

Opis przedmiotu zamówienia

Przedmiotem zamówienia jest: usługa sekwencjonowania totalnego RNA metodą NGS (Sekwencjonowanie Następnej Generacji) w ramach Projektu realizowanego przez Zamawiającego – Lidera Konsorcjum – Projekt pn. „Strategia przeciwdziałania uodpornianiu się chwastów na herbicydy jako istotny czynnik zapewnienia zrównoważonego rozwoju agroekosystemu” współfinansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu „Środowisko naturalne, rolnictwo i leśnictwo” BIOSTRATEG, Umowa Nr BIOSTRATEG3/347445/1/NCBR/2017.

PRZEDMIOT ZAMÓWIENIA: Etapy

- I. Dostarczenie Wykonawcy przez Zamawiającego 34 próbek totalnego RNA wyizolowanego z roślin miotły zbożowej (*Apera spica-venti*) w suchym lodzie.
- II. Wykonawca-Analiza jakości pięciu wybranych próbek totalnego RNA:
 - Wstępna analiza jakości pięciu losowych próbek
 - Informacja zwrotna do Zamawiającego dotycząca kontroli jakości (stężenie, profil z urządzenia Bioanalyzer, współczynnik integralności RNA (RIN)).
- III. Wykonawca-Sekwencjonowanie RNA w celu stworzenia referencyjnego transkryptomu dwóch próbek totalnego RNA wyizolowanych z odpornych i wrażliwych biotypów *Apera spica-venti*.
 - Analiza jakości próbek
 - Przygotowanie bibliotek z wykorzystaniem zestawu TruSeq Stranded Total RNA with Ribo-Zero rRNA removal kit (Plant) firmy Illumina
 - Analiza jakości bibliotek
 - Długość uzyskanych odczytów: 2 x 100 par zasad
 - Uzyskanie 100 milionów klastrów (20 Gb +/- 10%) na próbkę
 - Uzyskanie surowych danych w postaci plików FASTQ (trimmed)
 - Przekazanie uzyskanych danych Zamawiającemu.
- IV. Przekazanie Wykonawcy przez Zamawiającego transkryptomu referencyjnego i jego drożenie w łańcuch przetwarzania danych Wykonawcy.
- V. Wykonawca-Sekwencjonowanie 32 próbek totalnego RNA wyizolowanego z roślin miotły zbożowej:
 - Wstępna analiza jakości wszystkich próbek RNA
 - Przygotowanie bibliotek
 - Analiza jakości uzyskanych bibliotek z wykorzystaniem zestawu TruSeq Stranded Total RNA with Ribo-Zero rRNA removal kit (Plant) firmy Illumina
 - Sekwencjonowanie na urządzeniu NovaSeq 6000
 - Długość uzyskanych odczytów: 2 x 100 par zasad
 - Uzyskanie 50 milionów klastrów (10 Gb +/- 10%) na próbkę
 - Dostarczenie surowych danych (plików trimmed FASTQ), zmapowanych danych (plików BAM), znormalizowanych liczb odczytów na gen (plików TSV)
- VI. Analiza bioinformatyczna:
 - Analiza różnicowej ekspresji genów
 - Wykonanie czterech porównań między dwoma grupami – uzyskanie plików TSV.

VII. Dostarczenie surowych danych i wyników analiz bioinformatycznych na dysku HDD Zamawiającemu (2 wysyłki: dostarczenie surowych danych dotyczących transkryptomu referencyjnego, dostarczenie wyników analizy ekspresji genów).

Dodatkowo:

- W ramach usługi Zamawiający informowany jest na bieżąco o etapach pracy nad analizami poprzez regularną komunikację z Wykonawcą.
- Czas wykonania usługi: orientacyjnie dla:
Etap III: max.20 dni roboczych (nie dłużej niż 1 miesiąc)
Etap V i VI: max. 30 dni roboczych (nie dłużej niż 1,5 miesiąca)
- Wykonawca: certyfikowany oferent usług sekwencjonowania Agilent i Illumina.
Certyfikaty: CAP, CLIA, ISO.
- Zamawiający nie dopuszcza możliwości powierzenia wykonania zamówienia ani żadnej z jego części podwykonawcom. Wykonawca musi bezpośrednio, osobiście wykonać analizy na własnej aparaturze (bez pośredników).

INSTYTUT OCHRONY ROŚLIN - PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY