



Łódź, 05.02.2025r.

Do wszystkich Wykonawców
ubiegających się o udzielenie zamówienia

TREŚĆ ZAPYTAŃ I WYJAŚNIEŃ DO SWZ

Numer sprawy: **W1/ZP-1/2025**

Nazwa zamówienia: **Usługa sekwencjonowania RNA za pomocą NGS wraz z analizą bioinformatyczną w celu profilowania transkryptomu (część I) oraz Wynajem urządzenia analitycznego- spektrometru mas sprzężonego z chromatografem cieczowym (LC-MS) w celu wykonania analiz proteomicznych w oparciu o technikę SHOTGUN (część II)**

Działając na podstawie Regulaminu udzielania Zamówień Publicznych przez PŁ, Zamawiający informuje, że w dniu 04.02.2025r., wpłynęły pytania, w których wykonawcy zwrócili się do zamawiającego z wnioskiem o wyjaśnienie treści SWZ.

W związku z powyższym, zamawiający udziela następujących wyjaśnień:

Pytanie 1:

Czy Zamawiający opisując w specyfikacji przedmiotu zamówienia izolację total RNA i przygotowanie bibliotek mRNA rozumie wykorzystanie zestawu z deplecją oraz wytworzenie bibliotek typu stranded? np. w naszej pracy używamy rutynowo do otrzymania tego typu bibliotek z zadowalającymi efektami zestawu "Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus". Czy Zamawiający akceptuje więc użycie tego zestawu do przygotowania bibliotek?

Odpowiedź: Zamawiający akceptuje zaproponowane zestawy do przygotowania bibliotek.

Pytanie 2:

Czy przez oczekiwany uzysk danych "10 mln odczytów na próbkę" Zamawiający potwierdza, że rozumie to jako 10 mln par odczytów (read pairs), tj. 20 mln sparowanych odczytów (paired-end reads) na próbkę?

Odpowiedź: Zamawiający potwierdza, że 10 mln par odczytów, tj. 20 mln sparowanych odczytów (paired-end reads) na próbkę.



Pytanie 3:

Czy w przypadku stwierdzenia przez Wykonawcę słabej jakości próbki Zamawiający deklaruje bezzwłoczne dostarczenie zamiennika?

Odpowiedź: Zamawiający deklaruje bezzwłoczne dostarczenie zamiennika w przypadku stwierdzenia przez Wykonawcę słabej jakości próbki.

Pytanie 4:

Czy w ramach oczekiwanych analiz bioinformatycznych Zamawiający rozumie:

- przygotowanie listy wszystkich genów zidentyfikowanych podczas analizy (ID number i symbol genu) z wartościami FOLD change (FC) i p-value w postaci tabeli w excel
- wytworzenie tzw. volcano plots dla każdej próbki
- przygotowanie diagramów Venna
- wytworzenie tzw. heat maps dla hierarchial clustering - dla grup próbek sprecyzowanych przez Zamawiającego
- wykresy z analizy PCA
- adnotacja funkcji genów w Gene Ontology.

Odpowiedź: Zamawiający potwierdza, że jako oczekiwane analizy bioinformatyczne rozumie:

- przygotowanie listy wszystkich genów zidentyfikowanych podczas analizy (ID number i symbol genu) z wartościami FOLD change (FC) i p-value w postaci tabeli w excel
- wytworzenie tzw. volcano plots dla każdej próbki
- przygotowanie diagramów Venna
- wytworzenie tzw. heat maps dla hierarchial clustering - dla grup próbek sprecyzowanych przez Zamawiającego
- wykresy z analizy PCA
- adnotacja funkcji genów w Gene Ontology.

Zamawiający informuje, że powyższe odpowiedzi są integralną częścią SWZ i Wykonawcy zobowiązani są uwzględnić je w treści swoich ofert.