



# INSTYTUT DENDROLOGII POLSKIEJ AKADEMII NAUK

ul. Parkowa 5  
62-035 Kórnik  
www.idpan.poznan.pl

tel.: 61 817 00 33  
fax: 61 817 01 66  
e-mail: idkornik@man.poznan.pl

DAZ.2540.471.2026.11

2026/dla nauki/11

## Odpowiedzi na pytania dotyczące treści ogłoszenia

Dotyczy:

postępowania sprawa nr DAZ.2540.471.2026, pn. „Usługa sekwencjonowania nowej generacji (NGS) i uzyskanie sekwencji całogenomowych w wyniku sekwencjonowania typu „whole genome sequencing” (WGS), łącznie dla 110 próbek z mapowalnym pokryciem 10x.

### W dniu 24.06.2026 r. wpłynęły drogą elektroniczną następujące pytania:

1. „Jakiego gatunku dotyczą próbki i jaki jest szacowany rozmiar genomu? Jest to kluczowe do wyliczenia wymaganej ilości danych”
2. „Czy Zamawiający posiada lub wskazuje genom referencyjny, względem którego ma być liczone pokrycie mapowalne? Jeśli tak, prosimy o wskazanie referencji”.
3. „Czy wymagane pokrycie 10× oznacza średnie pokrycie mapowalne na próbkę po przyrównaniu do genomu referencyjnego, czy pokrycie danych surowych?”
4. „Czy DNA zostanie dostarczone przez Zamawiającego, czy izolacja materiału ma być po stronie Wykonawcy?”
5. „Jaki będzie materiał wyjściowy do izolacji / analizy, np. liście, igły, tkanka kambium lub inny materiał roślinny?”
6. „Jakie są minimalne wymagania Zamawiającego co do ilości i jakości DNA na wejściu?”
7. „Czy wymagana jest biblioteka PCR-free, czy Zamawiający dopuszcza przygotowanie biblioteki z amplifikacją? w ogłoszeniu podany jest konkretny kit TruSeq DNA PCR-Free”
8. „Jaki typ i długość odczytu są wymagane, np. paired-end 2 × 150 bp?”
9. „Czy Zamawiający określa minimalny próg jakości danych, np. odsetek zasad  $\geq$  Q30?”
10. „Co dokładnie ma wchodzić w zakres usługi: wyłącznie przekazanie surowych danych FASTQ, czy również mapowanie BAM, wariantowanie VCF i/lub dodatkowa analiza bioinformatyczna?”
11. „W jakim formacie i w jaki sposób mają zostać przekazane dane?”
12. „Jaki jest oczekiwany termin realizacji usługi i czy Zamawiający dopuszcza

realizację / dostawę wyników partiami?"

13. „W treści zamówienia określoną ilość transzy próbek na 1, natomiast wspomniany jest również eksperyment pilotowy- 8 próbek. Czy należy to rozumieć jako jedną transzę ze 118 próbkami, czy też dwie transze 8+110 (ewentualnie 8+102)?"
14. „Wstępna obróbka informatyczna uzyskanych danych obejmująca demultipleksowanie i przycinanie adapterów, a także zgrupowanie (merging) odczytów. Inserty w bibliotekach TruSeq PCR-Free mają na ogół około 350bp, natomiast wspomniana została konfiguracja 2x150bp. Te odczyty nie będą się na siebie nakładać, toteż typowy "merging"- jak np. w odczytach stosowanych dla amplikonów metagenomicznych, nie jest możliwy. Co należy zrozumieć pod pojęciem "zgrupowanie" odczytów?"
15. Ponieważ firma nie ma osobowości prawnej w Polsce, wysokość wynagrodzenia określa się w postaci netto, od której zamawiający odprowadzi podatek VAT w Polsce w postaci tzw. odwrotnego obciążenia. Czy w ramach oceny oferty mimo wszystko podawać wartość brutto, czy też podać standardowo przyjętym trybem, tj. cena netto=cena brutto.

#### **W odpowiedzi Zamawiający informuje:**

1. Próbki dotyczą gatunków: *Fagus sylvatica* oraz *Fagus orientalis*. Szacowany rozmiar genomu dla *F. sylvatica* wynosi ok. 530–550 Mb.
2. Genom referencyjny jest dostępny w bazie National Center for Biotechnology Information, w przypadku *F. sylvatica* jest to genom dhFagSylv1.hap1.1.
3. Wymagane jest średnie pokrycie mapowalne po przyrównaniu do genomu referencyjnego (10×).
4. Izolacja zostanie wykonana po stronie Zamawiającego zgodnie z ogłoszeniem.
5. Izolacja zostanie przeprowadzona z liści.
6. Zamawiający nie ma wymagań co do ilości DNA. próby zostaną tak przygotowane by zapewnić stężenie umożliwiające przygotowanie biblioteki.
7. Tak, wymagany jest zestaw TruSeq DNA PCR-Free, zgodnie z dokumentacją postępowania.
8. Wymagane są odczyty typu paired-end 2 × 150 bp.
9. Zamawiający informuje, że informacje dotyczące jakości danych zostały zawarte w opisie przedmiotu zamówienia (punkt 5).
10. Zamawiający informuje, że wszystkie niezbędne informacje dotyczące analiz bioinformatycznych zostały zawarte w opisie przedmiotu zamówienia (punkt 7).

11. Dane mają zostać przekazane w formacie FASTQ dla wszystkich 110 próbek, za pośrednictwem serwera chmurowego udostępnionego przez Zamawiającego (informacje zawarte w treści ogłoszenia).
12. Zamawiający informuje, że niezbędne informacje dotyczące przedmiotu terminu realizacji usługi i dostarczenia danych zostały zawarte w treści ogłoszenia oraz dokumentacji postępowania.
13. Zamawiający informuje, że całość materiału (110 próbek) przewidziana jest do wysłania w jednej transzy. Jednocześnie, zgodnie z zapisami ogłoszenia, przewidziane jest wykonanie testu/pilotażu obejmującego 8 próbek, realizowanego przed właściwą częścią sekwencjonowania.
14. Zamawiający wyjaśnia, że przez pojęcie „zgrupowanie (merging) odczytów” rozumiane jest scalenie danych FASTQ pochodzących z ewentualnych powtórnych sekwencjonowań tej samej próbki (np. z różnych „runów”), w celu uzyskania jednego zestawu plików FASTQ (R1 i R2) dla danej próbki.
15. Ofertę należy podać trybem: cena netto=cena brutto.

Kórnik, 25.06.2026 r.

ZASTĘPCA DYREKTORA  
DS. NAUKOWYCH  
INSTYTUTU DENDROLOGII PAN  
dr hab. Ewelina Kuczyńska, prof. ID PAN

