|  |
| --- |
| **FORMULARZ CENOWY** |

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Lp. | Przedmiot zamówienia | Ilość szt./zleceń | W przypadku zaproponowania platformy równoważnej Zamawiający wymaga opisania metodologii sekwencjonowania oraz podania specyfikacji komory przepływowej | Cena jednostkowa netto /zł/ | **Wartość**  **netto /zł/** | **Wartość**  **brutto /zł/** |
| 1 | Przygotowanie bibliotek oraz sekwencjonowanie RNA\* | **20** |  |  |  |  |
| 2 | Wysyłka danych na dysku zewnętrznym do siedziby Zamawiającego | **1** |  |  |  |  |
|  |  |  |  | **RAZEM:** |  |  |

\*Na pełne zlecenie składa się: kontrola jakościowa i ilościowa RNA (łącznie z pomiarem RIN), przygotowanie bibliotek oryginalnym kitem Illumina TruSeq Stranded mRNA lub oryginalnym kitem Watchmaker mRNA Library Prep, kontrola jakości biblioteki i powtórzenie jej przygotowania w razie niepowodzenia przy pierwszym podejściu,pulowanie bibliotek, sekwencjonowanie przeprowadzone na platformie Illuminy lub platformie równoważnej (platforma równoważna z wykorzystaniem metodologii sekwencjonowania przez syntezę (ang. Sequencing by synthesis, SBS) powinna zapewnić zachowanie ciągłości wyników badań i ich porównywalność w analizie bioinformatycznej z danymi wynikowymi z poprzednich analiz NGS, z której Zamawiający korzystał dotychczas tj.: z platformy: Illumina HiSegX oraz Illumina NovaSeq6000), w konfiguracji 2x150bp do uzyskania 80 mln odczytów całkowitych w przypadku kitu Illumina TruSeq Stranded mRNA / 60 mln odczytów całkowitych w przypadku kitu Watchmaker mRNA Library Prep.