załącznik n1 SIWZ

**Dostawa programu do obróbki danych z sekwencjonowania następnej generacji (NGS)- zadanie częściowe nr 1 SIWZ**

Program umożliwiający analizę i wizualizację danych z zakresu: genomiki, transkryptomiki, metagenomiki, epigenomiki itp. Program wykorzystuje przyspieszone algorytmy bioinformatyczne SIMD, oraz umożliwia zarządzanie bazą danych i zapewnia specjalistyczne rozwiązania bioinformatyczne. Obsługuje wszystkie główne platformy NGS, w tym QIAGEN GeneReader, SOLiD, 454, Illumina, Pacific Biosciences, Ion Torrent, HeliScope, a także kompletne dane genomowe. Aplikacje działają we wszystkich głównych systemach operacyjnych, w tym w systemie Apple OS X, Windows i Linux.

Moduły:

- Analiza genomiczna:

1. Analiza pierwotna danych NGS - kontrola jakości, przycinanie (trimming) dla regionów niskiej jakości i adapterów, de-multipleksowanie danych z tzw. „kodami kreskowymi”

2. składanie sekwencji de novo,

3. możliwość hybrydowego mapowania danych sekwencjonowania Sanger i NGS.

4. Wykrywanie wariantów w całym genomie przy użyciu algorytmów uwzględniających ploidalność oraz warianty występujące z niską częstością. Detekcja wariantów strukturalnych oraz In/Del.

5. zaawansowane filtrowanie i przypisywanie wariantów w oparciu o informacje z publicznych, komercyjnych i niestandardowych baz danych wariantów.

6. zaawansowane filtrowanie i przypisywanie wariantów w kontekście innej próbki włączonej do eksperymentu.

- Narzędzie Workflow Edytor: do łatwego tworzenia i udostępniania złożonych i zautomatyzowanych przepływów pracy w analizie danych.

- Transkryptomika:

1. analiza RNA-seq obejmująca obsługę sparowanych danych i ekspresji na poziomie transkrypcji,

2. analiza małych RNA,

3. wsparcie dla biblioteki EST

4. analiza statystyczna zróżnicowanej ekspresji genów z danych RNA-Seq i Mikromaceirzy.

- Epigenomika

1. analiza ChIP-Seq

2. zaawansowane określanie miejsc wiązania chromatyny, tabela pików i adnotacji, wykres i tabela rozkładu tła

3. narzędzia do analizy Bisulfite Seq

- Narzędzie Genome Browser - Przeglądarka Genomowa. Umożliwia interaktywne przeglądanie genomu oraz :

1. pozwala nakładać i analizować różne rodzaje informacji o genomie, w tym adnotacje genów, warianty, dane o ekspresji genów i informacje epigenetyczne,

2. wizualnie porównywać, filtrować i analizować dane z wielu próbek

- Klasyczne funkcje analizy sekwencji:

1. Narzędzia BLAST,

2. dopasowywanie sekwencji i narzędzia do tworzenia drzewa filogenetycznego,

3. składanie danych z sekwencjonowania metodą Sangera,

4. projektowanie starterów do PCR i PCR w czasie rzeczywistym,

5. klonowanie molekularne, oraz

6. przewidywanie drugorzędowej struktury RNA i białka

7. wiele innych narzędzi zwykle potrzebnych do analizy i edycji sekwencji