Zakład Anatomii Prawidłowej

**Kierownik Zakładu Anatomii Prawidłowej**

**Dr n. med. Zygmunt Domagała**

Zamawiający, Uniwersytet Medyczny im. Piastów Śląskich, zwraca się z uprzejmą prośbą o przesłanie oferty na wykonanie zadania: Masowe sekwencjonowanie, analiza SNP (tolerancja laktozy, Y-SNP), mtDNA. 100 próbek pochodzących z wykopalisk archeologicznych**.**

**W związku z powyższym, zwracam się z uprzejmą prośbą o wycenę usługi, z podziałem na zadania:**

- Ekstrakcja i izolacja kopalnego DNA, z dostarczonych przez Zleceniodawcę materiałów kostnych takich jak: zęby, kości czaszki, kosteczki słuchowe (100 szt.)

- Przygotowanie bibliotek w technologii Next Generation Sequencing (NGS) i wykonanie płytkiego sekwencjonowania 100 szt. (1x75 bp) (tzw. Screening sequencing), uzyskanych izolatów, kontroli etapów izolacji oraz kontroli przygotowania bibliotek NGS.

- Wykonanie raportu zbiorczego, podsumowującego parametry jakościowe, liczbę uzyskanych odczytów (min. 3 mln per próbka), oznaczenie płci molekularnej, poziomu kontaminacji, liczby duplikatów oraz zawartości endogennego, ludzkiego DNA w sekwencjonowanych bibliotekach NGS.

- Przygotowanie co najmniej 50 bibliotek (full uracil–DNA–glycosylase treatment), z uwzględnieniem minimalnej zawartości ludzkiego DNA powyżej 30% endogennego DNA, zgodnie z protokołem Rohland et al. 2015, z użyciem enzymu USER, oraz ich sekwencjonowanie NGS (np. 2x50 bp), pozwalające otrzymać min. 100 mln odczytów per próbka (razem z kontrolami etapów przygotowania bibliotek NGS).

- Wykonanie raportu zbiorczego, podsumowującego parametry jakościowe, liczbę uzyskanych odczytów, oznaczenia płci molekularnej, poziomu kontaminacji, liczby duplikatów, haplogrup mtDNA oraz chromosomu Y.

- Przekazanie dokumentacji związanej z każdą analizowaną próbką kostną: fotografia przed przystąpieniem do badań z numerem identyfikacyjnym, gramatura użytego materiału kostnego do badań, raport dotyczący ilościowego oznaczenia wszystkich bibliotek metodą qPCR lub mikroprzepływów (np. Bioanalyzer), raporty sekwencjonowań, zawierające informacje na temat użytych indeksów, parametrów sekwencjonowania, jakości i ilości odczytów.

Zleceniodawca zastrzega wymóg opracowania przekazanych materiałów kostnych na każdym etapie procedowania w warunkach laboratorium typu clean-room, przeznaczonym do pracy tylko z materiałem kopalnym. Badania powinny zostać zakończone do końca stycznia 2022. Proszę o podanie ceny brutto i netto wraz z opisem dla pojedynczej próbki oraz dla płytkiego sekwencjonowania zestawu 100 próbek oraz finalnego sekwencjonowania dla zestawu 50 najlepszych próbek.

Przy wyborze najkorzystniejszej oferty Zamawiający zastosuje następujące kryteria oceny ofert cena realizacji przedmiotu zamówienia – 100 %.

Ofertę należy przesłać do dnia **21.09.2021** do godz. **12:00** pocztą elektroniczną na adres: [pawel.dabrowski@umed.wroc.pl](mailto:pawel.dabrowski@umed.wroc.pl) oraz monika.komorowska@umed.wroc.pl.

Z upoważnienia Rektora

**Z-ca Dyrektora Generalnego ds. Organizacyjnych**

**m**gr Patryk Hebrowski