

CAPITOLATO TECNICO PRESTAZIONALE

Servizi di sequenziamento di acidi nucleici

OGGETTO

Fornitura di servizi di sequenziamento genomico, sequenziamento di trascrittomi, sequenziamento di metagenomi

VALORE STIMATO DEI SERVIZI POSTO A BASE D'ASTA

€ 450.000,00 IVA esclusa

CARATTERISTICHE PRESTAZIONALI DELLA STRUMENTAZIONE

I servizi che devono essere forniti dalla ditta sono i seguenti:

1. Sequenziamento genomico

- a. N 300 campioni: Preparazione di librerie genomiche Illumina con disponibilità di dual-index
- b. Sequenziamento di librerie Illumina (incluse “user prepared libraries”) con strategia di sequenziamento 150 paired-end su piattaforma NovaSeq6000 o NovaSeq X per un output complessivo di 30 Tb di dati. Il numero di librerie totali dipenderà dalle GB richieste sulla base delle dimensioni del genoma delle specie da sequenziare.
- c. N 15 campioni: Estrazione DNA HMW e preparazione di librerie HiFi per sequenziamento PacBio SMRT.
- d. N 15 campioni: Sequenziamento SMRT-cell (1 campione per SMRT cell 8M) su piattaforma PacBio Sequel® IIe o Revio.

2. Sequenziamento di trascrittomi

- a. N 100 campioni: Preparazione di librerie RNAseq strand specific (approccio per RNA-seq da RNA eucariotico con polyA tailing) e sequenziamento su piattaforma NovaSeq6000 o NovaSeq X con approccio 150 PE (25 M reads/campione).
- b. N 15 campioni: Iso-seq sequencing (Sequenziamento di trascritti full-length) tramite tecnologia PacBio SMRT. Questo include preparazione di librerie da RNA e



loro sequenziamento su piattaforma PacBioSequel® IIe o Revio (5 campioni per SMRT cell 8M).

3. Sequenziamento di metagenomi

a. N 100 campioni: 16S Amplicon sequencing (regione V3-V4). Questo include la preparazione di librerie di ampliconi tramite l'utilizzo dei primer universali per la regione V3-V4 del 16S rRNA e sequenziamento su piattaforme Illumina con strategia di sequenziamento 250 paired-end

Tempistiche di consegna dei dati

I dati di sequenziamento devono essere consegnati entro 6 settimane dalla ricezione dei campioni.