Załącznik nr 1 do SWZ

OPIS PRZEDMIOTU ZAMÓWIENIA

CZĘŚĆ 1.

Sukcesywne wykonanie usług badawczych - sekwencjonowanie standardowe z czyszczeniem i bez czyszczenia, odczyt gotowych reakcji sekwencjonowania, sekwencjonowanie Extra Long Run, synteza oligonukleotydów o różnych długościach

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Lp.** | **usługa** | **Liczba usług** |
| 1 | Sekwencjonowanie standardowe (odczyt do 500-800 nukleotydów w zależności od jakości matrycy) bez czyszczenia | 350 |
| 2 | Sekwencjonowanie standardowe (odczyt do 500-800 nukleotydów w zależności od jakości matrycy) z czyszczeniem produktu reakcji amplifikacji | 350 |
| 3 | Sekwencjonowanie Extra Long Run (odczyt do 1100 nukleotydów w zależności od jakości matrycy | 340 |
| 4 | Odczyt gotowych reakcji sekwencjonowania | 8500 |
| 5 | Synteza oligonukleotydów DNA o długości od 15 do 33 nukleotydów, skala 20 nmol, oczyszcz. Standard | 30 |
| 6 | Synteza oligonukleotydów DNA o długości od 15 do 80 nukleotydów, skala 40 nmol, oczyszcz. Standard | 30 |
| 7 | Synteza oligonukleotydów DNA o długości od 15 do 80 nukleotydów, skala 200 nmol, oczyszcz. Standard | 20 |
| 8 | Synteza oligonukleotydów DNA o długości od 15 do 33 nukleotydów, skala 20 nmol, oczyszcz. HPLC | 20 |
| 9 | Synteza oligonukleotydów DNA o długości od 15 do 80 nukleotydów, skala 40 nmol, oczyszczanie HPLC | 20 |
| 10 | Synteza oligonukleotydów DNA o długości od 15 do 80 nukleotydów, skala 200 nmol, oczyszcz. HPLC | 20 |
| 11 | Synteza oligonukleotydów DNA znakowanych pojedynczo, o długości od 15 do 80 nukleotydów, skala 200 nmol, oczyszcz. HPLC - Dowolne znakowanie fluoroscencyjne końca 5’, 3’ lub obu końców | 10 |
| 12 | Synteza oligonukleotydów DNA znakowanych podwójnie, o długości od 15 do 80 nukleotydów, skala 200 nmol, oczyszcz. HPLC - Dowolne znakowanie fluoroscencyjne końca 5’, 3’ lub obu końców | 10 |
| 13 | Termin wykonania próbek max. do 3 dni roboczych od złożenia zamówienia. |  |

CZĘŚĆ 2:

Wykonanie analizy białek metodą spektrometrii mas - preparatyka, czyszczenie, pomiar stężenia, przebieg MS, analiza danych

1. **Usługa analizy ilościowej label – free frakcji białkowych z komórek glejowych – 48 próbek**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Lp.** | **Usługa**  | **Liczba usług** |
| 1. | Analiza ilościowa label-free, białek z komórek glejowych, metodą spektrometrii mas. Analiza podzielona na dwa etapy. W skład analizy wchodzi:- preparatyka próbek- oczyszczanie i pomiar stężenia peptydów- pomiar metodą spektrometrii mas- obróbka i analiza statystyczna danych  | 48 próbek |
| 2 | Termin wykonania max 90 dni od złożenia zamówienia |  |

1. **Analiza spektometrii mas próbek pochodzących z doświadczeń koimmunoprecypitacji – 48 próbek**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Lp.** | **Usługa**  | **liczba usług** |
| 1. | Analiza spektometrii mas próbek pochodzących z doświadczeń koimmunoprecypitacji - próbki pochodzące z doświadczeń immunoprecypitacji (Co-IP) białek drożdżowych wiążących wybrane białka oznaczone FLAG-tagiem.- wykonanie podstawowej preparatyki (redukcja, alkilacja, trawienie trypsyną);- oczyszczanie białka w technologii SP3;- pomiar spektometrii mas LC-MS w układzie Evosep One/Exploris 480; | 48 próbek (3 powtórzenia dla 16 grup) |
| 2. | Termin wykonania max. 90 dni od złożenia zamówienia |  |

Część 3

Zakup i sukcesywne dostawy usług badawczych - sekwencjonowanie metodą Sangera do realizacji badań naukowych w projektach naukowych realizowanych na Wydziale Biologii

**Sekwencjonowanie metodą Sangera – 400 reakcji**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **l.p** | **Usługa** | **liczba usług** |
| 1 | Sekwencjonowanie metodą Sangera (odczyt standardowy) z użyciem primerów dostarczonych przez Zamawiającego.Warunki: - długość odczytu cn. 800 ntOdczyt powinien być, co najmniej 800 pz (np. 800 - 1100) dla plazmidu. Odczyty produktów PCR nie muszą spełniać tego warunku, gdyż długość sekwencjonowanych produktów PCR nie będzie większa niż 450 pz | 400 reakcji |
| 2 | Termin wykonania max. do 3 dni roboczych od złożenia zamówienia |  |

**Część 4.**

Zakup i sukcesywne dostawy usług badawczych - sekwencjonowanie DNA metodami: NGS, Sangera, synteza oligonukleotydów, analiza Gene Scan, do realizacji badań naukowych w projektach naukowych realizowanych na Wydziale Biologii

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **l.p** | **Usługa** | **liczba usług** |
| 1 | Sekwencjonowanie amplikonów dł. 300-500 bp w technologii Illumina MiSeq (2 pełne runy) | 30 Gb danych |
| 2 | Sekwencjonowanie biblioteki RadSeq w technologii IlluminaHiSeq / Illumina Nova / Illumina 4000 (1 pełna runa) | 100 Gb danych |
| 3 | Synteza oligonukleotydów o długości 15-70bp, skala 0.02 – 1umol | 75 nukleotydów |
| 4 | Sekwencjonowanie metodą Sangera | 850 odczytów (reakcji) |
| 5 | Sekwencjonowanie metodą Sangera (long run >1000bp) | 40 odczytów (reakcji) |
| 6.  | Termin wykonania max. do 3 dni roboczych |  |