***Postępowanie nr ZP/40/2020***

***Załącznik nr 1*** *do SIWZ*

**OPIS PRZEDMIOTU ZAMÓWIENIA**

Przedmiotem zamówienia jest sukcesywna usługa sekwencjonowania pulowanych bibliotek genomowych 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.*

**Wartość przyszłej umowy w okresie jej obowiązywania nie przekroczy kwoty brutto: 800.000,00 PLN.**

**Szczegółowy zakres świadczenia usługi:**

1. Usługa składa się z trzech  integralnych części: oceny jakości dostarczonych bibliotek, pulowania ekwimolarnego oraz sekwencjonowania.
2. Sekwencjonowanie przeprowadzone zostanie na platformie Illuminy, w trybie odczytów sparowanych (pair-end):
3. w komorze przepływowej S2 w konfiguracji 2x50 bp w komorze przepływowej (maksymalna pojemność 200);
4. w komorze przepływowej S4 w konfiguracji 2x150bp (maksymalna pojemność 750 Gbp, 5 \* 10 ^ 9 odczytów na ścieżce).
5. Ilość zamówionych odczytów w komorze S2 szacowana jest na poziomie 5 zleceń a w komorze S4 na poziomie 22 zleceń.Rzeczywista ilość zamówionych odczytów w danej komorze będzie zależna od kierunku badań i bieżących potrzeb Zamawiającego.
6. Zamawiający dostarczy pulowane biblioteki genomowe przygotowane kitem komercyjnym kompatybilinym z platformami Illumina.
7. Próbki dostarczane będą sukcesywnie w partiach liczących określoną liczbę przygotowanych przez Zamawiającego pulowanych bibliotek genomowych. Ilość bibliotek genomowych będzie zależała od ilości eksperymentów i pulowanych próbek przez Zamawiającego.
8. Koszty transportu lotniczego przy pomocy poczty kurierskiej (bez suchego lodu) poniesie Wykonawca.
9. Zamawiający wymaga sprawdzenia wymaganych parametrów ilościowych przy użyciu metod fluorometrycznych i qPCR , jakościowych przy pomocy metod spektrofotometrycznych oraz elektroforezy przed przystąpieniem do sekwencjonowania.
10. W przypadku negatywnej weryfikacji jakości próbki/próbek, Wykonawca zezwala na jednokrotne dostarczenie dodatkowego materiału na swój koszt.
11. 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.
12. Wynikom eksperymentu towarzyszyć będzie raport podsumowujący zawierający m.in.:
	1. Informacje na temat metody i procedury eksperymentalnej,
	2. Zbiorcze podsumowanie eksperymentu (informacje dotyczące próbek, samego przebiegu oraz opracowanie statystyczne pozwalające na ocenę jakości sekwencjonowania i pokrycia próbek).
13. Po zakończeniu eksperymentu, dane surowe w formacie FASTQ będą udostępnione Zamawiającemu poprzez dedykowany serwer FTP lub poprzez jakikolwiek inny protokół umożliwiający bezpieczny tryb dostępu.
14. Wykonawca dostarczy dane na nośniku (SSD, HDD, pamięć USB) dostarczonym przez Zamawiającego.
15. 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.
16. W ramach usługi Zamawiający zapewni spersonalizowany dostęp do systemu zarządzania celem weryfikacji aktualnego statusu eksperymentu.
17. W ramach usługi Zamawiający będzie informowany na bieżąco o postępach i etapach pracy nad zleconymi próbkami poprzez regularną komunikację z Wykonawcą.
18. Usługa obejmuje wsparcie techniczne i opiekę techniczną nad użytkownikiem.
19. Zamawiający nie dopuszcza powierzenia realizacji zamówienia podwykonawcom oraz podmiotom outsourcingu.