

ODŮVODNĚNÍ VEŘEJNÉ ZAKÁZKY

s názvem

„SEKVENAČNÍ SYSTÉMY PRO CEITEC MU“

vyhotovené podle § 156 zákona č. 137/2006 Sb., o veřejných zakázkách,
v platném znění (dále jen „Zákon“)

1. ODŮVODNĚNÍ ÚČELNOSTI VEŘEJNÉ ZAKÁZKY

a) Popis potřeb, které mají být splněním veřejné zakázky naplněny

Veřejná zakázka „Sekvenační systémy pro CEITEC MU“ je zadávána a financována z Operačního programu Výzkum a vývoj pro inovace v rámci projektu „CEITEC – středoevropský technologický institut“, registrační číslo projektu CZ.1.05/1.1.00/02.0068. Účelem veřejné zakázky je přispět k naplnění plánovaného cíle projektu, na jehož uskutečnění spolupracují nejvýznamnější brněnské univerzity a výzkumné instituce, a to vybudování evropského centra excelence v oblasti věd o živé přírodě a pokročilých materiálů a technologií.

b) Popis předmětu veřejné zakázky

Předmětem veřejné zakázky je dodávka nového, nerepasovaného a nepoužitého stolního masivně paralelního celogenomového (tj. s kapacitou alespoň 100mld. bazí/běh) sekvenátoru a dodávka nového, nerepasovaného a nepoužitého stolního masivně paralelního sekvenátoru s nižší kapacitou (alespoň 10mld. bazí/běh). Je požadována dostatečná přesnost sekvenování ($Q30 > 70\%$), délka čtených sekvencí (alespoň 300 bazí) a podpora paired-end sekvenování.

c) Popis vzájemného vztahu předmětu veřejné zakázky a potřeb zadavatele

Realizace předmětu veřejné zakázky výrazně přispěje k naplnění potřeb zadavatele tím, že umožní na nejvyšší momentálně dosažitelné úrovni velmi podrobnou analýzu genetické informace vzorků (lidské, zvířecí i rostlinné buňky a tkáně, buněčné kultury, mikroby). Sekvenátory budou využívány v rámci Sdílené laboratoře Genomika. Metoda masivně paralelního sekvenování je nyní základní screeningovou metodou při vyhledávání změn genetické informace i pro detekci změn v regulaci genové exprese nebo epigenetických změn. Kromě screeningu může být využita i pro cílené hledání změn s vysokou citlivostí. Tyto metody jsou využívány řadou výzkumných skupin CEITEC.

d) Předpokládaný termín splnění veřejné zakázky

Předmět veřejné zakázky bude realizován na základě kupní smlouvy, která bude s vybraným uchazečem uzavřena po ukončení předmětného zadávacího řízení. Předpokládá se, že zařízení bude dodáno do 8 týdnů ode dne podpisu kupní smlouvy s vybraným dodavatelem. Projekt jako celek bude ukončen nejpozději do 31. 12. 2015.

e) Popis rizik souvisejících s plněním veřejné zakázky, která zadavatel zohlednil při stanovení zadávacích podmínek

Zadavatel spatřuje riziko zejména v prodlení se zadáním zakázky, čímž můžou být částečně ohroženy plánované cíle projektu „CEITEC – střeoevropský technologický institut“, reg. číslo projektu CZ.1.05/1.1.00/02.0068.

2. ODŮVODNĚNÍ POŽADAVKŮ NA TECHNICKÉ KVALIFIKAČNÍ PŘEDPOKLADY

3. ODŮVODNĚNÍ VYMEZENÍ OBCHODNÍCH PODMÍNEK

4. ODŮVODNĚNÍ VYMEZENÍ TECHNICKÝCH PODMÍNEK

Zadavatel dále zdůvodňuje vymezení technických podmínek veřejné zakázky ve vztahu ke svým potřebám a k rizikům souvisejícím s plněním veřejné zakázky. Zdůvodnění jednotlivých požadavků je uvedeno v příloze tohoto dokumentu.

5. ODŮVODNĚNÍ STANOVENÍ ZÁKLADNÍCH A DÍLČÍCH HODNOTÍCÍCH KRITÉRIÍ A ZPŮSOBU HODNOCENÍ NABÍDEK

Zadavatel dále zdůvodňuje stanovení základních a dílčích hodnotících kritérií ve vztahu ke svým potřebám.

Zadavatel zvolil jako základní hodnotící kritérium veřejné zakázky nejnížší nabídkovou cenu, neboť při dodržení stanovených technických podmínek je toto kritérium dostatečnou zárukou výběru kvalitní nabídky za nejnížší cenu.

6. ODŮVODNĚNÍ STANOVENÍ PŘEDPOKLÁDANÉ HODNOTY VEŘEJNÉ ZAKÁZKY

Zadavatel stanovil předpokládanou hodnotu v souladu s § 14 resp. § 13 Zákona na základě údajů a informací o zakázkách stejného či podobného předmětu plnění realizovaných zadavatelem a jeho partnery, jakož i průzkumem trhu.

V Brně dne 2. 3. 2015

.....
Mgr. Lenka Štěrbová
Manažerka veřejných zakázek
CEITEC MU

Příloha č. 1 - Technické podmínky Celogenomový sekvenátor		
Základní požadavky zadavatele		
Systém pro masivně paralelní sekvenování pořizovaný pro centrální sdílenou laboratoř CEITEC – Genomika. Systém by měl být schopen zajistit vysoce variabilní aplikace např. celogenomového sekvenování lidské DNA, celogenomové sekvenování savčí DNA, sekvenování mikrobiálních genomů, cílené resekvenování (exomy, geny), transkriptomové sekvenování a další.		
Požadované technické a funkční vlastnosti	Požadovaná hodnota	Odůvodnění parametrů
Maximální kapacita sekvenátoru (báze)	nejméně 120 miliard	Dovoluje detekci variant v lidském genomu s dostatečnou spolehlivostí. Umožňuje současné sekvenování více vzorků.
Maximální kapacita sekvenátoru (single reads)	nejméně 400 milionů	Umožňuje současné sekvenování více vzorků i pro aplikace typu celotranskriptomového sekvenování.
Maximální délka readu (báze)	nejméně 150	Zpřesňuje zarovnání výstupu k referenční sekvenci, usnadňuje detekci haplotypů, zvyšuje frekvenci zachycení exon-exon spoje při RNA sekvenování.
Maximální délka paired-end readu (báze)	nejméně 2x150	Zpřesňuje zarovnání výstupu k referenční sekvenci, usnadňuje detekci haplotypů, zvyšuje frekvenci zachycení exon-exon spoje při RNA sekvenování, zvyšuje kvalitu výstupu.
Podpora paired-end reads	ano	Zpřesňuje zarovnání výstupu k referenční sekvenci, usnadňuje detekci haplotypů, zvyšuje frekvenci zachycení exon-exon spoje při RNA sekvenování, zvyšuje kvalitu výstupu.
Kvalita čtení – podíl bazí s kvalitou vyšší než Q30 (při délce čtení alespoň 2x150 bazí)	nejméně 75%	Zpřesňuje detekci variant v sekvencích.
Kompatibilita knihoven s poptávaným personálním sekvenátorem	ano	Umožňuje flexibilně měnit parametry sekvenování (např. délka čtení) podle aktuální potřeby bez nutnosti opakování zdlouhavé a nákladné přípravy knihovny.
Export dat ve formátu fastaq	ano	Dovoluje snadné využití dat.
Rychlost sekvenování	alespoň 100 miliard bazí za 36 hodin	Umožňuje rychlé dokončení experimentu, zvyšuje celkovou kapacitu přístroje.
Podpora dual-index barcodování vzorků	ano	Umožňuje současné sekvenování velkého počtu vzorků

Příloha č. 1 - Technické podmínky Personální sekvenátor		
Základní požadavky zadavatele		
Systém pro masivně paralelní sekvenování pořizovaný pro centrální sdílenou laboratoř CEITEC – Genomika. Systém by měl být schopen zajistit vysoce variabilní aplikace především cílené resekvenování genů a souborů genů, sekvenování malých genomů nebo smallRNA sekvenování.		
Požadované technické a funkční vlastnosti	Požadovaná hodnota	Odůvodnění parametrů
Maximálně přípustná chybovost 2 x 300 bp	Q30 > 70 %	Zpřesňuje detekci variant v sekvencích.
Maximálně přípustná chybovost 2 x 250 bp	Q30 > 75 %	Zpřesňuje detekci variant v sekvencích.
Maximálně přípustná chybovost 2 x 150 bp	Q30 > 80 %	Zpřesňuje detekci variant v sekvencích.
Požadovaná délka čtení dle použité chemie	min. 2x 300 bp	Zpřesňuje zarovnání výstupu k referenční sekvenci, usnadňuje detekci haplotypů, zvyšuje frekvenci zachycení exon-exon spoje při RNA sekvenování.
Paired-end sekvenování	ano	Zpřesňuje zarovnání výstupu k referenční sekvenci, usnadňuje detekci haplotypů, zvyšuje frekvenci zachycení exon-exon spoje při RNA sekvenování.
Systém umožňující získání FASTQ formátu z hrubých sekvenačních dat	ano	Dovoluje snadné využití dat.
Požadovaná kapacita – počet paralelně běžících využitelných sekvenací	alespoň 25 milionů	Vysoká kapacita dovoluje přesnější identifikaci variant, přesnější určení exprese nebo sekvenaci většího počtu vzorků současně.
Požadovaná kapacita získaných dat na jeden sekvenační běh	15 miliard bazí	Vysoká kapacita dovoluje přesnější identifikaci variant, přesnější určení exprese nebo sekvenaci většího počtu vzorků současně.
Systém umožňující resekvenační celogenové studie, resekvenaci malých genomů	ano	Hlavní plánované využití přístroje.
Sekvenování malých RNA	ano	Plánované využití přístroje.
Sekvenování barcodů/indexů samostatnými cykly	ano	Umožňuje snadné oddělení sekvence barcodů od vlastní sekvence.
Součástí systému musí být vlastní software pro analýzu a další zpracování raw dat	ano	Dovoluje rychlé a uživatelsky nenáročné získání výsledků.

Kompatibilita knihoven s celogenomovým sekvenátorem	ano	Umožňuje flexibilně měnit parametry sekvenování (např. délka čtení) podle aktuální potřeby bez nutnosti opakování zdlouhavé a nákladné přípravy knihovny.
---	-----	---