**Załącznik nr 2/2**

**ZO/05/D/2019 O. Bonin**

**Pakiet 2- Oprogramowanie do projektowania starterów i sond do testów multiplex qPCR**

* Licencja na używanie programu jest przyznawana Kupującemu. Po uiszczeniu opłaty numer rejestracyjny programu jest przesyłany na konto e-mail Kupującego. Kupujący aktywuje program na swoim komputerze i korzysta z niego bez udziału Sprzedawcy.

**Program umożliwia projektowanie starterów do testów SYBR® Green PCR**

* Projektuje startery zoptymalizowane dla testów SYBR® Green PCR za pomocą wyszukiwania sekwencji BLAST, automatycznie interpretując wyniki, a następnie projektując startery SYBR® Green, unikając regionów o znaczącej homologii.
* Zaprojektowane startery SYBR® Green mogą być przeszukiwane za pomocą BLAST wobec danych genomowych dostępnych w NCBI.
* Identyfikuje drugorzędowe struktury matrycy, a następnie automatycznie unika ich podczas projektowania starterów SYBR® Green.
* Wyświetla graficznie obszary homologii i struktur drugorzędnych w panelu widoku sekwencji.
* Umożliwia ocenę jakości starterów zaprojektowanych ręcznie lub w innym programie i projektuje sensowne i antysensowne startery kompatybilne z nimi. Projektuje optymalne, podwójnie znakowane sondy do stosowania ze starterami SYBR® Green.
* W przypadku badań genotypowania SNP projektuje startery SYBR® Green w taki sposób, aby miejsce SNP znajdowało się w pozycji końcowej 3 'lub w jej pobliżu.
* Oblicza Tm starterów SYBR® Green przy użyciu algorytmu najbliższego sąsiedztwa.
* Prezentuje wyniki projektu w kolejności uporządkowanej.
* Oblicza dla starterów SYBR® Green parametry termodynamiczne i struktury drugorzędowe.
* Unika homologii ze wszystkimi innymi starterami w celu zmniejszenia prawdopodobieństwa wstąpienia dimerów starterów w reakcji multipleksowej.

**Progam umozliwia projektowanie układu starterów i sond do testu TaqMan®**

* Projektuje optymalne sondy TaqMan® wolne od dimerów, powtórzeń i długich fragmentów jednonukleotydowych, aby zapewnić wierność sygnału.
* Projektuje natywne i zmutowane sondy TaqMan® do identyfikacji SNP w testach genotypowania SNP
* Umożliwia analizę pary starterów zaprojektowanych w programie zewnętrznym lub ręcznie oraz projektuje kompatybilną sondę TaqMan®.
* Zaprojektowana w programie zewntętrznym lub ręcznie sonda TaqMan® może być analizowana i program dobiera kompatybilną parę starterów.
* Importuje startery zaprojektowane do testów z barwnikiem SYBR® Green i projektuje kompatybilną sondę.
* Wyświetla widok graficzny struktur drugorzędowych sondy TaqMan®.
* Projektuje sondy TaqMan® podstawionemodyfikowanymi nukleotydami LNA ™. Użytkownik może określić liczbę zasad LNA ™ w sondzie, a także ich rozmieszczenie i wolny obszar LNA na każdym końcu sondy, aby zaprojektować wzbogacone sondy TaqMan® LNA ™.

**Projektuje test Multiplex Real Time PCR**

* Projektuje optymalne zestawy par starterów i sond dla różnych matryc DNA wykrywanych w jednej reakcji.
* Projektowanie testów multipleksowych jest możliwe dla testów typu TaqMan®.
* Umożliwia zaprojektowanie testu multiplex PCR wykrywającego pięć różnych sekwencji DNA w jednej reakcji.
* Umożliwia zaprojektowanie reakcji multiplex PCR z wykrywaniem genu referencyjnego by możliwa była normalizacja wyników.

**Unikanie krzyżowej homologii - dla konkretnego projektu oligo**

* Interpretuje wyniki wyszukiwania BLAST i unika regionów, które mają znaczącą homologię z sekwencjami dostępnymi w bazach danych.
* Wyświetla graficznie homologiczne regiony sekwencji w okienku Widok sekwencji, aby zwizualizować położenie tych regionów względem starterów i sond.
* Wizualizuje potencjalne niespecyficzne miejsca wiązania starterów i sond.
* Obszary homologiczne, których należy unikać podczas projektowania oligosów, można wybrać na podstawie tożsamości zgłaszanych trafień lub wartości e lub obu.
* Przeszukuje genomowe bazy danych za pomocą BLAST aby zweryfikować specyficzność starterów, sond oraz amplikonów względem wykrywanego genomu.

**Program unika struktur drugorzędowych w matrycowym DNA**

* Sprawdza czy w temperaturze, w której wydłużane będą startery nie występują struktury drugorzędowe w matrycowym DNA.
* Wyszukuje struktury drugorzędowe. Użytkownik może określić temperaturę, dla której wykonywane jest wyszukiwanie struktur drugorzędowych DNA. Wyniki są automatycznie interpretowane, a obszary ze strukturami drugorzędowymi są unikane podczas projektowania starterów.
* Struktury drugorzędowe matrycowego DNA są wyświetlane graficznie w okienku widoku sekwencji, aby ułatwić wizualną kontrolę sekwencji. Zasady tworzące struktury drugorzędowe są wyróżnione.