



DZIAŁ ZAMÓWIEŃ PUBLICZNYCH



NARODOWE CENTRUM NAUKI

Poznań, 24.05.2024 r.

nr postępowania: AZ.262.823.2024

Wyjaśnienia dotyczące treści SWZ

Dotyczy postępowania prowadzonego w trybie podstawowym w przedmiocie: **Przeprowadzenie usługi sekwencjonowania mRNA i całogenomowego DNA z liści dzikich gatunków łubinów**

Na podstawie art. 284 ust. 2 ustawy z dnia 11 września 2019 roku Prawo zamówień publicznych (t.j. Dz. U. z 2023 r. poz. 1605 ze zm.) w związku z wnioskiem o wyjaśnienie treści SWZ złożonym przez Wykonawcę Zamawiający poniżej udziela wyjaśnień.

Pytanie 1:

1. Czy spodziewany rozmiar genomu łubinów dzikich jest zbliżony do łubinu pospolitego (~50Mbp)?

Odpowiedź:

Poniżej Zamawiający przedstawia szacowane wielkości (haploidalnych) genomów wybranych gatunków łubinów, których genomy planuje zsekwencjonować (po 2 genotypy na gatunek):

- L. atlanticus - ~800 Mbp
- L. cosentinii - ~700 Mbp
- L. hispanicus - ~1070 Mbp
- L. palaestinus - ~685 Mbp
- L. pilosus - ~680 Mbp
- L. micranthus - ~460 Mbp

Pytanie 2:

W związku z faktem, iż platformy Long Reads (m.in. Revio) są bardzo wrażliwe na jakość materiału, czy zamawiający jest w stanie dostarczyć przynajmniej 8ug DNA, DIN>7.0, średni rozmiar fragmentu >20.000bp?

Odpowiedź:

Podczas izolacji HMW DNA Zamawiający będzie kierować się protokołem opisanym w tej publikacji <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC10278927/>, który został sprawdzony dla różnych gatunków roślin i w dużej mierze generują próby spełniające opisane przez Państwa kryteria. Niestety Zamawiający nie jest w stanie zagwarantować, że wszystkie przygotowane przez niego próbki będą owe kryteria spełniać, ponieważ próby pochodzą będą od różnych gatunków a DNA nie zostało jeszcze wyizolowane. Dlatego też w warunkach zamówienia Zamawiający wspomina o min. dwukrotnej możliwości dostania prób w przypadku nie spełnienia wymaganych parametrów. W takim przypadku Zamawiający liczy na współpracę i kontakt z wybranym Wykonawcą oraz pomoc w wyborze odpowiedniej metody izolacji.

Pytanie 3:

Dane surowe z 470 próbek, 15Gbp na próbkę, osiągną rozmiar niemalże 4Tbajtów. Pobranie takiej ilości danych bezpośrednio z serwera jest technicznie niemożliwe. Czy zamawiający wyraża zgodę na dostawę danych jedynie na dyskach fizycznych, ewentualnie download z komercyjnego serwera w chmurze?

Odpowiedź:

Zamawiający wyraża zgodę na dostarczenie wyników sekwencjonowania na dyskach twardej oraz na możliwość pobrania z komercyjnych serwerów w chmurze.

Pytanie 4:

Czy pisząc o pokryciu x30, zamawiający ma na myśli pokrycie surowe (przyjmując rozmiar genomu 50Mbp)- 1.5Gbp danych, czy też pokrycie mapowalne (>1.5Gbp danych).

Odpowiedź:

Pisząc o pokryciu 30x Zamawiający ma na myśli pokrycie surowe. Jednocześnie proszę pamiętać, że szacunkowe rozmiary genomów podane są w odpowiedzi do Pytania nr 1 powyżej.

Pytanie 5:

Czy zamawiający wyraża zgodę na zmianę kryterium "co najmniej jednej usługi badawczej o wartości minimum 100 000,00 zł brutto, polegającej na sekwencjonowaniu RNA i/lub DNA z wykorzystaniem platformy PacBio." na wartość minimum 50.000 PLN netto? Wartość 100.000 PLN implikuje użycie przynajmniej 8 komórek Revio w jednym eksperymencie, a z racji specyfikacji tej platformy- takich zamówień nie ma. Co więcej, rozmiar zamówienia jest znacznie mniejszy niż 7-8 komórek.

Odpowiedź:

Zamawiający podtrzymuje zapisy Specyfikacji Warunków Zamówienia dotyczące warunków udziału w postępowaniu.

W warunkach dotyczących zdolności technicznej lub zawodowej opisanych w SWZ minimalna wartość zrealizowanych usług dotyczy całości wykonanej usługi/zlecenia/umowy a nie wartości pojedynczej analizy. Ponadto, wielkości genomów badanych gatunków są 10-20x większe niż w Państwa założeniach.

Pytanie 6:

Średni rozmiar insertu w bibliotekach SMRT HiFi to 15kbp. Długość odczytu będzie oscylowała wokół średniej długości. Nie wszystkie odczyty będą dokładnie tej długości. Czy zamawiający bierze tę limitację technologiczną pod uwagę przy przyznawaniu punktów dodatkowych w specyfikacji technicznej/jakościowej?

Odpowiedź:

Tak, Zamawiający bierze omawianą limitację technologiczną pod uwagę. Określając "**minimalną długość odczytów - 15kb**" w warunkach zamówienia zakłada, że **średnia długość odczytów nie będzie mniejsza niż 15kb**. Niemniej Zamawiający dopuszcza możliwość pojawienia się nowszej/ulepszonej technologii, generującej **odczyty o średniej długości większej niż wspomniane 15kb**, w związku z czym punkt ten ma na celu dodatkowe promowanie jej użycia.

Sekretarz Komisji Przetargowej


Magdalena Węgrzynowicz