**Szczegółowy opis przedmiotu zamówienia – część I**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **L.p.** | **INDEX** | | **Nazwa oprogramowania / minimalne parametry**  **wymagane przez zamawiającego** | **Ilość** | **Opis techniczny oferowanego oprogramowania**  *(podać również nazwę i wersję)* |
| **1** | **69855** | **Oprogramowanie do zaawansowanych analiz bioinformatycznych oraz alignmentu i assemblingu DNA:**  **Oprogramowanie Geneious R8 z upgrade do wersji R9 (Licencja floating non-comercial z upgrade do kolejnej (przyszłej) wersji) lub równoważne**  **Warunki równoważności:**   1. Wbudowany moduł wyszukiwanie sekwencji DNA lub białkowych w bazach danych; 2. Wbudowany moduł przeszukiwania tekstów i literatury specjalistycznej z zakresu genomiki organizmów, fizjologii, biochemii i biologii molekulanej; 3. Wsparcie dla najpopularniejszych formatów wyjściowych i wejściowych, m.in. VectorNTI, DNAStar, MEGA, BAM/SAM, Fastq, FASTA, Qual, Clustal, GCG, Molecular structure 4. Wbudowany organizer danych bioinformatycznych; tworzenie i modyfikacja baz danych użytkownika, jednoczesna zmiana nazwy wielu plików, jednoczesny eksport wielu plików; 5. Możliwość pracy z wykorzystaniem wbudowanych ścieżek analiz oraz śledzenia przebiegu analiz (*workflow tracking*); możliwość tworzenia i zapisywania własnych ścieżek analiz; 6. Edycja chromatogramu po sekwencjonowaniu DNA i assembling sekwencji na podstawie chromatogramu; 7. Porównywanie sekwencji parami i wielosekwencyjne (*pairwise & multiple alignment*); wbudowane algorytmy analiz porównawczych minimum: ClustalW i MUSCLE; wyświetlanie adnotacji w obrębie porównywanych elementów, ręczna korekta porównań, tworzenie LOGO sekwencji na podstawie porównań; 8. Wbudowane narzędzia do analiz filogenetycznych w oparciu o sekwencje wykorzystujące metody *Neighbor Joining* i UPGMA, możliwość dodawania dodatkowych metod analiz filogenetycznych; tworzenie i przeglądanie drzew filogenetycznych; 9. Narzędzia do klonowania molekularnego i analizy restrykcyjnej; 10. Generowanie predykcji i adnotacji; 11. Projektowanie i analiza starterów; 12. Wbudowana przeglądarka genomów; 13. Mapowanie sekwencji z użyciem genomu referencyjnego; 14. Wykrywanie wariantów sekwencji; 15. Assembling sekwencji *de novo* na podstawie sekwencji uzyskanych metodami NGS i metodą Sangera; możliwość assemblingu sekwencji pochodzących z sekwenatorów różnych typów; 16. Genotypowanie z wykorzystaniem markerów mikrosatelitarnych na podstawie wyników generowanych w sekwenatorach ABI; 17. API, wsparcie dla wtyczek rozszerzających funkcjonalność; 18. Możliwość wysłania sekwencji do GenBank; 19. Wizualizacja wyników analiz; 20. Graficzny interfejs użytkownika; 21. Wsparcie dla systemów: Windows, Mac OS X i Linux. | | **4** |  |

1. Usługa wsparcia technicznego i aktualizacji co najmniej 12 miesięcy. W ramach świadczenia usługi wsparcia technicznego i aktualizacji dla oprogramowania przez Wykonawcę, Zamawiający musi mieć prawo do:
   1. 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;
   2. 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