**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** | **Pakiet oprogramowania do wykonywania zaawansowanych analiz bioinformatycznych w dziedzinie genetyki, genomiki, transkryptomiki i biologii molekularnej, umożliwiający pełne wykorzystanie możliwości, jakie oferują wysokoprzepustowe sekwenatory nowej generacji:**  **Oprogramowanie CLC Genomics Workbench (Licencja jednostanowiskowa dożywotnia) lub równoważne**  **Warunki równoważności:**   1. **Funkcje ogólne:**    1. analizę ekspresji genów;    2. analizę sekwencji DNA;    3. analizę struktury RNA;    4. wyszukiwanie wzorów w sekwencji (*patterns*);    5. wizualizację danych;    6. przeszukiwanie lokalnych i internetowych bioinformatycznych baz danych (BLAST, GenBank Entrez, UniProt, PubMed, NCBI);    7. zarządzanie projektami i danymi bioinformatycznymi.    8. obsługa systemów: Windows, Mac OS X, Linux. 2. **Funkcje z zakresu genomiki:**    1. wbudowana przeglądarka genomów;    2. wyświetlanie informacji w oparciu o warstwy informacji o sekwencjach(*tracks*);    3. assembling *de novo* sekwencji typu Sanger, 454, Illumina Genome Analyzer i SOLiD;    4. assembling *de novo* sekwencji mieszanych typów;    5. generowanie raportu kontigów zawierającego informacje statystyczne i wykresy, np. rozkład pokrycia, rozkład rozmiarów kontigów, statystyki N75, N50 i N25;    6. mapowanie odczytów w natywnej przestrzeni kolorów dla systemu SOLiD;    7. mapowanie odczytów genomów o dowolnych rozmiarach;    8. mapowanie odczytów sekwencji typu Sanger, 454, Illumina Genome Analyzer, Helicos oraz SOLiD;    9. mapowanie odczytów sekwencji mieszanych typów;    10. assembling standardowych odczytów i wsparcie dla assemblingu odczytów *paired end* oraz *mate pair* z dowolnej technologii sekwencjonowania;    11. zaawansowane narzędzia do graficznej detekcji mutacji i rearanżacji genomowych w skali genomowej;    12. maskowanie mapowania odczytów bazujące na anotacjach, np. eksonach;    13. interaktywny i skalowalny podgląd genomów uwzgledniający odczyty sekwencji, jakość danych i sekwencje referencyjne; pełna integracja z przeglądarkami wyników dalszych analiz;    14. wykrywanie wariantów probabilistycznych (*probabilistic variant detection*) z możliwością wyboru ploidalności;    15. wykrywanie wariantów bazujące na jakości (*Quality-based Variant Detection*);    16. warianty strukturalne (*structural variation*), jak np. insercje, delecje i warianty wewnątrzchromosomowe (*interchromosomal variations*). 3. **Funkcje z zakresu transkryptomiki:**    1. obliczanie miar ekspresji genów (RPKM) z odczytów sekwencji mRNA i generowanie profili ekspresji (analizy RNA-Seq);    2. pełne wsparcie dla natywnej przestrzeni kolorów systemu SOLiD;    3. RNA-Seq wraz z interpretacją wyników oraz możliwość użycia odczytów unikalnych i całościowych gen/ekson, jak również średniego pokrycia jako miar ekspresji;    4. analizy małego RNA: odcinanie adaptorów (*adapter trimming*), zliczanie tagów (*counting of tags*), anotacja z użyciem miRBase i innych zasobów, wizualizacja wariantów miRNA oraz analiza ekspresji;    5. testy statystyczne porównujące poziom ekspresji;    6. odkrywanie nowych transkryptów/eksonów przez mapowanie odczytów mRNA do całych chromosomów lub genomów; porównywanie dopasowania ze znanymi eksonami;    7. statystyki liczby dopasowań oraz unikalnych genów, eksonów i odczytów obejmujących granice ekson-ekson;    8. możliwość pracy z macierzami ekspresji i wynikami RNA-Seq jednocześnie z możliwością porównania wyników;    9. wsparcie dla danych ekspresji: mikromacierzowych i bazujących na sekwencjonowaniu (RNA-Seq);    10. wizualizacje danych: interaktywne *heat maps*, tabele oraz wykresy;    11. wbudowane narzędzia do normalizacji i transformacji danych;    12. wbudowane narzędzia kontroli jakości: analiza głównych składowych (*principal component analysis*), MA- oraz *boxplots;*    13. narzędzia umożliwiające porównywanie i analizy statystyczne dwu lub wielu grup;    14. przeprowadzanie analiz ANOVA i T-tests ze wsparciem dla sparowanych i powtórzonych pomiarów (*paired/repeated measures*);    15. narzędzia do korekty wartości statystycznych p (*Multiple testing corrected p-values*) – Bonferroni i/lub FDR;    16. algorytmy klastrowania: klastrowanie hierarchiczne, k-średnich, PAM ze wsparciem dla różnych odległości i miar podobieństwa;    17. możliwość zaimportowania macierzy adnotacji NetAffx i dodania adnotacji do eksperymentów;    18. wbudowane narzędzia do analiz GSEA (*Gene Set Enrichment Analysis*) i dla testów opartych na hipergeometrii dla nadreprezentacji kategorii anotacji (*Hyper-Geometric based tests for overrepresented annotation categories*) – np. ‘GO’stats, specyficzne szlaki biochemiczne;    19. możliwość adnotowania sekwencji z plików GFF i GFT. 4. **Funkcje z zakresu epigenomiki:**    1. wbudowane narzędzia do analiz ChIP-seq;    2. odnajdywanie i poprawianie pików;    3. wykresy i tabele dystrybucji tła i fałszywego wykrycia;    4. tabele pików i anotacji. 5. **Funkcje NGS:**    1. wsparcie dla pulowanego sekwencjonowania po nazwie pliku;    2. wsparcie dla pulowanego sekwencjonowania po tagu specyficznym dla próbki;    3. raportowanie jakości i statystyk dla surowych danych;    4. filtrowanie i przycinanie odczytów; 6. **Analizy struktury RNA:**    1. przewidywanie struktury drugorzędowej,    2. graficzny podgląd i edycja struktury drugorzędowej;    3. widok tabelaryczny struktur i rozkładów energii;    4. symboliczna reprezentacja w widoku sekwencji. 7. **Analizy sekwencji DNA:**    1. wbudowany edytor do graficznego i algorytmicznego projektowania starterów;    2. PCR *in silico*;    3. assembling sekwencji DNA;    4. multipleksing PCR;    5. klonowanie molekularne;    6. projektowanie eksperymentów *Gateway Cloning* oraz *Multi-Site Gateway Cloning*;    7. analiza lokalnej złożoności regionów;    8. odwrotna translacja z białka do genu bazująca na tablicach translacji określonych gatunków;    9. zaawansowana analiza restrykcyjna i zarządzanie enzymami restrykcyjnymi;    10. analizy bazujące na wykresach punktowych;    11. generowanie raportów statystycznych DNA zawierających liczbę charakterystyk dla danych molekuł;    12. wyszukiwanie sekwencji NCBI;    13. dostęp do informacji z internetowego serwisu PubMed. 8. **Wyszukiwanie wzorców (*patterns*):**    1. przeszukiwanie podstawowe;    2. wyszukiwanie z użyciem wyrażeń regularnych;    3. wyszukiwanie z wzoracmi ProSite;    4. odkrywanie nieznanych dotąd wzorców (*pattern discovery*). 9. **Pozostałe funkcje:**    1. edytor sekwencji DNA, RNA i białek;    2. wielokrotne alignmenty DNA, RNA i białek;    3. łączenie wielu alignmentów w jeden;    4. masowe analizy na wielu sekwencjach jednocześnie;    5. zaawansowany *re-alignment* i *fix-point* *alignment;*    6. analiza lokalnej złożoności regionów i generowanie wykresów złożoności;    7. wykresy *gap fraction*;    8. zaawansowane porównania parami;    9. ekstrakcja części sekwencji bazująca na anotacjach. | **1** |  |
| **2** | **70440\_2** | **Oprogramowanie bioinformatyczne do funkcjonalnej anotacji sekwencji oraz analiz danych anotacji:**  **Oprogramowanie Blast2GO PRO (Licencja jednostanowiskowa 24-miesięczna) lub równoważne**  **Warunki równoważności:**   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) *BLAST* – odnalezienie sekwencji homologicznych, 2) *MAPPING* – pozyskanie warunków GO, 3) *ANNOTATION* – wybór odpowiednich funkcji; 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 *Gene Ontology* oraz kolorowych wykresów kołowych i słupkowych; 12. wybór funkcji w oparciu o słowa kluczowe i informacje funkcjonalne; 13. analiza wzbogacania funkcji (*function enrichment analysis*); 14. wbudowane narzędzia do manipulowania grafami Gene Ontology; 15. wsparcie dla najpopularniejszych formatów wyjściowych i wejściowcych; 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. | **1** |  |

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:
   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