……………………………………..……

Pieczęć firmowa Oferenta

**FORMULARZ OFERTOWY NA UDZIELANIE ŚWIADCZEŃ ZDROWOTNYCH Z ZAKRESU BADAŃ GENETYCZNYCH**

**DLA CENTRALNEGO SZPITALA KLINICZNEGO UNIWERSYTETU MEDYCZNEGO W ŁODZI**

NAZWA I ADRES OFERENTA: ……………………………………………………………………………………..………………………………………….…………………………………

NR KSIĘGI REJESTROWEJ WOJEWODY ……………………………………………………… NIP …………………………………… REGON ……………………………………

TELEFON / FAX / E-MAIL …………………………………………………………………………………………………………………………….…………………………………………….

TELEFON / E-MAIL DO PRACOWNI ………….……………………………………………………………………………………………….………………………………………………

NUMER RACHUNKU BANKOWEGO ………………………………………..…………………………………………………………………………………………………………….….

OSOBA DO KONTAKTU ………………………………………………………………………………………………………….…………………………………………….…………………..

Sekwencjonowanie eksomowego (WES), zestawu genow nowotworowych oraz mRNA

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Pakiet** | **Lp.** | **Nazwa parametru lub funkcja pomiarowa** | **Cena jedn. brutto** | **Szacunkowa liczba badań** | **Wartość** **(cena\*liczba)** | **Czas oczekiwania na wynik badania** |
| **I.** | 1. | Przygotowanie bibliotek eksomowych (WES) dla 100-200 pacjentów z wykorzystaniem zestawu odczynnika: Twist Human Exome Plus (Twist Bioscience) lub równoważny: obejmujący 36,8 Mb kodujących regionów z baz danych CCDS, RefSeq i GENCODE ( 99,9% CCDS, 99,2% RefSeq, 99,8% GenCode28). 99% ClinVar, 100% DNA mitochondrialne. Sondy typu dsDNA. Minimum 12Gb danych na pacjenta (+/- 10%) co odpowiada średniemu pokryciu około 100x (on target rate ≥70%). Sekwencjonowanie w trybie sparowanych odczytów – 2 x 100 bp. Parametr Fold-80 1.36. Parametr Q30 dla ≥85% odczytów. ≥95% odczytów z pokryciem >30X, ≥96% odczytów z pokryciem >20X, ≥97% odczytów z pokryciem >10X. |  | 150 |  | do 20 dni roboczych od daty dostarczenia próbek dobrej jakości:TAK / NIE\* |
| 2. | Przygotowanie bibliotek eksomowych (WES) dla 100-200 pacjentów z wykorzystaniem zestawu odczynnika Twist Human Core Exome (Twist Bioscience) lub równoważny: obejmujący 33 Mb kodujących regionów z baz danych CCDS, RefSeq i GENCODE ( 99,9% CCDS, 91,8% RefSeq, 95,2% GenCode28). 99% ClinVar. Sondy typu dsDNA. Minimum 10Gb danych na pacjenta (+/- 10%) co odpowiada średniemu pokryciu około 100x (on target rate ≥70%). Sekwencjonowanie w trybie sparowanych odczytów – 2 x 100 bp. Parametr Fold-80 1.34. Parametr Q30 dla ≥85% odczytów. ≥98,1% odczytów z pokryciem >30X, ≥98,3% odczytów z pokryciem >20X, ≥98,4% odczytów z pokryciem >10X. |  | 100 |  | do 20 dni roboczych od daty dostarczenia próbek dobrej jakości:TAK / NIE\* |
| 3. | Sekwencjonowanie zestawu genów nowotworowych. DNA izolowane z krwi lub bloczka parafinowego lub cfDNA oraz definiowanie translokacje w genach: ALK, BCL2, BCR, BRAF, BRD4, EGFR, ERG, ETV4, ETV6, EWSR1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FUS, MET, MYB, MYC, NOTCH2, NTRK1, PAX3, PDGFB, RAF1,RARA, RET, ROS1, SSX1, SUZ12, TAF15, TCF3, TFE3, TMPRSS2 - Zestaw obejmujący min. 2,25 Mb kodujących regionów. Sekwencjonowanie w trybie sparowanych odczytów – 2 x 100 bp. Wysokie średnie pokrycie do detekcji mutacji somatycznych. Uzyskanie surowych danych w postaci plików FASTQ (trimmed), BAM, VCF, TSV. Lista wariantów somatycznych z porównania tkanki normalnej do nowotworowej. Raport z informacją: TMB (obciążenie mutacyjne) oraz MSI (niestabilność mikrosatelitarna). |  | 5 |  | do 30 dni roboczych od daty dostarczenia próbek dobrej jakości:TAK / NIE\* |
| 4. | Sekwencjonowanie mRNA. Wykonawca dokona sprawdzenia jakości każdej otrzymanej próbki RNA, przygotuje i oceni jakość bibliotek do sekwencjonowania (przygotowanie bibliotek z użyciem zestawu odczynnika TruSeq mRNA stranded Kit, Illumina). Ilość danych po sekwencjonowaniu minimum 6 Gb na próbkę (+/-10%), 30 milionów clusters, sparowane odczyty o długości 2 x 100bp. Przynajmniej 85% zsekwencjonowanych zasad powinno mieć jakość Q30. |  | 24 |  | do 20 dni roboczych od daty dostarczenia próbek dobrej jakości:TAK / NIE\* |
| RAZEM |  |  |

\*Niepotrzebne skreślić

………………………………………………… ………………………………………………………………………………………………………..

Miejscowość i data Podpis