



INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN POLSKIEJ AKADEMII NAUK

Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Tel. centrala: 61 6550200, sekretariat: 61 6550255 E-mail: office@igr.poznan.pl www.igr.poznan.pl
NIP: 7811621455 REGON: 000326204 BDO: 000017736

znak sprawy: IGR/ZP/066/06/2022

Poznań, dnia 9 czerwca 2022 r.

Zawiadomienie

Dotyczy: ZAPYTANIA OFERTOWEGO na usługę sekwencjonowania transkryptomów metodą NGS z zastosowaniem technologii Illuminy.

Wykonawcy zadali pytania następującej treści:

Pytanie 1 – Dotyczy „Opisu przedmiotu zamówienia”

"sekwencjonowanie w trybie sparowanych odczytów: 2x1 5 0bp, przy zakładanej liczbie odczytów minimum 4 5 50 mln na próbę wykonane zestawem dedykowanym dla technologii Illuminy HiSeq4000, NovaSeq6000"

Czy zamawiający ma na myśli 45-50mln odczytów CAŁKOWITYCH (tj. 22.5-25 mln par odczytów) czy też 45-50mln PAR (konsekwentnie- 90-100 mln odczytów całkowitych)?

Odpowiedź 1 - Zamawiający wymaga minimum 45-50 mln PAR odczytów na próbę.

Pytanie 2 - Dotyczy „Opisu przedmiotu zamówienia”

"udostępnianie surowych danych w formacie FASTQ poprzez odpowiednio szybki serwer internetowy"

Czy zamawiający wyraża zgodę na możliwość dostarczenia danych na nośniku fizycznym zamiast downloadu z dedykowanego serwera. Dane surowe 198 próbek, przy zakładanej przepustowości zajmować będą ponad 1Tbajt, a pobieranie takiej ilości danych, ze względu na limitacje technologiczne, może być co najmniej uciążliwe.

Odpowiedź 2 - Dotyczy „Opisu przedmiotu zamówienia”

Zamawiający nie wyraża zgody na dostarczenie danych na nośniku fizycznym zamiast udostępnienia ich poprzez serwer internetowy.

Pytanie 3 - Dotyczy „Opisu przedmiotu zamówienia”

"przygotowanie bibliotek cDNA typu "stranded" dla wszystkich dostarczonych prób RNA poprzez selekcję poly A c) sekwencjonowanie w trybie sparowanych odczytów: 2x1 5 0bp, przy zakładanej liczbie odczytów minimum 4 5 50 mln na próbę wykonane zestawem dedykowanym dla technologii Illuminy HiSeq4000, NovaSeq6000"

- czy zamawiający wymaga użycia oryginalnych i zwalidowanych produktów Illuminy, czy też dopuszcza użycie odpowiedników/zamienników?

Odpowiedź 3 - Dotyczy „Opisu przedmiotu zamówienia”

Zamawiający dopuszcza użycie odpowiednio zwalidowanych odpowiedników/zamienników do przygotowania bibliotek o ile ich zastosowanie zapewnia jakość uzyskanych danych na poziomie równym lub wyższym co oryginalne produkty Illuminy - jest to odpowiedzialność Wykonawcy.

Pytanie 4 - Dotyczy „warunków udziału w postępowaniu”

Czy zamawiający wyraża zgodę na zmianę niniejszego wymogu:

"w okresie ostatnich trzech lat przed upływem terminu składania ofert, a jeżeli okres prowadzenia działalności jest krótszy w tym okresie, wykonał należycie co najmniej dwie usługi (zakończone realizację) sekwencjonowania transkryptomów metodą NGS, z zastosowaniem technologii Illuminy o wartości nie niższej niż 150 000,00 złotych brutto każda"

Podana kwota 150000 złotych brutto za jedno zlecenie (zamówienie) nieco odbiega od rzeczywistości, gdyż tak duże projekty RNA, ze względu na charakterystykę materiału i ustawienia eksperymentalne są rzadkością nie tylko w Polsce i Europie, ale na całym świecie. Sugerowałbym obniżenie tej wartości do realnych, średnich wartości projektów (tj. 50.000 PLN), ewentualnie zmianę zapisu na "o łącznej wartości 150000 polskich złotych brutto na rzecz jednego podmiotu".

Odpowiedź 4

Zamawiający zmienia warunek dotyczący wykonanych usług, w związku z tym punkt 3, podpunkt 1) otrzymuje brzmienie:

1) w okresie ostatnich trzech lat przed upływem terminu składania ofert, a jeżeli okres prowadzenia działalności jest krótszy – w tym okresie, wykonał należycie co najmniej dwie usługi (zakończone umowy) sekwencjonowania transkryptomów metodą NGS, z zastosowaniem technologii Illuminy o łącznej wartości 150 000 PLN brutto na rzecz jednego podmiotu.

Pytanie 5 – Dotyczy „Opisu przedmiotu zamówienia”

Prosimy o wyrażenie zgody na złożenie oferty na sekwencjonowanie w trybie 2 x 100 bp, ponieważ w tego typu eksperymentach ważna jest liczba odczytów.

Odpowiedź 5

Zamawiający nie wyraża zgody na sekwencjonowanie w trybie 2 x 100 bp.

Pytanie 6 - Dotyczy „Opisu przedmiotu zamówienia”

Czy wymagane jest uzyskanie 25 M klastrów = 50 M odczytów w sumie na próbkę ?

Odpowiedź 6

Zamawiający wymaga minimum 45-50 mln PAR odczytów na próbę.

Zastępca Dyrektora
ds. Administracyjnych


mgr Joanna Dutkiewicz