



Załącznik nr 1 do Zapytania ofertowego
Scharakteryzowanie panelu próbek biologicznych

OPIS PRZEDMIOTU ZAMÓWIENIA

Zapytanie dotyczące wyboru podwykonawcy w zakresie przeprowadzenia prac badawczo-rozwojowych mających na celu scharakteryzowanie panelu próbek biologicznych do projektu „SRLV-Screen: innowacyjny test paskowy do przesiewowej diagnostyki choroby maedi-visna u owiec”

Opis zadania, do którego wykonania zobowiązany jest Wykonawca:

Termin wykonania: 24 miesiące, od dnia podpisania przez Zamawiającego umowy z Instytucją finansującą projekt

Wykonawca będzie zobowiązany do scharakteryzowania 10% liczby wymaganych próbek, wskazanych w OPZ, **w miesiącach 1-4.**

Wykonawca będzie zobowiązany do scharakteryzowania 20% liczby wymaganych próbek, wskazanych w OPZ, **w miesiącach 5-11.**

Wykonawca będzie zobowiązany do scharakteryzowania pozostałej liczby wymaganych próbek, wskazanych w OPZ, **w miesiącach 13-23.**

Zakończenie realizacji zamówienia w w/w terminach równoznaczne jest z dokonaniem przez Zamawiającego odbioru końcowego prac bez zastrzeżeń.

1. Przedmiot zamówienia

Przedmiotem zamówienia jest wykonanie kompleksowych badań laboratoryjnych i molekularnych próbek biologicznych pochodzących od owiec oraz opracowanie bazy danych zawierającej wyniki analiz diagnostycznych umożliwiających scharakteryzowanie panelu próbek wykorzystywanych w pracach badawczo-rozwojowych związanych z opracowaniem i walidacją testu paskowego do wykrywania zakażenia lentiwirusem małych przeżuwaczy.

Zakres zamówienia obejmuje wykonanie badań serologicznych, molekularnych oraz analiz filogenetycznych umożliwiających określenie statusu zakażenia zwierząt, identyfikację genotypu wirusa oraz klasyfikację podtypów genetycznych SRLV występujących w badanej populacji.

2. Cel zamówienia

Celem zamówienia jest uzyskanie zwalidowanego zbioru danych diagnostycznych dotyczących co najmniej 1000 osobników owiec, umożliwiającego:

- identyfikację osobników zakażonych i niezakażonych SRLV,
- określenie statusu serologicznego badanych zwierząt,
- określenie genotypu wirusa SRLV (genotyp A lub genotyp B),
- określenie podtypów genetycznych SRLV występujących w badanej populacji,
- utworzenie reprezentatywnego panelu próbek referencyjnych przeznaczonego do prac badawczo-rozwojowych oraz walidacji opracowywanego testu diagnostycznego.

3. Zakres prac

3.1. Izolacja materiału genetycznego

Wykonawca zobowiązany jest do:

- przeprowadzenia izolacji materiału genetycznego z próbek krwi pobranej na EDTA z zastosowaniem komercyjnych zestawów przeznaczonych do izolacji DNA z pełnej krwi,
- przeprowadzenia oceny jakościowej i ilościowej uzyskanego materiału genetycznego metodą spektrofotometryczną.

3.2. Badania serologiczne

Wykonawca zobowiązany jest do przeprowadzenia badań w kierunku obecności przeciwciał przeciwko SRLV z wykorzystaniem minimum dwóch komercyjnych testów ELISA opartych na różnych zestawach antygenów wirusowych.

Badania powinny obejmować:

- analizę próbek surowicy krwi,
- analizę próbek mleka pochodzących od samic w laktacji,
- określenie statusu serologicznego każdej próbki,
- zestawienie oraz interpretację uzyskanych wyników.

3.3. Badania molekularne

Wykonawca zobowiązany jest do:

- analizy próbek pod kątem obecności prowirusowego materiału genetycznego SRLV metodą real-time nested PCR,
- różnicowania genotypów A i B SRLV,
- przeprowadzenia odpowiednich kontroli jakości stosowanych metod analitycznych,
- archiwizacji wyników analiz.

3.4. Sekwencjonowanie i analiza filogenetyczna

Wykonawca zobowiązany jest do:

- wykonania sekwencjonowania fragmentu LTR-gag metodą Sangera,
- przeprowadzenia sekwencjonowania dla minimum 10 wybranych próbek z genotypu A oraz minimum 10 wybranych próbek z genotypu B pochodzących z każdego badanego stada,
- przyporządkowania uzyskanych sekwencji do odpowiednich podtypów genetycznych SRLV o ile będzie to możliwe,
- przeprowadzenia analizy porównawczej względem sekwencji referencyjnych dostępnych w publicznych bazach danych,
- przygotowania drzew filogenetycznych dokumentujących klasyfikację genetyczną analizowanych izolatów.

4. Efekt końcowy zamówienia

Efektem realizacji zamówienia będzie utworzenie bazy danych obejmującej wyniki badań próbek biologicznych pochodzących od minimum 1000 owiec.

Dla każdego zwierzęcia baza danych powinna zawierać co najmniej:

- indywidualny identyfikator próbki,
- identyfikator stada,
- rodzaj materiału biologicznego,
- wynik badania ELISA nr 1,
- wynik badania ELISA nr 2,
- końcową interpretację serologiczną,
- wynik badania real-time nested PCR,
- informację o wykrytym genotypie SRLV,
- informację o podtypie genetycznym (jeżeli oznaczono),
- datę wykonania analiz,
- informacje umożliwiające jednoznaczne powiązanie poszczególnych wyników badań.

5. Produkty i dokumentacja przekazywana Zamawiającemu

Wykonawca przekaze Zamawiającemu:

a) Dokumentację elektroniczną

- kompletną bazę danych wyników badań w formacie XLSX oraz CSV,
- raport końcowy w formacie PDF,
- zestawienie wyników badań serologicznych i molekularnych,
- raport z analiz filogenetycznych,

- drzewa filogenetyczne w formacie PDF oraz w formatach edytowalnych,
- sekwencje nukleotydowe uzyskane podczas sekwencjonowania w formatach FASTA,
- dokumentację dotyczącą kontroli jakości wykonanych analiz.

b) Materiały biologiczne- na żądanie Zamawiającego:

- pozostałości wyizolowanego DNA, o ile jego stan techniczny pozwala na dalsze wykorzystanie.
- pozostałe niewykorzystane próbki biologiczne, o ile ich stan techniczny pozwala na dalsze wykorzystanie.

6. Forma przekazania rezultatów

Wyniki realizacji zamówienia należy przekazać:

- w formie elektronicznej na nośniku danych USB 3.0 lub dysku zewnętrznym,
- za pośrednictwem bezpiecznego repozytorium danych wskazanego przez Zamawiającego,
- w postaci jednego egzemplarza raportu końcowego w wersji elektronicznej PDF,
- w postaci plików źródłowych umożliwiających dalszą analizę wyników przez Zamawiającego.

7. Kryterium odbioru

Za prawidłowe wykonanie zamówienia uznaje się:

- przebadanie próbek pochodzących od minimum 1000 owiec,
- wykonanie wszystkich analiz określonych w OPZ,
- dostarczenie kompletnej bazy danych,
- dostarczenie raportu końcowego wraz z dokumentacją źródłową,
- przekazanie wyników sekwencjonowania i analiz filogenetycznych,
- zapewnienie możliwości identyfikacji każdej próbki i powiązania wszystkich wyników badań z konkretnym zwierzęciem.