu im. Włodzimierza Trzebiatowskiego
ul. Okólna 2, 50-422 Wrocław

		<p>8.4. odkrywanie nieznanych dotąd wzorców (<i>pattern discovery</i>).</p> <p>9. Pozostałe funkcje:</p> <p>9.1. edytor sekwencji DNA, RNA i białek;</p> <p>9.2. wielokrotne alignmenty DNA, RNA i białek;</p> <p>9.3. łączenie wielu alignmentów w jeden;</p> <p>9.4. masowe analizy na wielu sekwencjach jednocześnie;</p> <p>9.5. zaawansowany <i>re-alignment</i> i <i>fix-point alignment</i>;</p> <p>9.6. analiza lokalnej złożoności regionów i generowanie wykresów złożoności;</p> <p>9.7. wykresy <i>gap fraction</i>;</p> <p>9.8. zaawansowane porównania parami;</p> <p>9.9. ekstrakcja części sekwencji bazująca na anotacjach.</p>		
2	70440_2	<p>Oprogramowanie bioinformatyczne do funkcjonalnej anotacji sekwencji oraz analiz danych anotacji:</p> <p>Oprogramowanie Blast2GO PRO (Licencja jednostanowiskowa 24-miesięczna) lub równoważne</p> <p>Warunki równoważności:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. automatyczna funkcjonalna anotacja sekwencji; 2. analiza anotacji; 3. przypisanie funkcji biologicznej do genu lub sekwencji białka na podstawie publicznie dostępnych zasobów (algorytmów i baz danych); 4. prezentacja anotacji w postaci arkuszy; 5. obsługa dziesiątek tysięcy sekwencji w ramach jednego projektu; 6. wykonywanie anotacji funkcjonalnej w trzech krokach: 1) <i>BLAST</i> – odnalezienie sekwencji homologicznych, 2) <i>MAPPING</i> – pozyskanie warunków GO, 3) <i>ANNOTATION</i> 	1	

Platforma Analiz i Archiwizacji Danych (PAAD) - Projekt współfinansowany ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka „Dotacje na innowacje”

Uniwersytet Śląski w Katowicach
ul. Bankowa 12, 40-007 Katowice

Instytut Niskich Temperatur i Badań Strukturalnych PAN we Wrocławiu im. Włodzimierza Trzebiatowskiego
ul. Okólna 2, 50-422 Wrocław

	<p>– wybór odpowiednich funkcji;</p> <ol style="list-style-type: none"> 7. obsługa następujących baz danych anotacji: GO, Enzyme Codes, InterPro oraz KEGG; 8. obsługa lokalnych oraz sieciowych baz danych; 9. możliwość konfiguracji ustawień na potrzeby analizowanych danych i wymagań; 10. graficzna prezentacja wyników i postępu analiz; możliwość eksportu do formatu PDF; 11. wyświetlanie danych anotacji w postaci grafów <i>Gene Ontology</i> oraz kolorowych wykresów kołowych i słupkowych; 12. wybór funkcji w oparciu o słowa kluczowe i informacje funkcjonalne; 13. analiza wzbogacania funkcji (<i>function enrichment analysis</i>); 14. wbudowane narzędzia do manipulowania grafami Gene Ontology; 15. wsparcie dla najpopularniejszych formatów wyjściowych i wejściowych; 16. dostęp do CloudBlast; 17. możliwość pracy w oparciu o standardowe identyfikatory sekwencji; 18. możliwość importu sekwencji i adnotacji przez BioMart; 19. walidacja anotacji; 20. automatyczne zapisywanie projektów; 21. graficzny interfejs użytkownika; 22. łatwość w obsłudze i przyjazność użytkownikowi; 23. obsługa systemów: Windows, Mac OS X, Linux. 	
--	--	--

Załącznik nr 2G do SIWZ DZP.381.48.2015.DW

1. Usługa wsparcia technicznego i aktualizacji przez cały czas trwania subskrypcji lub przez co najmniej 60 miesięcy w przypadku licencji dożywotniej. W ramach świadczenia usługi wsparcia technicznego i aktualizacji dla oprogramowania przez Wykonawcę, Zamawiający musi mieć prawo do:
 - a. otrzymania nowych wersji oprogramowania i udoskonaleń do wersji bieżących oprogramowania (otrzymanie nowych edycji oprogramowania, wydań uzupełniających, poprawek programistycznych) wraz z licencją bez dodatkowych opłat licencyjnych;
 - b. asysty technicznej w zakresie problemów, oraz zgłaszania błędów do Wykonawcy.
2. Produkty lub rozwiązania równoważne nie mogą wpłynąć negatywnie na stabilność i wydajność systemów posiadanych przez Zamawiającego.

Na podstawie art. 29 ust. 3 Pzp Zamawiający nie jest w stanie opisać przedmiotu zamówienia w sposób jednoznaczny i wyczerpujący dlatego posługuje się znakami towarowymi.

.....
data i czytelny podpis lub podpis na pieczęci imiennej osoby
upoważnionej do składania oświadczeń w imieniu Wykonawcy