采购需求

一、采购标的

1. 采购标的（货物需求一览表或简要服务内容及数量）

包号	标的名称	最高限价单价（万元）	数量	最高限价总价（万元）	简要技术要求
1	全基因组测序	20.00	1批	20.00	详见采购需求
1	单细胞测序	55.00	1批	55.00	见采购需求
1	多组学（如空间转录组、免疫抗体组学等）测序及分析	50.00	1批	50.00	见采购需求
1	神经系统疾病研究数据采集计算分析	50.00	1批	50.00	见采购需求
1	蛋白表达纯化与结构解析蛋白组学及分析	100.00	1批	100.00	见采购需求

2. 项目背景/项目概述（如有）

老年中心改革与发展项目测试加工选择供应商。

二、商务要求

1. 交付（实施）的时间（期限）和地点（范围）

实施时间：1年

实施地点：北京市老年病医疗研究中心

2. 付款条件（进度和方式）：详见合同文本

3. 包装和运输（如适用，须满足《关于印发〈商品包装政府采购需求标准（试行）〉、〈快递包装政府采购需求标准（试行）〉的通知》（财办库〔2020〕123号））

4. 售后服务（质保期）（如适用）：6、具体服务要求

5. 保险（如适用）：详见合同文本。

三、技术要求

1. 基本要求

1.1 采购标的需实现的功能或者目标

本次招标为老年中心改革与发展项目测试加工选择供应商，投标人应根据招标文件所提出的采购需求，提供符合要求的服务方案，确保质量符合要求，以优良的服务和优惠的价格，充分显示自己的竞争实力。

1.2 需执行的国家相关标准、行业标准、地方标准或者其他标准、规范：详见

6、服务内容及要求

1.3.为落实政府采购政策需满足的要求：

1.3.1 中小企业、监狱企业及残疾人福利性单位；

1.3.2 政府采购节能产品、环境标志产品；

2、采购标的需满足的质量、安全、技术规格、物理特性等要求：满足采购人需求，达到国家及行业合格标准。

3 采购标的需满足的服务标准、期限、效率等要求：6、服务内容及要求

4、采购标的的其他技术、服务等要求：

4.1、投标人在响应采购需求时，应就“6、服务内容及要求”进行逐条响应，并注明响内容或证明材料查询页码。如投标人未就“服务内容和要求”进行逐条响应或未提供的证明材料或提供的技术支持资料与所投项目不一致或不能体现招标文件的技术要求的，评标委员会可不予承认，并可认为该应答不符合招标文件要求。由此产生的评标风险，由投标人自行承担。

4.2、对于需求要求中标注“▲”号或“#”号（如有）的参数，如需要提供支持资料，请在应答采购需求偏离表时具体到支持资料页码及条目号。

5、验收标准：详见合同文本和具体服务要求。

6、服务内容及要求：

序号	测试加工名称	技术参数	数量（项）
1	全基因组测序	1、实验平台：主要采用 Illumina 平台开展全基因组测序；PacBio、Oxford Nanopore 为备选平台，仅在需要长读长分析时按需选用。	80

序号	测试加工名称	技术参数	数量（项）
		2、样本准备 2.1、样本收集：收集组织、血液或其他含有 DNA 的样本。 2.2、DNA 提取：使用标准化的方法从样本中提取纯 DNA。	
		3、文库构建： DNA 打断→末端修复→加 A 尾→接头连接→片段选择→PCR 扩增后构建文库。	
		4、上机测序 4.1、▲测序读长：≥150bp。 4.2、▲测序深度：30x-50x 覆盖度	
		5、数据质控：采用 FastQC、Trimmomatic 质量控制软件。	
		6、序列比对：使用 BWA, Bowtie2 等软件将测序读段与参考基因组进行比对。	
		7、结果验证：对于关键的变异位点，使用 Sanger 测序进行验证。	
		8、对频率、关联分析进行统计分析，生成全基因组测序报告。	
		9.人员资质：项目团队包含至少一位相关专业人员。	
2	单细胞测序	1、实验平台：10x Genomics 平台	44
		2、样本采集：将制备好的细胞悬液、10Xbarcode 凝胶磁珠和油滴分别加入到 ChromiumChipB 的不同小室，经由微流体“双十字”交叉系统形成 GEM。细胞悬液浓度：700-1200 细胞/ul 以内。	
		3、单个 GEM 依次形成后再全部混合，细胞裂解，凝胶珠自动溶解释放大量引物序列。	
		4、释放的引物中包含 30ntpolydT 反转录引物，带有	

序号	测试加工名称	技术参数	数量（项）
		polyA 的 RNA 被反转录为带有 10X Barcode 和 UMI 信息的 cDNA 一链，再以 SMART 方式完成二链合成；	
		5、油滴破碎，磁珠纯化 cDNA 一链，然后 PCR 扩增 cDNA；cDNA 扩增完成后酶切片段化并磁珠筛选最适片段，通过末端修复、加 A、接头连接 Read2 测序引物，再以 PCR 方式构建含有 P5 和 P7 接头的 cDNA 文库；	
		6、构建文库结构，完成测序。	
		7、▲完成合同约定的 25 组样本开展单细胞转录组测序项目，数据质量 Q30＞85%，无 GC 分离，总数据量不低于 334M reads；	
		8、人员资质：项目团队包含至少一位相关专业人员。	
3	多组学（如空间转录组、免疫抗体组学等）测序及分析	1、实验平台：实验平台：Illumina 平台+主流代谢组质谱平台	10
		2、提供从实验设计、样品检测、数据分析一站式代谢组与 16S rDNA 测序整合分析服务，可满足多种检测需求。	
		3、转录组测序：基于 Illumina 高通量测序平台，在单核苷酸水平上检测任何物种的整体转录水平。在分析转录本的结构和表达水平的同时，发现未知的转录本和稀有的转录本，并能准确识别可变剪切位点和编码序列单核苷酸多态（cSNP），提供转录组信息。	
		4、样本收集 4.1、新鲜组织样本进行异戊烷固定、液氮速冻和 OCT 包埋； 4.2、使用冷冻切片机进行切片； 4.3、准备 5～10 张切片提取 RNA 并进行质量评估（要求 RIN 值>7.0）；	
		5、透化条件优化：组织优化玻片包含≥8 个捕获区域，其中≥6 个区域可分别设置 6 个不同的透化时间，另外	

序号	测试加工名称	技术参数	数量（项）
		两个区域 1 个为不加透化剂的阴性对照，另 1 个为阳性对照，不放组织切片，直接加入 RNA。实验流程为：固定→染色→明场拍照→组织透化→荧光 cDNA 合成→组织移除→荧光扫描，根据荧光强度判断最优的透化时间。	
		6、正式实验。正式实验用的基因表达芯片上有 4 个捕获区域，其实验流程为：染色以及明场拍照→组织透化（用上述优化好的透化时间进行）及 cDNA 合成→文库构建→高通量测序。	
		7、▲完成合同约定的 10 组样本开展多组学测序分析项目，数据质量 Q30＞85%，总数据量不低于 334M reads/样本	
		8、人员资质：项目团队包含至少一位相关专业硕士及以上学历人员。	
4	神经系统疾病研究数据采集计算分析	1、实验平台：阿里云平台、Illumina 分析平台	50
		2、▲片段分析：可同时检测≥6 种荧光染料。	
		3、对于通过质量控制的数据，首先将 clean reads 比对到参考基因组上。在 DNA 测序中采用 BWA(mem)进行比对。	
		4、比对后进行 post-mapping 的步骤，包括 samtools sort、picardmarkduplication 、 GATK realn、GATK recal 对于通过质量控制的数据，可以进行后续分析。首先需要将 clean reads 比对	
		5、计算分析包括： 5.1、数据清单。 5.2、数据排序。 5.3、数据筛选. 5.4、数据汇总。	

序号	测试加工名称	技术参数	数量（项）
		6、人员资质：项目团队包含至少一位相关专业人员。	
5	蛋白表达纯化与结构解析蛋白组学及分析	一、蛋白表达纯化： 1.基因克隆：将目标蛋白的基因克隆到表达载体中。 2.转化：将重组载体转化到宿主细胞中。 3.诱导表达：添加诱导剂，诱导蛋白表达。 4.细胞破碎：使用超声破碎、高压匀质等方法破碎细胞。 5.离心：离心去除细胞碎片和不溶性物质。 6.亲和纯化： 将裂解液上样到带有相应标签的亲和柱上。 使用洗涤缓冲液清洗非特异性结合的蛋白。 使用洗脱缓冲液洗脱特异性结合的蛋白。 7. 纯化验证：通过 SDS-PAGE、Western blot 等方法验证蛋白纯度。 8. 蛋白浓度测定：使用 Bradford、BCA 等方法测定蛋白浓度。	800
		二、蛋白组学分析： 1.蛋白提取：从细胞、组织或其他生物样本中提取总蛋白。 2.蛋白定量：使用 Bradford、BCA 等方法进行蛋白定量。 3.蛋白消化：使用胰蛋白酶、Lys-C 等酶进行蛋白消化，产生肽段。 4.肽段分离：通过液相色谱（LC）等方法分离肽段。 5.质谱分析： 质谱仪类型：LC-MS/MS、MALDI-TOF/TOF、Orbitrap 等测定肽段的分子量及碎片离子，用于蛋白鉴定分析 （1）对纯化蛋白进行蛋白质质谱分析/质谱鉴定；	

序号	测试加工名称	技术参数	数量（项）
		（2）对蛋白胶点，蛋白质胶条质谱鉴定，蛋白银染胶质谱鉴定，考染/荧光/Zn/Cu2+等类型染色的胶点/胶条样品进行鉴定； （3）对 pull-down 蛋白质谱鉴定、IP 蛋白互作的 IP-MS 互作蛋白鉴定、Co-IP 质谱验证互作蛋白，免疫共沉淀结合质谱验证，简单混合物样品中的蛋白样品进行蛋白质鉴定/分析； （4）对复杂样品中的未知蛋白质进行蛋白质谱分析/蛋白质谱鉴定。	
		三、人员要求：项目组人员要求至少 1 人是生物相关专业人员。	