

- Zamawiający zleca Wykonawcy **wykonanie usługi sekwencjonowania nowej generacji (NGS)** i uzyskanie sekwencji całogenomowych łącznie dla 89 próbek, w tym:
 - WGS z mapowalnym pokryciem x60 dla 64 próbek oraz
 - WGS z mapowalnym pokryciem x30 dla 25 próbek
- Usługa wykonana zostanie z wykorzystaniem materiału dostarczonego przez Zamawiającego:

Próbki DNA na WGS (mapowalna głębokość sekwencjonowania x30):

	Kit PCR-Free	Kit Nano
Stężenie:	20ng/μl	10ng/μl
Jakość: (A260/A280):	>1.7	
Objętość:	50 μl	10 μl
Ilość całkowita:	1 μg	0.1 μg

Próbki DNA na WGS (mapowalna głębokość sekwencjonowania x60):

	Kit PCR-Free	Kit Nano
Stężenie:	40ng/μl	10ng/μl
Jakość: (A260/A280):	>1.7	
Objętość:	50 μl	20 μl
Ilość całkowita:	2 μg	0.2 μg

Decyzja o wyborze konkretnego zestawu do przygotowania bibliotek Kit PCR-Free lub Kit Nano zostanie podjęta przez Zamawiającego po otrzymaniu raportu kontroli jakości próbek.

- Przedmiotem niniejszej usługi jest:

Lp.	Opis przedmiotu usługi *	Ilość	Należność
1	Uzyskanie sekwencji całogenomowych w wyniku sekwencjonowania typu <i>whole genome sequencing</i> (WGS) łącznie dla 89 próbek, z czego dla 64 próbek uzyskanych zostanie około 200-240 miliardów przeczytanych par zasad (Gpz), pozwalając na osiągnięcie mapowalnej głębokości x60, a dla pozostałych 25 próbek- uzyskanych będzie 100-120 Gpz, pozwalając na uzyskanie mapowalnej głębokości x30.	WGS x60: 64 próbki WGS x30: 25 próbek	Do wyceny <i>Należy podać cenę jednostkową za jedną próbkę</i> <i>[64 x cena =]</i> <i>[25 x cena =]</i>
	Usługa NGS obejmuje następujące etapy, opisane w kolejnych punktach:		
2	Dostarczenie próbek do Wykonawcy Koszty transportu próbek transportem lotniczym (w suchym lodzie) pokrywa Wykonawca. W przypadku negatywnej weryfikacji jakości próbek, wykonawca pokrywa koszty jedнокrotnego dostarczenia dodatkowego materiału.	1-2 przesyłki	w cenie usługi
3	Ocena jakości oraz ilości dostarczonego materiału Wykonawca dokona oceny parametrów jakościowych (czystości, integralności oraz ilości) dostarczonych próbek metodami fluoroscencyjnymi (analiza ilościowa),	Dla wszystkich dostarczonych próbek	w cenie usługi

	spektrofotometrycznymi (analiza czystości) oraz zastosuje elektroforezę żelową (w celu dokonania oceny integralności materiału).		
4	Przygotowanie bibliotek do sekwencjonowania kompatybilnych z platformą Illuminy biblioteka TruSeq DNA PCR-Free lub Nano z insertem 350 pz; typ bibliotek zostanie wybrany przez Zamawiającego po udostępnieniu wyników analizy ilościowej i jakościowej przekazanych próbek. Biblioteki zostaną przygotowane tylko i wyłącznie przy użyciu oryginalnych, licencjonowanych i zweryfikowanych materiałów Illuminy. Strona zamawiająca nie dopuszcza użycia nieoryginalnych odpowiedników i niezwalidowanych zestawów. Po przygotowaniu biblioteki zweryfikowane zostaną pod względem jakościowym przy użyciu qPCR, a następnie sprawdzone pod kątem długości fragmentów przy użyciu platformy Bioanalyzer lub Tapestation.	Dla wszystkich próbek spełniających kryteria ilościowe i jakościowe	w cenie usługi
5	Sekwencjonowanie wygenerowanych bibliotek na platformie Illuminy: Illumina HiSeq X-Ten, w konfiguracji 2x150bp, na jednej ścieżce na próbkę (dla WGS x30) i dwóch ścieżkach na próbkę (dla WGS x60) do uzyskania 100-120Gpz/próbkę dla WGS x30 i 200-240 Gpz/próbkę dla WGS x60.	Dla wszystkich próbek spełniających kryteria ilościowe i jakościowe	w cenie usługi
6	Wstępna obróbka informatyczna i wygenerowanie raportu podsumowującego przebieg sekwencjonowania Analiza informatyczna obejmować będzie demultipleksing i przycinanie adaptorów. Raport zawierał będzie: a. Informacje na temat metody i procedury sekwencjonowania b. Informacje odnośnie analizy danych c. Zbiorcze podsumowanie eksperymentu (informacje dotyczące próbek, samego przebiegu oraz opracowanie statystyczne pozwalające na ocenę jakości sekwencjonowania i pokrycia próbek).	Dla wszystkich próbek spełniających kryteria ilościowe i jakościowe	w cenie usługi
7	Dostarczenie danych z sekwencjonowania na 4Tb HDD dostarczonych przez Zamawiającego, odsyłanych po wypełnieniu danymi na koszt wykonawcy do strony zamawiającej	Zakładana wysyłka 4 dysków 4Tb HDD w 1 transzy	w cenie usługi
8	Spersonalizowany dostęp do systemu zarządzania (LIMS) celem weryfikacji aktualnego statusu eksperymentu.	-	w cenie usługi
9	Bieżące informowanie Zamawiającego o postępach i etapach pracy poprzez regularną komunikację z dedykowanym managerem projektu.	-	w cenie usługi
10	Usługa obejmuje wsparcie techniczne i opiekę techniczną nad użytkownikiem.	-	w cenie usługi
11	Ewentualny zwrot niewykorzystanego DNA (przesyłka kurierska), po zakończeniu sekwencjonowania	1 przesyłka	w cenie usługi dla 5 i więcej prób
Łączna wartość:			
Termin ważności oferty:		<i>[proszę podać datę lub liczbę dni]</i>	

* Zamawiający nie wyraża zgody na zmiany w opisie przedmiotu usługi. Wykonawcy, którzy chcą złożyć ofertę w niniejszym postępowaniu muszą spełnić wszystkie wymogi z Załącznika nr: 1.

4. Za prawidłowe wykonanie usługi uważa się:

- a) Sprawdzenie jakości i ilości próbek DNA dostarczonych przez Zamawiającego, wygenerowanie raportu z oceny jakościowej i ilościowej próbek i udostępnienie raportu Zamawiającemu.
- b) Przygotowanie i sprawdzenie jakości bibliotek, zgodnie z opisem w pkt. 4 tabeli.
- c) Wykonanie usługi sekwencjonowania na platformie Illumina HiSeq X-Ten, zgodnie z opisem w pkt. 5 tabeli.

Dostarczenie surowych danych z sekwencjonowania próbek powierzonych przez Zamawiającego:

- dla max. 64 próbek DNA: dane z sekwencjonowania całego genomu z mapowalną głębokością sekwencjonowania x60, na platformie Illumina HiSeq X-Ten, w konfiguracji 2x150bp (paired-end), z insertem 350bp, na dwóch ścieżkach/próbkę, 200-240 Gpz/próbkę
- dla max. 25 próbek DNA: dane z sekwencjonowania całego genomu z mapowalną głębokością sekwencjonowania x30, na platformie Illumina HiSeq X-Ten, w konfiguracji 2x150bp (paired-end), z insertem 350bp, na jednej ścieżce na próbkę, 100-120Gpz/próbkę

Wykonawca zapewnia jakość sekwencjonowania określoną poprzez następujące parametry:

- przynajmniej 80% zsekwencjonowanych par zasad powinno mieć jakość Q30 lub więcej
 - poziom zduplikowanych odczytów w zakresie 5-10%. Jeśli poziom przekroczy 10%, próbka będzie dalej sekwencjonowana, aby dostarczyć ilość danych określoną w pkt. 5 tabeli.
- d) Dostarczenie raportu zawierającego podsumowanie zastosowanej metody, a także parametry podsumowujące sekwencjonowanie każdej z próbek (ilość przeczytanych par zasad, proporcje GC, wykresy podsumowujące jakość cykli).
 - e) Dostarczenie danych surowych w formacie fastq, po wstępnej obróbce danych (demultipleksing i przycinanie adapterów); w terminie do 8 tygodni, począwszy od dnia weryfikacji parametrów jakościowych dostarczonego materiału, spełniającego kryteria wymagane dla danego typu analizy (określone powyżej). Dane z sekwencjonowania zostaną przesłane na koszt Wykonawcy na dyskach 4Tb HDD, dostarczonych przez Zamawiającego.
 - f) Wykonawca nie rości sobie żadnych praw autorskich do wygenerowanych danych i nie będzie ich wykorzystywał w jakikolwiek sposób do własnych celów (np. budowa bazy danych). Wszystkie wygenerowane dane stanowią całkowitą własność intelektualną strony zamawiającej.
 - g) Wykonawca gwarantuje, że wszystkie wygenerowane dane będą nieodwracalnie usunięte po maksymalnie 6 miesiącach lub niezwłocznie, po pisemnym żądaniu ze strony Zamawiającego.
 - h) Usługa stanowiąca przedmiot przetargu nie będzie realizowana w kolaboracji z innymi podmiotami tudzież przy użyciu podwykonawców lub pośredników.
 - i) Należność za prawidłowo wykonaną usługę nastąpi w terminie 30 dni od dostarczenia przez Wykonawcę faktury. Faktura będzie wystawiana przez Wykonawcę po wykonaniu usługi.