

1. Zamawiający zleca Wykonawcy wykonanie usługi w maksymalnie 5 transzach.
2. Usługa wykonana zostanie z wykorzystaniem materiału – DNA dostarczonego przez Zamawiającego.

Parametry DNA:

- a) stężenie > 50 ng/ul
- b) czystość (A260/A280) > 0.7
- c) objętość > 20 ul
- d) ilość całkowita (wersja podstawowa) > 1000 ng

3. Przedmiotem niniejszej usługi jest:

Lp.	Opis przedmiotu usługi	Ilość	Należność
1.	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Usługa obejmuje uzyskanie sekwencji całogenomowych próbek Homo sapiens do osiągnięcia mapowalnego pokrycia co najmniej x30 (minimum 120 Gbp danych na próbkę).</li> <li>- Stworzenie biblioteki oryginalnym zestawem Illumina TruSeq DNA PCR-Free, z insertem o długości 350 bp.</li> <li>- Platforma do sekwencjonowania: NovaSeq X</li> <li>- Konfiguracja: 2x150bp</li> <li>- Całkowita ilość próbek 100 próbek.</li> <li>- Próbkę dostarczane będą partiami liczącymi minimalnie 10 próbek.</li> </ul>	100 próbek	<p>*należy wskazać jednostkową cenę dla 1 próbki 100 próbek x cena jednostkowa = wartość : ____ (podać rodzaj waluty PLN, EURO....)</p>
2.	<p>Strona zamawiająca dostarczy na koszt wykonawcy wyizolowany gDNA, po czym wykonawca:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>a. Dokona oceny parametrów jakościowych (czystości, integralności oraz ilości) dostarczonych próbek metodami fluoroscencyjnymi (analiza ilościowa), spektrofotometrycznymi (analiza czystości) oraz zastosuje elektroforezę żelową (w celu dokonania oceny integralności materiału).</li> <li>i. W przypadku próbek niespełniających kryteriów jakościowych, wykonawca jednokrotnie pokryje koszty transportu próbek zapasowych.</li> <li>ii. Wykonawca zezwala na dostarczenie próbek zapasowych w terminie do 3 miesięcy liczonego od czasu dostarczenia próbek oryginalnych.</li> <li>b. Przygotuje biblioteki do sekwencjonowania kompatybilne z platformą Illuminy</li> <li>i. W zależności od parametrów wejściowych próbek, strona zamawiająca zastrzega sobie prawo do wyboru protokołu przygotowania biblioteki (z krokiem PCR lub bez)</li> <li>ii. Biblioteki przygotowane będą tylko i wyłącznie przy użyciu oryginalnych, licencjonowanych i zweryfikowanych materiałów Illuminy. Strona zamawiająca nie dopuszcza użycia nieoryginalnych odpowiedników i niezwalidowanych zestawów</li> <li>iii. Sposób przygotowania bibliotek zapewni 100% kompatybilność z platformami Illuminy (sekwencje adapterów i długość insertu).</li> <li>iv. Po przygotowaniu biblioteki zostaną zweryfikowane, a następnie sprawdzone pod kątem długości fragmentów przy użyciu chipa DNA1000 na platformie Bioanalyzer2100.</li> </ol>	Zgodna z liczbą transzy	w cenie usługi

	<p>c. Dokona sekwencjonowania przygotowanych bibliotek na platformie Illumina NovaSeq X w trybie odczytów sparowanych 2x150bp.</p> <p>i. Dla każdej próbki strona zamawiająca wymaga uzyskania przynajmniej 120 Gpz danych, pozwalając na uzyskanie mapowalnej głębokości rzędu x30.</p> <p>ii. Przynajmniej 80% zsekwencjonowanych par zasad powinno mieć jakość Q30 lub więcej.</p> <p>d. Po ukończeniu sekwencjonowania wykonawca dostarczy:</p> <p>i. Raport zawierający podsumowanie zastosowanej metody, a także parametry podsumowujące sekwencjonowanie każdej z próbek (ilość przeczytanych par zasad, proporcje GC, wykresy podsumowujące jakość cykli)</p> <p>ii. Dane w formacie fastq, tj. po konwersji z formatu BCL na format fastq</p> <p>iii. Dla każdej z próbek dostarczone zostaną dwa pliki Fastq (read1 i read2)</p>		
	<p>Wyniki z całości eksperymentu udostępnione zostaną stronie zamawiającej w chmurze do przechowywania danych wyłącznie przeznaczonym dla tego projektu i udostępnionym tylko dla Zamawiającego (użytkownika). Koszty uwzględnione zostały w ofercie cenowej.</p>		<p><b>*należy wskazać jednostkową cenę</b></p>
3.	<p>Koszty transportu próbek od Zamawiającego do Wykonawcy (przesyłka kurierska)</p>	<p>Zgodna z liczbą transzy</p>	<p>w cenie usługi dla 10 i więcej próbek</p>

4. Za prawidłowe wykonanie usługi uważa się:

- a. Otrzymanie surowych danych z sekwencjonowania całego genomu dla 100 przesłanych próbek ludzkiego DNA z materiału powierzonego przez Zamawiającego
  - b. Wykonanie sekwencjonowania całego genomu na platformie Illuminy NovaSeqX, w konfiguracji odczytu 2x150 par zasad (pair end) z insertem 350 bp, o pokryciu min. 30x
  - c. Dostarczenie danych surowych po wykonaniu usługi w terminie do 6 tygodni, począwszy od dnia weryfikacji parametrów jakościowych dostarczonego materiału DNA, spełniającego kryteria wymagane dla tego typu analizy (określone powyżej)
  - d. Dostarczenie Zamawiającemu danych sekwencjonowania w chmurze do przechowywania danych.
5. Koszt wysyłki próbek DNA z siedziby Zamawiającego do Wykonawcy (transport kurierem) pokrywa Wykonawca.
  6. Czas wykonania usługi nie przekroczy 6 tygodni od momentu pozytywnej weryfikacji jakości próbek.
  7. 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).
  8. Dane zostaną nieodwracalnie usunięte po maksymalnie 6 miesiącach lub na wyraźne życzenie strony zamawiającej.
  9. W ramach usługi, usługodawca zapewnia spersonalizowany dostęp do systemu zarządzania (LIMS) celem weryfikacji aktualnego statusu eksperymentu.
  10. W ramach usługi, zleceniodawca informowany jest na bieżąco o postępach i etapach pracy nad zleconymi próbkami poprzez regularną komunikację z dedykowanym managerem projektu.
  11. Usługa obejmuje wsparcie techniczne i opiekę techniczną nad użytkownikiem.
  12. Eksperyment nie będzie realizowany we współpracy z innymi podmiotami tudzież przy użyciu podwykonawców lub pośredników.
  13. Zapłata należności za prawidłowo wykonaną usługę nastąpi w terminie 30 dni od dostarczenia przez Wykonawcę faktury.