# 汕头大学医学院技术服务招标项目

# 招 标 文 件

招标编号：设2024-6 -14

项目名称：汕头大学医学院宏基因组、蛋白组学和转录组联合检测分析服务招标项目



(欢迎访问我们的网站:http://www.med.stu.edu.cn)

汕头大学医学院

2024．6.14

**目 录**

**第一部分 投标须知、招标项目说明**

1. 投标人须知
2. 招标项目的名称、性质和数量
3. 投标报价方式及报价要求
4. 提交投标书的方式、地点和截止日期
5. 评（议）标原则
6. 开标、评标、定标
7. 评标过程的保密性

**第二部分 技术规格要求和交货日期等**

1. 项目内容数量
2. 主要技术指标、技术服务要求、时间
3. 技术服务质量及售后服务要求

**第三部分 合同样本**

**第四部分 投标书格式**

**第一部分 投标须知、招标项目说明**

**一、投标人须知**

1. 投标文件要求：**正本（含资质文件）一份，副本五份[内容与正本一致]**。

**2.供应商资格要求**

（1）具有独立承担民事责任的能力，投标人须在中国境内注册。

（2）参加本项目招标采购活动前三年内，在经营活动中没有重大违法记录（投标人自行提供书面声明）。

（3）投标人单位负责人为同一人或者存在控股、管理关系的不同单位，不得参加本次投标。

（4）投标人未被列入“信用中国”网站失信被执行人、重大税收违法案件严重违法失信行为记录名单。

（5）本项目不接受联合体投标。

3. 投标人可以在汕头大学医学院网站主页自行下载招标文件。投标人拿到招标书后，如有疑问，可在投标截止日期内与招标有关联系人联系。

4.投标书和签定合同要求企业法人或企业法人授权委托代表签名方为有效。

5.如有必要，投标人应接受招标人的答辩要求。

6.投标时每个投标单位向我院缴交人民币一百五十元资料费

7.向我院缴交资料费时用此专用户头：**单位名称：（汕头大学医学院 ） 帐号：（705557744822 ） 开户行：（中行嘉泰支行）**

8.投标人必须接受**标书注明的付款**条款。

**二、招标项目的名称**

汕头大学医学院宏基因组、蛋白组学和转录组联合检测分析服务招标项目

**三、投标报价方式及报价要求**

报价方式：仅以人民币报价。投标总价不得高于总预算，各单项报价不得高于该单项最高限价。

**四、提交投标书的方式、地点和截止时间**

1. 投标书必须以密封加盖骑缝章的形式亲自或快递送达汕头新陵路22号汕头大学医学院 设备科

联系人：杨成瑜

联系电话：（0754）88900477、13016667886

传真电话：（0754）88900305

***投标截止时间：2024年 6 月 24日上午9:30(北京时间)***

**五、评（议）标原则**

1.争取最优的性能价格比，不一定接受最低报价，不接受不符合招标书要求的投标书。

2.在同样服务同等报价情况下优先选择有出具技术实力、科研实力证明资料的最优秀投标人。

**六、开标、评标、定标**

1. 招标人将组织公开开标,必要时通知投标人现场答辩。
2. 招标人将仅对确认为符合招标文件要求的投标进行评价和比较。
3. 合同将授予符合招标文件条件并对买方最为有利的投标人，招标人没有义务必须接受最低报价的投标。
4. 招标人有权在定标以前拒绝任何或全部投标，对由此造成对投标人的影响不负任何责任，同时对此不做任何解释。
5. 招标人可以接受投标货物中的任何一项、几项或全部，并有权在授予合同时改变订货的数量。

**七、评标过程的保密性**

1. 公开开标后，直至向中标的投标人授予合同时止，凡与审查、澄清、评价和比较投标有关的资料以及授标意见等，均不得向投标人及与评标无关的其他人透露。
2. 在评标过程中，如果投标人试图在投标文件审查、澄清、比较及授予合同方面向买方施加任何影响，其投标将被拒绝。

**第二部分 技术服务内容、技术指标要求等**

一．项目名称：汕头大学医学院宏基因组、蛋白组学和转录组联合检测分析服务招标项目

总预算：450000元

**二、采购内容：**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **检测分析类别** | **数量** | **单位** | **最高限价（万元）** |
| 宏基因组 | 250 | 480元/人份 | 120000 |
| 蛋白组学 | 250 | 960元/人份 | 240000 |
| 转录组 | 250 | 360元/人份 | 90000 |

**三、服务要求：**

技术目标：

完成250例人源样本宏基因测序服务；完成250例人源样本DIA蛋白组学检测服务；完成250例人源样本转录组测序服务。

1. **宏基因组测序**

宏基因组学（Metagenomics）：是一种以特定生境中的整个微生物群落的基因组为研究对象，使用高通量测序技术获得全部DNA序列信息，以探究生物多样性、种群结构、进化关系、功能活性、相互协作关系、及

与环境之间的关系。

**1.1实验流程**

**1.1.1文库构建及库检**

检测合格的 DNA 样品用 Covaris 超声波破碎仪随机打断成长度约为 350bp 的片段，经末端修复、加 A尾、加测序接头、纯化、PCR 扩增等步骤完成整个文库制备。

文库构建完成后，先使用 Qubit2.0 进行初步定量，稀释文库至 2ng/ul，随后使用 Agilent 2100 对文库的 insert size 进行检测，insert size 符合预期后，使用 Q-PCR 方法对文库的有效浓度进行准确定量（文库有效浓度 ＞3nM），以保证文库质量。

**1.1.2上机测序**

 库检合格后，把不同文库按照有效浓度及目标下机数据量的需求 pooling 后进行 Illumina Novaseq 6000平台, PE 150测序**。**

* 1. **生物信息分析流程**
     1. 数据质控：测序得到的原始数据(Raw Data)会存在一定比例的低质量数据，为了保证后续信息分析结果的准确可靠，首先要对原始数据进行质控及宿主过滤，得到有效数据(Clean Data)；
     2. Metagenome 组装：从各样品质控后的 Clean Data 出发，进行 Metagenome 组装；
     3. 基因预测：从单样品组装后的 scaftigs 出发，采用 MetaGeneMark 进行基因预测，并将各样品预测产生的基因放在一起，进行去冗余，构建 gene catalogue，从 gene catalogue 出发，综合各样品的 Clean Data，可获得 gene catalogue 在各样品中的丰度信息；
     4. 物种注释：从 gene catalogue 出发，和 MicroNR 库进行比对，获得每个基因（Unigene）的物种注释信息，并结合基因丰度表，获得不同分类层级的物种丰度表；
     5. 常用功能数据库注释：从 gene catalogue 出发，进行代谢通路(KEGG)，同源基因簇(eggNOG)，碳水化合物酶(CAZy)的功能注释和丰度分析；
     6. 基于物种丰度表和功能丰度表，可以进行丰度聚类分析，PCA和NMDS 降维分析，Anosim分析，样品聚类分析；当有分组信息时，可以进行Metastat和LEfSe多元统计分析以及代谢通路比较分析，挖掘样品之间的物种组成和功能组成差异；
     7. 抗性基因注释：利用gene catalogue与抗生素抗性基因数据库CARD（The Comprehensive Antibiotic Resistance Database）进行注释，可以获得抗性基因丰度分布情况以及这些抗性基因的物种归属和抗性机制；
     8. 高级信息分析: 另外，还可以基于标准分析结果，进行一系列高级信息分析（如 CCA/RDA 分析，肠型分析，拷贝数变异（CNV）分析，CAG/MLG分析，病原与宿主互作数据库(PHI)注释，分泌蛋白预测，III型分泌系统效应蛋白预测，细菌致病菌毒力因子(VFDB)注释，转移元件分析（MGE）等；同时，结合环境因子、病理指标或特殊表型进行深入关联研究，能够为进一步深入研究和利用样品的物种和功能提供理论依据。

**1.3分析结果流程**

**1.3.1 测序数据预处理**

采用 Illumina测序平台测序获得的原始数据(Raw Data)存在一定比例低质量数据，为了保证后续分析的结果准确可靠，需要对原始的测序数据进行预处理，获取用于后续分析的有效数据(Clean Data)。具体处理步骤如下：

1）去除所含低质量碱基（质量值<=38）超过一定比例（默认设为 40bp）的 reads；

2）去除 N 碱基达到一定比例的 reads（默认设为10bp）；

3）去除与 Adapter 之间 overlap 超过一定阈值（默认设为 15bp）的 reads；

4）如果样品存在宿主污染，需与宿主序列进行比对，过滤掉可能来源于宿主（默认采用 Bowtie2 软件，参数设置: –end-to-end, –sensitive, -I 200, -X 400）的 reads；

**1.3.2 Metagenome 组装**

使用 MEGAHIT 软件(v1.0.4-beta)对 Clean Data 进行组装分析，组装参数设置 ：--presetsmeta-large (--end-to-end, --sensitive, -I 200, -X 400），然后将组装得到的 Scaffolds 从 N 连接处打断，得到不含 N 的 Scaftigs

**1.3.3基因预测及丰度分析**

1)使用 MetaGeneMark (V2.10, http://topaz.gatech.edu/GeneMark/)对各样品的 Scaftigs (>=500bp)进行 ORF 预测并过滤掉预测结果中长度小于 100nt的信息，均采用默认参数。

2)对 ORF 预测结果，采用 CD-HIT软件 (V4.5.8, http://www.bioinformatics.org/cd-hit/)进行去冗余，以获得非冗余的初始 gene catalogue(此处将非冗余的连续基因编码的核酸序列称之为 genes)参数设置: -c 0.95,-G0,-aS 0.9,-g 1,-d 0。

3) 使用 Bowtie2 (Bowtie2.2.4)将各样品的 Clean Data 比对至初始 gene catalogue，计算 得到基因在各样品中比对上的 reads 数目，参数设置： --end-to-end, --sensitive, -I 200,- X 400。过滤掉各个样品中 reads 数目<=2

的基因，获得最终用于后续分析的 gene catalogue (Unigenes )。

4) 从比对上的 reads 数目及基因长度出发，计算得到各基因在各样品中的丰度信息， 计算公式如下所示，r 为比对上基因的 reads 数目，L 为基因的长度：

4） 基于 gene catalogue 中各基因在各样品中的丰度信息，进行基本信息统计，core-pan 基因分析，样品间相关性分析，及基因数目韦恩图分析。

1.3.4 物种注释

1 )使用 DIAMOND软件(V0.9.9.110, https://github.com/bbuchfink/diamond/ )，将 Unigenes与从 NCBI 的 NR 数据库(Version 2018-01-02 , https://www.ncbi.nlm.nih.gov/)中 抽提出的细菌(Bacteria)、真菌(Fungi)、古菌(Archaea)和病毒(Viruses)序列进行比对，参 数设置：blastp, -e 1e-5。

2) 对于每一条序列的比对结果，选取 evalue <=最小 evalue\*10的结果，由于每一条 序列可能有多个比对结果，采取 LCA 算法(应用于 MEGAN

软件的系统分类，(https://en.wikipedia.org/wiki/Lowest\_common\_ancestor)来确定该序列的物种注释信息。

3) 从 LCA 注释结果及基因丰度表出发，获得各个样品在各个分类层级(界门纲目科属 种)上的丰度信息及基因零目表，对于某个物种在某个样品中的丰度，等于注释为该物种 的基因丰度的加和[14,15,16];对于某个物种在某个样品中的基因数目，等于在注释为该物 种的基因中，丰度不为 0 的基因数目。

4) 从各个分类层级上的丰度表出发，进行 Krona 分析,相对丰度概况展示，丰度聚 类热图展示。并进行 PCA (R ade4 package, Version 2.15.3)和 NMDS (R vegan package, Version2.15.3)降维分析；使用 Anosim 分析(R vegan package, Version 2.15.3)检验组间的差 异情况；然后使用 Metastats 和 LEfSe 分析寻找组间臺异物种，Metastats 分需对各个分类层 级做组间的permutation test，得到 p 值，然后利用 Benjamini and Hochberg False Discovery Rate 方法对于 p值进行矫正，得到 q 值[33]

, LEfSe 分析使用 LEfSe 软件(LDA Score 默认 为 3)；最后应用随机森林(RandomForest) ^

43' (R pROC and randomForest packages,Version 2.15.3)对种水平物种

按梯度选取，构建随机森林模型。通过 MeanDecreaseAccuracy 和 MeanDecreaseGin 筛选出重要的物种，之后对每个模型做交叉验 证(默认 10-fold)并绘制 ROC 曲线。

1.3.5. 常用功能数据库注释

1)使用 DIAMOND 软件(vO.9.9.110, https://github.com/bbuchfink/diamond/ )将 Unigenes 与功能数据库进行比对，参数设置：blastp , -e 1e-5。功能数据严包括 KEGG数据库(Version 2018-01-01, http://www.kegg.jp/kegg/), eggNOG据 库 (Version 4.5, http://eggnogdb.embl.de/#/app/home), CAZy数 据 库 (Version 201801, http://www.cazy.org/)。对于每一条斥列的庄对结果，选取 Best Blast Hit 结果进行后续分析

2）从比对结果出发，统计不同功能层级的相对丰度（各功能层级的相对丰度等于注释 为该功能层级的基因的相对丰度之和

3） 从功能注释结果及基因丰度表出发，获得各个样品在各个分类层级上的基因数目表, 对于某个功能在某个样品中的基因数目，等于在注释为该功能的基因中，丰度不为 0 的 基因数目。

4）从各个分类层级上的丰度表出发，进行注释基因数目统计，相对丰度概况展示，丰 度聚类热图展示，PCA 和 NMDS 降维分析，基于功能丰度的 Anosim 组间（内）差异 分析，代谢通路比较分析，组间功能差异的 Metastat 和 LEfSe 分析。

1.3.6抗性基因注释

1） 使用 CARD 数据库提供的 Resistance Gene Identifier （RGI）软件将 Unigenes 与 CARD 数据库（https://card.mcmaster.ca/）进行比对（RGI 内置 blastp，默认 evalue < 1e-30）

2） 根据 RGI 的比对结果，结合 Unigenes 的丰度信息，统计出各 ARO 的相对丰度；

3） 从 ARO 的丰度出发，进行丰度柱形图展示，丰度聚类热图展示，丰度分布圈图展示，组间 ARO 差异分析，抗性基因（注释到 ARO 的 unigenes）及抗性机制物种归属分析等（对部分名称较长的 ARO,用其前三个单词与下划线缩写的形式展示）

1.3.7 其他个性化、高级分析，以及甲方要求的个性化分析（甲方满意为止）

**2.DIA蛋白组检测**

基于Astral蛋白质谱检测平台的蛋白质组学数据分析主要分为常规数据分析和高级数据分析，其中常规数据分析包含筛选出差异蛋白，对差异蛋白展开一系列生物信息学分析，定制高级数据分析如多组学关联分析，发表文章的图个性化设计等。

* 1. **数据分析信息**

**2.1.1基础分析:**

数据预处理；

差异表达蛋白筛选(Differentially Expressed Proteins)

**2.1.2常规数据分析:**

主成分分析(Principal Component Analysis) ；

所有蛋白组间比较结果的火山图分析(Volcano analysis) ；

层次聚类分析(Hierarchical Clustering Analysis) ；

COG注释分析(COG Analysis)；

亚细胞定位分析(Subcellular Location Analysis)；

GO注释富集分析(GO Annotation Enrichment Analysis) ；

KEGG注释富集分析(KEGG Annotation Enrichment Analysis)；

PPI网络构建分析(Protein-Protein Interaction Network Analysis) ；

Reactome 通路富集分析；WikiPathways 通路富集分析；转录因子分析;

GSEA分析（Gene Set Enrichment Analysis）；

激酶分析(Transcription Factor，)；

WGCNA 分析(weighted gene co-expression network analysis)等

**2.1.3**其他个性化、高级分析，以及甲方要求的个性化分析（甲方满意为止）

**3.转录组学**

**3.1 RNA 提取与检测**

总RNA质量检测：浓度及纯度采用nanodrop检测<Thermo Scientific NanoDrop 2000(Thermo Scientific, Waltham,Massachusetts,USA)>，完整性采用RNA专用琼脂糖电泳或是2100检测< Agilent 2100 Bioanalyzer . RNA 6000 Nano kit 5067-1511(Agilent Technologies Inc, California,USA)>。

**3.2文库构建与质检**

选择总量>=1ug 的total RNA，使用NEBNext Ultra II RNA Library Prep Kit for Illumina试剂盒(New England Biolabs Inc;Ipswich,Massachusetts,USA)（链特异性建库试剂盒NEBNext Ultra Directional RNA Library Prep Kit for Illumina），通过Oligo(dT)磁珠富集带有polyA 尾的mRNA，随后通过离子打断的方式使用二价阳离子将mRNA 随机打断。以片段化的mRNA为模版，随机寡核苷酸为引物，合成cDNA。对双链cDNA进行纯化，之后进行双末端修复及3’端引入“A”碱基并连接测序接头。用AMPure XP beads 筛选400-500 bp 左右的cDNA，进行PCR 扩增并再次使用AMPure XP beads 纯化PCR 产物，最终获得文库。使用Agilent 2100 Bioanalyzer(Agilent Technologies Inc, California,USA), Agilent High Sensitivity DNA Kit(Agilent Technologies Inc, California,USA, 5067-4626)进行文库质量检测。利用 Pico green 检测文库总浓度 (Quantifluor-ST fluorometer, Promega, Madison,Wisconsin,USA, E6090; Quant-iT PicoGreen dsDNA Assay Kit, Invitrogen,California,USA, P7589) ，QPCR 定量检测有效文库浓度（StepOnePlus RealTime PCR Systems, Thermo Scientific, Waltham,Massachusetts,USA））。多样品DNA 文库（multiplexed DNA libraries）均一化后等体积混合。将混合好的文库逐步稀释定量后在Illumina Novaseq6000 测序仪上进行PE150模式测序

**3.3有参转录组分析方法**

**3.3.1数据质控**

样品经过上机测序，得到图像文件，由测序平台自带软件进行转化，生成FASTQ 的原始数据（Raw Data），即下机数据。下机数据包含一些带接头 、低质量的 Reads，这些序列会对后续的信息分析造成很大的干扰，因此需要对测序数据进行进一步过滤。数据过滤的标准主要包括：1）采用 Cutadapt 去除3' 端带接头的序列；2）去除平均质量分数低于 Q20 的 Reads。后续所有分析均是基于clean data进行的高质量分析。

**3.3.2序列比对到参考基因组**

直接从基因组网站下载参考基因组和基因模型注释文件。使用HISAT2 v2.0.5 构建参考基因组的索引，并使用HISAT2 v2.0.5 将配对末端clean reads 与参照基因组比对。我们选择HISAT2 作为比对工具，因为HISAT2可以基于基因模型注释文件生成拼接连接的数据库，因此比其他非拼接比对工具有更好的比对效果。

**3.3.3基因表达分析**

使用 HTSeq(0.9.1)统计比对到每一个基因上Read Count值，作为基因的原始表达量。为了使不同基因、不同样本间的基因表达水平具有可比性，采用FPKM对表达量进行标准化（Nosrmalization），FPKM(Fragments Per Kilo bases per Million fragments)是每百万片段中来自某一基因每千碱基长度的片段数目，对于 Pair-End 测序，每个 Fragments 会有两个 Reads，FPKM 只计算两个 Reads 能比对到同一个转录本的 Fragments 数量。

**3.3.4差异表达分析**

使用DESeq软件（1.20.0）进行两个比较组合之间的差异表达分析。采用 DESeq 对基因表达进行差异分析，筛选差异表达基因条件为：表达差异倍数 |log2FoldChange| > 1 ，显著性P-value<0.05。

3.3.5差异基因富集分析

使用topGO进行GO富集分析，通过超几何分布方法计算P-value（显著富集的标准为P-value < 0.05），找出差异基因显著富集的GO term ，从而确定差异基因行使的主要生物学功能。使用clusterProfiler（3.4.4）软件进行KEGG 通路富集分析，重点关注Pvalue < 0.05的显著富集通路。

3.3.6新转录本分析

在已有的参考基因组基础上，使用软件 StringTie（http://ccb.jhu.edu/software/stringtie/）将mapped reads进行组装拼接，与已知转录本进行比较，获得没有注释信息的转录本，将 Class Code 为"j", "i", "u"的转录本作为新转录本，"x" 可能为已知转录本的反义转录本，因此也作为新转录本，对所有新转录本进行功能注释。

3.3.7差异可变剪切分析

使用rMATS（3.2.5）软件分析差异可变剪切事件，主要分析的可变剪切事件类型为主要包括SE、RI、MXE、A5SS、A3SS。

3.3.8 SNP和indel 分析

采用 Varscan 程序获取 SNP 和 InDel 位点，过滤标准为：

1）SNP 位点碱基 Q >20；

2）覆盖该位点的 Reads 数目> 8 ；

3）支持突变位点的 Reads 数目> 2；

4）SNP 位点的 p-value < 0.01。变异位点分析。

3.3.9转录因子家族分析

真核生物转录起始过程十分复杂，往往需要多种蛋白因子的协助，转录因子（Transcription Factor，TF）是一类能与基因5‘端上游特定序列专一性结合，并与RNA聚合酶Ⅱ形成转录起始复合体，共同参与转录起始的过程的蛋白质分子。转录因子的预测是分别将植物和动物与PlantTFDB（Plant Transcription Factor Database）和AnimalTFDB（Animal Transcription Factor DataBase）数据库比较，从而预测得到转录因子以及转录因子所属的家族信息。

3.3.10外显子差异分析

使用DEXSeq包来分析RNA-seq实验数据中外显子使用（exon usage）差异，这里外显子使用差异指的是由于实验条件导致的相对不同的外显子使用。

3.3.11差异基因蛋白网络互作分析

依据 STRING 数据库（https://string-db.org/）进行蛋白互作分析，以此揭示目的基因之间的作用关系。当STRING数据库中收录该物种的PPI信息时，根据基因差异表达分析结果，直接数据库中筛选含有差异基因并且Score>0.95的PPI作用对。当网络过大或过小时，可调节Score值。当STRING数据库中没有该物种的PPI信息时，选择相近物种与该物种的蛋白质序列进行比对，进而得到该物种的蛋白质之间的相互关系。（对于无参考基因组的转录组测序项目，选择相近物种与该物种的Unigene序列进行比对。

**4. 技术质量及售后服务要求**

**4.1 技术质量要求**

宏基因组和转录组指标：文库质检合格后，测序Q20>90%，Q30>85%，每个文库数据产出不低于目标数据量的98%。每个样本的目标采集、可供分析的数据量不少于6G的raw data.

蛋白质组指标：，样品进行DIA检测分析，数据质控:CV>20%;可供分析的蛋白质鉴定结果要达到1500个。

**4.2售后服务要求:**

**4.2.1**每例实验需提供明细实验步骤和结果，包括所有测序原始数据，个性化生物信息学数据分析;

**4.2.2**如因供应商原因导致项目失败，如服务或产品质量不合格等，供应商承担全部责任并退还付款。

**4.2.3项目周期:**转录组和宏基因项目核酸提取、库检、检测、建库、上机与分析不超过45个自然日;蛋白质组项目蛋白提取、多肽、搜库、上机与分析不超过40个自然日。

**4.2.4数据存贮周期**:不少于6个月。

**4.2.5保密内容:**原始资料、技术路线、实验报告及与实验有关的资料结果、服务价格，以及甲方及甲方工作人员因履行本合同而了解、知悉的乙方商业秘密与技术秘密。保密期限:自合同生效日起永久保密。

**第三部分 合同（参考样本）**

合同编号： .

需 方（甲方）： 签订地点：汕头

供 方（乙方）：

根据《中华人民共和国民法典》及­­­­\_\_\_\_\_\_年\_\_月\_\_日汕头大学医学院“医学仪器与办公设备\_\_\_\_\_\_号”招标文件和依据此文件产生的中标结果，经甲、乙双方平等协商，签订本合同。

一．下列合同文件是构成本合同不可分割的部分：

1. 合同条款

2.中标公告

3. 其他文件或材料

**二．服务费用报价**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 项目名称 | 检测分析类型 | 数量 | 单位 | 提供服务期限 | 单价  (元) | 总价  (元) |
| 宏基因组、  蛋白组、  转录组联合检测分析服务 | 宏基因组 | 250 |  | 一年 |  |  |
| 蛋白组 | 250 |  | 一年 |  |  |
| 转录组 | 250 |  | 一年 |  |  |
| 项目合计总金额： | | | | | | |

**三. 服务类项目要求及供方对质量负责的条件和期限：**

1. 宏基因组和转录组文库质检合格后，测序Q20>90%，Q30>85%，每个文库数据产出不低于目标数据量的98%。每个样本的目标采集、可供分析的数据量不少于6G的raw data.蛋白的鉴定能力需要1500以上，CV≥20%。
2. 每例实验需提供明细实验步骤和结果，包括所有测序原始数据，个性化生物信息学数据分析; 如因供应商原因导致项目失败，如服务或产品质量不合格等，供应商承担全部责任并退还付款。
3. 转录组和宏基因项目核酸提取、库检、检测、建库、上机与分析不超过45个自然日;蛋白质组项目蛋白提取、多肽、搜库、上机与分析不超过40个自然日。数据存贮周期:不少于6个月。
4. 原始资料、技术路线、实验报告及与实验有关的资料结果、服务价格，以及甲方及甲方工作人员因履行本合同而了解、知悉的乙方商业秘密与技术秘密。保密期限:自合同生效日起永久保密。

**四. 交货及验收：**

1. 竣工时间：合同签定后45个自然日。
2. 数据包含完整的质控标准，标准生信分析内容及后续的个性化分析。
3. 交货地点：汕头大学医学院

服务验收合格后一星期内付清全款。

**六. 违约责任：**

1. 需方提供的样品不符合乙方要求 (包括但不限于样品制备不符合本合同要求、达不到信息采集标准、样 品污染、样品损坏等) 导致合同终止时，甲方按照乙方实际工作量支付实验已经产生的全部费用。
2. 需方保证其对样本的收集、进口、运输、保管、使用和处置均严格按照所有应适用的地方、国家和国际 的法律、伦理规定进行。因甲方违反此保证，甲方应使乙方免受任何损失，该损失包括但不限于实际损失、预期利益损失、商誉损失、诉讼费、律师费、调查取证费等。
3. 供方交付的数据不符合合同规定的，需方有权拒收，并要求供方重新免费提供服务。
4. 供方逾期交付数据，则每日按合同总额3‰向对方偿付违约金。
5. 需方逾期付款，则每日按合同总额3‰向供方偿付违约金。

**七.售后服务**

售后包括数据报告解读及数据调整后个性化分析内容

**八．技术支持及培训**

售前方案设计，样本准备要求等，售后数据报告解读和个性化分析需有专人技术对接服务。

**九. 合同的仲裁**

本合同发生争议，由双方协商或调解解决，协商或调解不成时向签订合同所在地人民法院起诉。

十．本合同一式 份，双方各持 份，具有同等法律效力。

|  |  |
| --- | --- |
| 甲方（盖章）：汕头大学医学院 | 乙方（盖章）： |
| 地址：汕头市金平区新陵路22号 | 地址： |
| 法定代表人： 谭学瑞 | 法定代表人： |
| 委托代理人： | 委托代理人： |
| 电话：0754-88900477 | 电话： |
| 传真：0754-88900305 | 传真： |
| 邮政编码：515041 | 邮政编码： |
| 开户银行：中行嘉泰支行 | 开户银行： |
| 开户账号：7055 5774 4822 | 开户账号： |
| 统一社会信用代码：12440000455861456K | 统一社会信用代码： |
| 签订日期： 年 月 日 | 签订日期： 年 月 日 |

**第四部分 投 标 书（格式）**

致：汕头大学医学院：

根据你们第设 号（招标编号）招标文件要求， （全名及职衔）经正式授权并以投标人 （投标人名称、地址）的名义投标。提交下述文件正本一份和副本一式柒份。

* + - 1. 投标书；
      2. 开标一览表；
      3. 设备配置一览表；
      4. 服务承诺书；

签字代表在此声明并同意：

１.我们愿意遵守招标人招标文件中的各项规定，供应符合“技术规范”所要求的设备，投标总报价为： 元。

２.我们同意本投标自投标截止日起30天内有效。如果我们的投标被接受，则直至合同生效时止，本投标始终有效。

３.我们已经详细地阅读了全部招标文件及附件，包括澄清及参考文件（如果有的话），我们完全理解并同意放弃对这方面有不明及误解的权利。

４.我们同意提供招标人要求的有关投标的其他资料。

５.我们理解，招标人并无义务必须接受最低报价的投标或其他任何投标。

６.所有有关本次投标的函电请寄：

授权代表（签名）:

职 位:

投标方名称:

投标方印章:

电 话： 传 真： E\_mail:

投标书附件1：

**开标一览表**

投标方名称： ，招标编号：

金额单位：元 人民币

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 序号 | 项目名称 | 投标总报价 | 备注 |
| 一 |  |  |  |
| 二 |  |  |  |
| 三 |  |  |  |
| 四 |  |  |  |
| 五 |  |  |  |
| 六 |  |  |  |
| 七 |  |  |  |
| 八 |  |  |  |

投标书附件2：

**服务承诺书（格式）**

致：汕头大学医学院：

根据你们第设 号（招标编号）招标书，我们同意招标文件中有关服务的要求，对所投的技术服务承诺如下服务：

特此承诺！

承诺方授权代表签字：

职 位:

承诺方名称:

承诺方印章:

地 址：

邮 编：

电 话：

传 真：

投标书附件3：

**关于资格文件声明的函**

致：汕头大学医学院

关于贵方 年 月 日设 号招标文件的投标邀请，本签字人愿意参加投标，并证明提交的资格文件和说明是准确的和真实的。

单位名称和地址： 授权签署本资格文件人：

名 称： 签 字： .

地 址： 签字人姓名、职务（印刷体）

传 真： 。

邮 编： 电 话： .

投标书附件4：

**资 格 文 件**

投标人应按下列要求提交资格文件：

1. 投标人全称和注册国。

2. 营业执照和工商局签发的销售许可证（复印件）。

3. 开户银行名称和帐号。