

单一来源采购论证报告

单位：浙江农林大学

项目	采购项目名称	浙江农林大学 1 个裸子植物基因组测序分析		
	联系人	姜和强	联系电话	18868106293
	采购预算金额	100 万元	拟采用采购类型	技术服务
	拟定供应商	北京诺禾致源科技股份有限公司		
	供应商地址	北京市朝阳区酒仙桥北路甲 10 号院 301 号楼 101		
信息	请选择该项目所适用的单一来源采购情形： ☐ 1. 只能从唯一供应商处采购的； ☒ 2. 政府购买服务项目，若更换承接主体，将会导致在现有的经济和技术条件下，无法保证与原有项目的一致性或服务配套要求，且会导致服务成本大幅增加或原有投资损失的。			
项目基本概况	香榧属于红豆杉科榧树属的裸子植物，是榧树（<i>Torreya grandis</i>）中的变异类型经无性繁殖形成的优良品种，是我国特产的珍稀干果，以风味独特、营养丰富而闻名于世。香榧具有很多特色：种仁含油率达 53.46%~61.47%，其中不饱和脂肪酸占 80% 左右，一种特殊新型的多功能的多不饱和脂肪酸—金松酸含量较高；香榧抗旱能力强但不耐涝；香榧树体寿命很长，一般有 300~400 年，有的寿命则高达 1300 余年，仍见枝繁叶茂，硕“果”累累；种子成熟要跨两个年度，历时 17 个月之久，出现“二代果”现象；基因组较大；具有特香气等。但是香榧这些特色的形成机理是什么，至今仍不清楚。 为揭示以上科学问题，需要清楚其分子基础是什么，而基因组测序将为这些机理提供较为全面的分子基础。因此，对其进行基因组测序是一项迫切的任务。 前期为确定香榧基因组的特征（遗传背景、GC 含量、重复序列及杂合度等），构建 1 个小片段文库（文库大小 350bp），完成 1 个裸子植物基因组 Survey 测序。整体测序覆盖深度基因组 50X，约 1T 数据量（用来对基因组版本纠错的小片段数据进行分析）。对该裸子植物的基因组大小、杂合度、GC 含量及重复序列等特征进行评估；并对测序数据进行初步拼装。根据基因组预估情况（基因组 survey），该裸子植物基因组大小约 19212.11Mbp，且属于复杂基因组。本项目拟解决香榧大而复杂基因组的测序以及组装难题，并通过基因组测序来解析香榧特色的生物学问题，为推动香榧产业发展奠定坚实的理论基础。			

申请理由	本项目拟解决香榧大而复杂基因组的测序以及组装难题，并通过基因组测序来解析香榧特色的生物学问题，所以要求供应商运用自己的专利技术解决以下技术难点：根据待测物种的体细胞基因组序列信息构建德布鲁因图的步骤，并对待测物种的生殖细胞的单细胞基因组进行测序；比对体细胞基因组的序列信息与生殖细胞的基因组的序列信息，找到体细胞基因组序列中的杂合位点的序列信息；以及根据杂合位点的序列信息，简化德布鲁因图。通过利用生殖细胞单细胞的基因组序列信息找出高杂合基因组中的杂合位点，并在简化德布鲁因图的时候进行辅助组装，解决在组装拼接中的杂合位点难以简化的问题，从而实现高杂合基因组的拼接组装。通过前期调研为了更好的解决该基因组组装的难点，北京诺禾致源科技股份有限公司有以下技术专利可以利用，并有不同的策略来解决该复杂基因组组装问题： 1) 基于 BionNano 和 Pacbio 数据打断 gap 分析软件[简称: GBBBP]V1.0 2) Hi-C-染色体三维结构构建软件[简称: Construct3D] V1.0 3) 高杂合基因组的组装方法; ZL201410342295.0 4) 近源物种基因组共线性区域鉴定及展示软件[简称: GenomeSynteny] V1.0 并为了保证较高的测序数据质量，为基因组和后续多组学研究提供更可靠的数据质量。要求供应商拥有 illumina 官方认证的服务商，并且具有 Digital PCR NG 认证。 通过调研，前述的技术专利均为北京诺禾致源科技股份有限公司自主拥有，且满足 illumina 官方认证和 Digital PCR NG 认证，目前其他公司不同时具备。因此，只有北京诺禾致源科技股份有限公司能够完成上述所有分析。 我们和北京诺禾致源科技股份有限公司多次的交流后，该公司提出了较为合理的技术和分析方案，大致的测序方案如下： 1, 材料选择：使用香榧的胚乳组织进行核酸提取及后续的相关测序。 2, 测序策略：搭配相应长度的 DNA 插入片段进行 Pacbio 三代测序，整体测序深度不低于 100X，约 1920G 数据量；illumina 二代小片段文库测序深度 100X，约 1920G 数据量；辅助组装的 Bionano 测序深度 60X，约 1200G 数据量；辅助组装 HIC 测序深度 100X，约 1920G 数据量，并进行基因组的拼接组装，承诺基因组组装达到如下指标：连续片段 Contig N50 长度达到 1M；并对该基因组进行相关生物信息分析。该方案利用胚乳进行核酸提取能够降低基因组的杂合度，从而降低基因组的组装难度。 经过与多家公司的比对，只有北京诺禾致源科技股份有限公司提出的基因组测序方案能够满足我们测序要求。 另外选择单一来源采购的原因还有以下方面： 1, survey 调研：在前期进行基因组大小和复杂程度时，进行多家公司对比。北京诺禾致源科技股份有限公司，前后进行了 3 次 survey 调研，并进行了试测工作，对基因组的情况相对了解，并得到了与实验室流式实验相吻合的结果。 2, 项目保密角度：目前多个单位在开展裸子植物基因组项目，基于裸子植物的分析思路和相关方法避免出现竞争，希望本项目可以保密。 从项目的延续性以及保密方面，该项目只能选择北京诺禾致源科技股份有限公司来完成。 因此，希望通过单一来源方式采购。
-------------	--

专业 人员 论证 意见 及 专 业 人 员 信 息	(1) 诺禾致源与多家科研单位有非常广泛的合作。根据其已发表文章的水平 and 项目经验，在处理大基因组，高重复基因组领域，其软件调试，组装技术和能力都是最合适承担本项目的公司； (2) 诺禾致源跟该校已有合作基础，结果符合预期。迄今为止，诺禾致源参与农林相关项目 50+，本次实验是已经合作实验的延伸及优化，前期有较好的合作基础； (3) 项目在前调研时，综合考虑了各公司的能力，并进行了预实验，另外两个公司没有拿到符合课题组实验结果的结论，诺禾提出切实可行的执行方案，并拿到了准确的基因组概况，故认为诺禾具备实施本项目的的能力； (4) 在后续项目执行中，诺禾提出了切实可行的项目实施方案及应急预案，可以较好的完成该项目的拼接组装，并对后面的生物学问题进行了诸多调研，方便后续双方配合项目迅速开展，同时诺禾的测序平台是国内通量最大，最多元化的，可以保证相对较短的项目周期，更好的保证项目文章的实时性。 综合考虑，建议本项目采用单一来源方式采购并由北京诺禾致源科技股份有限公司全部承担较为合理。				
	专业人员信息				
	序号	姓名	职称	工作单位	联系电话
	1	林文强	高级工程师	福建农林大学	159820852
2	王 强	副教授	北京农学院	13811900358	
3	孙 伟	高级工程师	中国材料院	18610586228	