



Vysvětlení zadávací dokumentace č. 2

k veřejné zakázce na dodávky zadávané v otevřeném řízení v nadlimitním režimu dle zákona č. 134/2016 Sb., o zadávání veřejných zakázek, ve znění pozdějších předpisů (dále jen „ZZVZ“),
s názvem

„LFP - Celogenomový sekvenátor pro sekvenaci DNA pomocí dlouhých čtení - opakování“

Zadavatel:

Název: **Univerzita Karlova, Lékařská fakulta v Plzni**
Sídlo: alej Svobody 1655/76, 323 00 Plzeň
IČO: 00216208
DIČ: CZ00216208
Zastoupená: prof. MUDr. Jindřichem Fínkem, Ph.D., MHA, děkanem fakulty
Kontaktní osoba: Mgr. Ondřej Škrabal
tel.: +420 377 593 486
e-mail: ondrej.skrabal@lfp.cuni.cz

Zadavatel obdržel dne 29. 01. 2025 žádost o vysvětlení zadávací dokumentace k výše uvedené veřejné zakázce. Níže zadavatel poskytuje vysvětlení:

Dotaz č. 1:

V zadávací dokumentaci je často používán termín mikrobiální, což dle obecné definice zahrnuje bakterie, viry, houby a kvasinky, protista i archea – tedy organismy se značným rozpětím velikostí a komplexity genomů. Na základě podaných vysvětlení se ale zdá, že Zadavatel vztahuje veškeré parametry k sekvenaci právě a pouze bakteriálních genomů. Chápeme správně, že pokud se v ZD vyskytuje termín mikrobiální, má být v rámci předmětné ZD interpretován jako bakteriální?

Odpověď č. 1:

Zadavatel využívá ve svém výzkumu stávající platformy k sekvenaci mikrobiálních genomů tak, jak je uvedeno i v zadávací dokumentaci, tj. k sekvenaci genomu virů, bakterií i eukaryot, především kvasinek. Vzhledem k dominantní výzkumné činnosti v oblasti bakteriální rezistence je většina požadavků zadávací dokumentace vztahena k bakteriálním genomům, jak je u každého z těchto požadavků specificky uvedeno.



Dotaz č. 2:

V ZD se v dokumentu Příloha č. 1 kupní smlouvy - specifikace zboží uvádí přesně. „Získání alespoň 200 Gpb hrubých dat během jedné sekvenace“ I na základě poskytnutých vysvětlení Zadavatele je jasné, že dokumentace obsahuje překlep a myšleno bylo 200Gbp. Ovšem takto specifikovaný požadavek není vhodný, poněvadž neodpovídá technologické realitě a podstatě sekvenačních dat. Navíc i z Odpovědi č.7 je zjevné, že Zadavatel ne zcela precizně používá nebo rozumí jednotkám používaným v ZD.

Tedy pro ujasnění:

GB (s velkým „B“) – Gigabyte – jednotka množství binárních dat. Používá se např. pro vyjádření kapacity datových uložišť.

Gb (s malým „b“) – Gigabase – vyjádření řádu počtu osekvenovaných bazí, v tomto případě miliarda bazí. Používá se pro vyjádření souhrnné délky vygenerovaných dat z osekvenované nukleové kyseliny. Gbp – Gigabase-pair – vyjádření délky dvouvláknové nukleové kyseliny. Jednotka se používá například pro vyjádření velikosti genomů, kde jsou báze obvykle v komplementárních párech.

U sekvenačních technologií se pak bp – basepair používá pro vyjádření délky párového čtení sekvenačních experimentů – nikoli však pro výstupní data.

Jednotka Gbp je tedy v kontextu ZD správně používána pro vyjádření velikosti genomů, nikoli však ve vztahu k datovému výstupu sekvenace. Ten se z podstaty věci měří pouze v Gb, poněvadž sekvenační data reprezentují pouze jedno vlákno a nelze tedy hovořit o páru. Pro ověření uvádíme odkazy na specifikace výrobců.

<https://www.illumina.com/systems/sequencing-platforms/nextseq-1000-2000/specifications.html>

<https://www.pacb.com/onso/> ;

<https://nanoporetech.com/products/sequence/promethion>

Tedy, při doslovné interpretaci požadavku zadavatele na datový výstup 200Gbp je z technologické podstaty věci požadován datový výstup 400Gb a to navíc během 30hodin, což je maximální délka jedné sekvenace pro dosažení požadovaného výstupu.

Kolik Gb [Gigabase] datového výstupu tedy Zadavatel požaduje od sekvenátoru vyprodukovat během jednoho sekvenačního experimentu trvajícího 30h?

Odpověď č. 2:

Zadavatel požaduje možnost získání dat o velikosti 200 Gb během jednoho sekvenačního běhu trvajícího do 30 hodin včetně. Tento požadavek odpovídá genomům o velikosti 200 Gbp (předpokládá se, že komplementární část genomu je z podstaty shodná – jedná se o páry bazí), tak jak je uvedeno v Příloze č. 1 smlouvy (specifikace zboží).

Dotaz č. 3:

V dokumentu Příloha č. 1 kupní smlouvy – specifikace předmětu plnění se udává:



„Systém pro sekvenaci dlouhých úseků DNA s vysokou přesností bez nutnosti dalšího zpřesnění (přesnost vyšší než 99,99 %).“ a zároveň se v odpovědích Zadavatele na dotazy dodavatelů uvádí že daná přesnost sekvenace je požadována u finálních výstupních dat (např. odpověď č.5).

Zadavatel tedy jasně stanovil požadovanou přesnost sekvenace na maximálně 1 chybu na 10.000 osekvenovaných nukleotidů.

Dále však zadavatel tento parametr značně zpřísňuje požadavkem, že při velikosti genomu 4Mbp nesmí chybovost přesáhnout 5SNPs, tedy pouze 5 pozic ze 4milionů. Pokud odhlédneme od faktu, že na této úrovni se dá již mluvit o variabilitě genomů bakterií v kolonii, a je tedy na místě diskuze o tom, jestli je případný referenční genom osekvenován zcela přesně, pak je statisticky a technologicky se současným vybavením takové přesnosti dosáhnout. Poptali jsme proto přední světové poskytovatele sekvenačních služeb, zdali nám mohou jakýmkoli postupem při použití pouze jedné sekvenační platformy poskytnout a garantovat takto přesná data při sekvenaci konkrétního kmene *E. coli*. Konkrétně jsme poptali NovoGene, Azenta Life Sciences, Macrogen, DNA Link a ZymoResearch Corporation. Každé z těchto špičkových pracovišť nám odmítlo garantovat dodání takto vysoce přesných dat při sekvenaci pouze na jediné sekvenační platformě tak, jak to požaduje Zadavatel.

Chápeme správně, že dosažení přesnosti výstupních sekvenačních dat minimálně 99,99% je plně dostačující a dodatečný parametr na chybovost pouhých 5SNPs při sekvenaci 4Mb bakteriálního genomu je možné ignorovat jako nesplnitelný?

Pokud Zadavatel na svém požadavku trvá, jak bude případnou chybovost ověřovat v případě, že chyba může být i v referenci?

Odpověď č. 3

Zadavatel trvá na požadovaném parametru maximální chybovosti 5 SNPs při sekvenaci 4Mb bakteriálního genomu. Tento parametr vychází z požadavku na reprodukovatelnost získaných výzkumných a epidemiologických dat a je běžně dosahován například i s pomocí jiných sekvenačních platforem a jejich kombinací.

S ohledem na povahu tohoto vysvětlení zadavatel **neprodluhuje** lhůtu pro podání nabídek.

Zástupce zadavatele

Mgr. Ondřej Škrabal



Spolufinancováno
Evropskou unií

