

## OPIS PRZEDMIOTU ZAMÓWIENIA

Przedmiotem zamówienia jest sukcesywna usługa sekwencjonowania metodą nowej generacji (NGS) na platformie Illumina, w ramach projektu „Mutacje nabywane w trakcie rozwoju i życia człowieka powodujące zwiększone ryzyko chorób, w szczególności nowotworów” realizowanego w Programie na Rzecz Nauki Polskiej pt. „Międzynarodowe Agendy Badawcze” finansowanym ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój, Oś IV: Zwiększenie potencjału naukowo-badawczego, Działanie 4.3. Międzynarodowe Agendy Badawcze, nr umowy MAB/2018/6.

### Szczegółowy zakres świadczenia usługi:

1. Usługa składa się z dwóch integralnych części: oceny jakości dostarczonych bibliotek oraz sekwencjonowania.
2. Sekwencjonowanie przeprowadzone zostanie na platformie Illuminy:

#### PAKIET PODSTAWOWY:

- I. NovaSeq: ścieżka w komorze przepływowej S4 w konfiguracji 2x150bp (maksymalną pojemność 2400-3000 GB, 8-10\*10<sup>9</sup> odczytów na ścieżce) – **1 zlecenie**
- II. HiSeqX: ścieżka w komorze w konfiguracji 2x150bp (maksymalna pojemność 800-900 Gb, 2-3\*10<sup>9</sup> odczytów na ścieżkę) – **2 zlecenia**
- III. Sekwencjonowanie całego egsonu WES (Whole Exome Sequencing) z przygotowaniem biblioteki genomowej kitem V7/V8 SureSelect Agilent w konfiguracji 14Gbp-x100 mapowalne - **30 zleceń**
- IV. Kontrola jakości bibliotek – **20 zleceń**

#### PAKIET OPCJONALNY:

- V. NovaSeq:
  - a) Ścieżka w komorze przepływowej S2 w konfiguracji 2x50 bp (maksymalna pojemność 300-400 GB, 3-4\*10<sup>9</sup> odczytów na ścieżkę) – **1 zlecenie**
  - b) Ścieżka w komorze przepływowej S4 w konfiguracji 2x150bp (maksymalną pojemność 2400-3000 GB, 8-10\*10<sup>9</sup> odczytów na ścieżce) – **8 zleceń**
- VI. HiSeqX: ścieżka w konfiguracji 2x150bp (maksymalna pojemność 800-900 Gb, 2-3\*10<sup>9</sup> odczytów na ścieżkę) – **13 zleceń**
- VII. Sekwencjonowanie całego egsonu WES (Whole Exome Sequencing) z przygotowaniem biblioteki genomowej kitem V7/V8 SureSelect Agilent 2 konfiguracji 6Gbp-x50 mapowalne – **1 zlecenie**
- VIII. Sekwencjonowanie całego egsonu WES (Whole Exome Sequencing) z przygotowaniem biblioteki genomowej kitem V7/V8 SureSelect Agilent w konfiguracji 14Gbp-x100 mapowalne - **170 zleceń**
- IX. Sekwencjonowanie całego egsonu WES (Whole Exome Sequencing) z przygotowaniem biblioteki genomowej kitem V7/V8 SureSelect Agilent w konfiguracji 24Gbp -x200 mapowalne– **1 zlecenie**

- X. Kontrola jakości biblioteki – **90 zleceń**
  - XI. Pulowanie bibliotek (do 96 prób) – **30 zleceń**
3. Rzeczywista ilość zamówionych odczytów w danej komorze będzie zależna od kierunku badań i bieżących potrzeb Zamawiającego.
  4. Zamawiający dostarczy pulowane biblioteki genomowe przygotowane kitem Illumina komercyjnym, oryginalnym, zwalidowanym. Zamawiający zastrzega sobie możliwość przygotowania bibliotek przez Wykonawcę kitem Illumina komercyjnym, oryginalnym, zwalidowanym. Zamawiający nie dopuszcza wykorzystania zamienników kompatybilnych z platformą Illumina.
  5. Próbkę dostarczane będą sukcesywnie w partiach liczących określoną liczbę przygotowanych przez Zamawiającego prób. Ilość próbek będzie zależała od ilości eksperymentów i pulowanych próbek przez Zamawiającego
  6. Koszty transportu lotniczego przy pomocy poczty kurierskiej (bez suchego lodu) poniesie Wykonawca.
  7. Zamawiający wymaga sprawdzenia wymaganych parametrów ilościowych przy użyciu metod fluorometrycznych i qPCR, jakościowych przy pomocy metod elektroforetycznych i/lub techniki mikroprzepływów.
  8. W przypadku negatywnej weryfikacji jakości próbki/próbek, Wykonawca zezwala na jednokrotne dostarczenie dodatkowego materiału na swój koszt.
  9. W zależności od ilości próbek, Wykonawca zobowiązany jest przeznaczyć całą ścieżkę lub komorę przepływową na potrzeby Zamawiającego. Zamawiający nie dopuszcza łączenia próbek w przebiegu z próbkami zewnętrznymi.
  10. Wynikom eksperymentu towarzyszyć będzie raport podsumowujący zawierający m.in.:
    - a) Informacje na temat metody i procedury eksperymentalnej,
    - b) Zbiorcze podsumowanie eksperymentu (informacje dotyczące próbek, samego przebiegu oraz opracowanie statystyczne pozwalające na ocenę jakości sekwencjonowania i pokrycia próbek).
  11. Po zakończeniu eksperymentu, dane surowe w formacie FASTQ będą udostępnione Zamawiającemu poprzez dedykowany serwer FTP lub poprzez jakiegokolwiek inny protokół umożliwiający bezpieczny tryb dostępu.
  12. Wykonawca dostarczy dane na nośniku (SSD, HDD, pamięć USB) dostarczonym przez Zamawiającego.
  13. Usługodawca gwarantuje, że wszystkie wygenerowane dane będą nieodwracalnie usunięte po maksymalnie 6 miesiącach. Dane nie będą przechowywane, wykorzystywane na użytek Wykonawcy oraz nie będą udostępnione osobom trzecim. Wykonawca dostarczy protokół zniszczenia danych.
  14. W ramach usługi Zamawiający będzie informowany na bieżąco o postępach i etapach pracy nad zleconymi próbkami poprzez regularną komunikację z Wykonawcą.
  15. Zamawiający nie dopuszcza powierzenia realizacji zamówienia podwykonawcom oraz podmiotom outsourcingu.