

第一章 采购项目技术、服务、政府采购合同内容条款及其他商务要求

说明：本章采购需求成交注“★”号的条款为本次磋商采购项目的实质性要求，供应商在磋商结束后应全部满足。

一、项目概况

A 包：蛋白、代谢组及常规分析检测服务；

B 包：核酸分析检测服务。

二、项目详细内容

A 包：

序号	服务名称	技术参数	单位	单价最高限价（元）	预计数量	备注
1	尿液硫氰酸盐测定	最低检出浓度：1μg/L	个	250	500	繁殖研究方向
2	大熊猫间充质干细胞外泌体检测	分辨率≥60,000 (FWHM), m/z 400; 最低分辨率≥7,500 (FWHM); 最高分辨率：>100,000 (FWHM), m/z 400;	个	3000	8	

		• 质量精确度 (MS 和 MS/MS) : < 3 ppm 外标法; < 1 ppm 内标法; • 动态范围: > 5000 一张谱图中; • m/z 范围: 50~2000 amu, 200 ~ 4000 amu			
3	大熊猫乳汁干细胞、子宫内膜干细胞上清培养液检测	分辨率 $\geq 60,000$ (FWHM), m/z 400; 最低分辨率 $\geq 7,500$ (FWHM); 最高分辨率: >100,000 (FWHM), m/z 400; • 质量精确度 (MS 和 MS/MS) : < 3 ppm 外标法; < 1 ppm 内标法; • 动态范围: > 5000 一张谱图中; • m/z 范围: 50~2000 amu, 200 ~ 4000 amu	个	2000	15
4	蛋白质组定量分析	分辨率 $\geq 60,000$ (FWHM), m/z 400; 最低分辨率 $\geq 7,500$ (FWHM); 最高分辨率: >100,000 (FWHM), m/z 400; • 质量精确度 (MS 和 MS/MS) : < 3 ppm 外标法; < 1 ppm 内标法; • 动态范围: > 5000 一张谱图中; • m/z 范围: 50~2000 amu, 200 ~ 4000 amu	1	3000	10
5	抗体制备	1.多克隆抗体 2.western blot 保证		5000	2
6	小分子 HRP 标记	1.标记后抗体及主要理化指标; 2.ELISA 鉴定报告; 3.完整实验报告。	1	9600	4
7	抗体生物素/HRP 标记	1.标记后抗体及主要理化指标; 2.ELISA 鉴定报告; 3.完整实验报告。	1	2500	5
8	代谢组学分析	(1)针对代谢物进行 LC-MS 非靶向检测。 (2)利用 QC 质控样本对检测过程中的仪器状态进行监控和神经递质标准品对保留时间进行校正, 对定量结果的可靠性进行多重保障。 (3)常规实验描述: 包括实验名称、报告时间、样品基本信息、实验原理、实验仪器、实验方法描述和实验结果及分析结论。 (4)生物学样本中代谢物检测数据及图谱: 保留时间, 色谱峰面积 (原始强度	1	850	30

		值)，两组样本比较的比值，ttest p 值；聚类热图；Kegg 通路分析；差异代谢物聚类分析；差异代谢物相关性分析等。				
9	石蜡包埋、切片	包括组织固定、洗涤和脱水、透明、浸蜡、包埋、切片与贴片、脱蜡、染色、脱水、透明、封片；切片平整，组织完整。	1 次	20	200	
10	载体构建	按要求进行质粒的重组构建，测序结果与预测结果一致。	1 次	3000	2	
11	质粒提取	质粒的高质量提取，不含内毒素，浓度>1ug/ul。	1 次	800	4	
12	慢病毒包装	病毒滴度>108 TU/ml；周期 8~16 日。	1 次	4000	3	
13	甘露醇检测	LS/MS -MS 检测豚鼠尿液中甘露醇的含量；mg/ml；周期 3-7 日；有完整的报告。	1 个样品	155	120	
14	乳果糖检测	LS/MS -MS 检测豚鼠尿液中甘露醇的含量；mg/ml；周期 3-7 日；有完整的报告。	1 个样品	155	120	
15	血清蛋白组	识别出样品中尽可能多的肽段和蛋白质；报告完整、易懂。	1 个样品	1800	5	
16	STR 分型	1.分子量内标清晰、无错配，SQ 值和 PQVs 值必须通过检测。 2.须提供原始的.fsa 文件以供查询，同时提交分型 EXCEL 汇总表和 PDF 分型图。	板	960	20	
17	引物合成	合成产物应达到 PAGE 纯化	bp	1.5	200	
18	组织切片	采集肾脏等组织样品固定于多聚甲醛固定液中，进行修块、脱水、透明、包埋、石蜡切片和 HE 染色并提供病理报告	个	100	95	
19	抗体制备	1.多克隆抗体 2.western blot 保证	个	6000	2	
20	抗体 HRP 标记	1.标记后抗体及主要理化指标； 2.ELISA 鉴定报告； 3.完整实验报告。	条	1500	10	
21	血清、粪便蛋白	使用 DIA (data-independent acquisition) 技术对样本进行蛋白质组分析和测试	样	2500	40	宏基因研究方向

	组	(包括预实验评估和自建库)。 质谱性能要求如下： 最低分辨率 $\geq 7,500$ (FWHM), m/z 200; 最高分辨率: $\geq 240,000$ (FWHM), m/z 200; • 质量精确度 (MS 和 MS/MS): < 3 ppm 外标法; < 1 ppm 内标法; • 动态范围: > 5000 一张谱图中; • m/z 范围: $50 \sim 6000$ amu				
22	土壤样品理化性质检测	检测土壤总碳、氮、磷、钾等基础理化性质。	个/指标	35	2000	野化放归研究方向
23	植物样品基础理化性质检测	检测植物样品含水率、总酚、单宁、粗蛋白、粗脂肪、粗纤维、非结构性碳水化合物、氨基酸含量、可溶性总糖、蔗糖、果糖、淀粉、木质素、纤维素、碳、氮、磷等基础理化性质。	个/指标	35	4000	
24	STR 扫板	1.分子量内标清晰、无错配, SQ 值和 PQVs 值必须通过检测。2.须提供原始的.fsa 文件以提供查询, 同时提交分型 EXCEL 汇总表和 PDF 分型图。	板	480	200	
25	STR 分型	1.分子量内标清晰、无错配, SQ 值和 PQVs 值必须通过检测。2.须提供原始的.fsa 文件以供查询, 同时提交分型 EXCEL 汇总表和 PDF 分型图。	板	960	50	
26	引物合成	用于 PCR 或 RT-PCR 病原检测, 合成产物应可达到 PAGE 纯	条	100	60	
27	STR 扫板	1.分子量内标清晰、无错配, SQ 值和 PQVs 值必须通过检测。2.须提供原始的.fsa 文件以供查询, 同时提交分型 EXCEL 汇总表和 PDF 分型图。	孔	10	3000	
28	土壤 N 相关酶检测	包含尿酶、硝酸还原酶、亚硝酸还原酶、羟胺还原酶	个(样	160	200	

			)			
29	土壤真菌细菌多样性	真菌细菌多样性	个 (样)	500	116	
30	土壤真菌细菌	CNPS 相关基因 71 个基因绝对定量芯片	个 (样)	550	200	
31	电镜检测	对直径为 10-200 纳米的病毒样颗粒结构进行扫描和透射检测,分析蛋白的自组装结构。TEM 点分辨率 2.05 nm (透射电镜模式,不校正情况) STEM 分辨率 1.36 nm (扫描透射电镜模式,不校正情况) STEM 分辨率 0.8 nm (扫描透射电镜模式,校正情况) 电子枪能量分辨率 ≤ 0.8 eV (300kV) 最大衍射角 ±13°	个	1000	23	
32	组化分析	利用特定的抗体对试验动物如小鼠、比格犬的不同部位的组织(如心、肝、脾、肺、肾等)进行病毒检测,并对产生的病变进行专业的病理学语言描述。	个	500	40	
33	深度定量蛋白组检测	深度定量蛋白质组学检测,分辨率≥240,000@m/z; 质量扫描范围 50-6000m/z, 扫描速度: up to 40Hz, 质量精确度: 内标<1 ppm RMS; 外标<3 ppm RMS; 灵敏度: 全扫描 MS: 100fg 上柱量利血平的 S/N 为 150:1; SIM: 50fg 上柱量利血平的 S/N 为 150:1; 动态范围: >5000: 1。	例	3000	10	疾病研究方向
34	病理切片	采集死亡或发病动物的组织病料,固定于多聚甲醛固定液中,进行修块、脱水、透明、包埋、石蜡切片和 HE 染色并提供病理诊断报告。	个	100	300	
35	血液常量及微量元素检测	利用电感耦合等离子体质谱仪(ICP-MS)的方法,通过选择不同质核比(m/z)的离子通过来检测常见的常量元素和微量元素的离子强度,进而分析计算出某种元素的强度,检出限在 1ppt 以下。白细胞双通道五分类, 31 项测量参	个	100	100	

		数，含 2 个散点图，2 个直方图，10 项研究性参数，同时具有形态学异常报警提示功能。				
36	尿液、粪便和血液非靶向代谢组 plus 分析	(1)使用本地自建标准品库，针对代谢物进行 LC-MS 非靶向检测。仪器参数：分别采用电喷雾电离（ESI）正离子和负离子模式进行检测。样品经 UHPLC 分离后用 Triple TOF6600 质谱仪（AB SCIEX）进行质谱分析。 HILIC 色谱分离后的 ESI 源条件如下：Ion Source Gas1（Gas1）：60，Ion Source Gas2（Gas2）：60，Curtain gas（CUR）：30，source temperature：600℃，IonSapary Voltage Floating（ISVF）±5500 V（正负两种模式）；TOF MS scan m/z range：60-1000 Da，product ion scan m/z range：25-1000 Da，TOF MS scan accumulation time 0.20 s/spectra，product ion scan accumulation time 0.05 s/spectra；二级质谱采用 information dependent acquisition（IDA）获得，并且采用 high sensitivity 模式，Declustering potential（DP）：±60 V（正负两种模式），Collision Energy：35±15 eV，IDA 设置如下 Exclude isotopes within 4 Da，Candidate ions to monitor per cycle：6。 (2)利用 QC 质控样本对检测过程中的仪器状态进行监控，对定量结果的可靠性进行多重保障。 (3)常规实验描述：包括实验名称、报告时间、样品基本信息、实验原理、实验仪器、实验方法描述和实验结果及分析结论。 (4)生物学样本中代谢物检测数据及图谱：保留时间，色谱峰面积（原始强度值），两组样本比较的比值，ttest p 值；聚类热图；Kegg 通路分析；差异代谢物聚类分析；差异代谢物相关性分析等。	个	1000	60	营养研究方向
37	尿液、粪便和血液短链脂肪酸、	根据样品进行检测，基于气质联用分析平台，对短链脂肪酸、中长链脂肪酸的定性和绝对定量分析。检测模式：scan 模式或 sim 模式；检测精度：<0.1	个	700	50	

	中长链脂肪酸及游离脂肪酸检测检测	mg/L; 线性: $R^2 > 0.99$; 精密度: $RSD < 10\%$ (1) 需包括针对不同脂肪酸进行开发的 kit, 能够同时对这短链脂肪酸、中长链脂肪酸和游离脂肪酸进行绝对定量分析, 使用 GC- MS/MS。 (2) 利用 QC 质控样本对检测过程中的仪器状态进行监控和脂肪酸标准品对保留时间进行校正, 对定量结果的可靠性进行多重保障。 (3) 内标法进行绝对定量, 能够有效的消除基质效应, 提高定量结果的准确性。 (4) 常规实验描述: 包括实验名称、报告时间、样品基本信息、实验原理、实验仪器、实验方法描述和实验结果。 (5) 图谱: 标准品 TIC 图谱, 每组样本其中一个样本的 TIC 图谱。 (6) 方法学和标准曲线: 提供 LOQ, 线性范围, 线性公式。 (7) 生物学样本中代谢物检测数据及图谱: 代谢物的保留时间 (RT) 和定量离子 (m/z), 色谱峰面积 (原始强度值), 根据标准曲线计算得到的代谢物浓度值, 两组样本比较的比值, ttest p 值。				
38	血液、尿液和粪便靶向代谢测定 (氨基酸代谢、能量代谢、胆汁酸、花生四烯酸等)	(1) 专门针对各靶向代谢物进行开发的 kit, 能够至少同时对各种靶向代谢物进行绝对定量分析。 (2) 利用 QC 质控样本对检测过程中的仪器状态进行监控和靶向代谢物标准品对保留时间进行校正, 对定量结果的可靠性进行多重保障。 (3) 同位素内标法进行绝对定量, 能够有效的消除基质效应, 提高定量结果的准确性。 (4) 常规实验描述: 包括实验名称、报告时间、样品基本信息、实验原理、实验仪器、实验方法描述和实验结果及分析结论。 (5) 系统稳定性数据及图谱: 代谢物的 MRM 方法参数 (Q1 和 Q3), QC 样本的保留时间, 色谱峰面积, 面积相对标准偏差 (RSD), 标准品 XIC 图谱	个	800	50	

		(6)生物学样本中代谢物检测数据及图谱：保留时间，色谱峰面积（原始强度值），两组样本较的比值，test p 值；聚类热图，变化趋势图（折线图或者箱线图）；			
39	非靶向蛋白组 (含高丰度蛋白检测)	针对样本进行相对定量（常规+全扫描），常规非靶向定量分析使用液质联用（LC-MS/MS）技术，基于鸟枪法（shotgun）的数据采集方式。全扫描定量分析采用 DIA（data-independent acquisition）技术(包括预实验评估和自建库)。质谱性能要求如下： 仪器参数：全扫描 MS：100fg 上柱量利血平的 S/N 为 150: 1、SIM：50 fg 上柱量利血平的 S/N 为 150: 1，分辨率为 240,000 @ m/z 200，扫描速度为 40 Hz 分析平台（常规）：用软件 Mascot2.2 和 Proteome Discoverer1.4 进行查库鉴定及定量分析；分析平台（全扫描）：Proteome Discoverer 2.2 进行搜库，数据处理采用 Spectronaut TM Pulsar。	个	4000	30
40	靶向定量蛋白组	靶向蛋白组的参数：进行 PRM 质谱分析。仪器参数： 全扫描 MS：100fg 上柱量利血平的 S/N 为 150: 1、SIM：50 fg 上柱量利血平的 S/N 为 150: 1，分辨率为 240,000 @ m/z 200，扫描速度为 40 Hz 分析软件：采用软件 Skyline 分析	个	3000	10
41	食物、粪便、尿液、血液和毛发常量及微量元素检测	利用电感耦合等离子体质谱仪(ICP-MS)的方法,通过选择不同质核比(m/z)的离子通过来检测常见的常量元素和微量元素的离子强度，进而分析计算出某种元素的强度，检出限在 1ppt 以下。	个	100	100
42	食物、血液、尿液及粪便常规营养成分含量分析	1.干物质、水分：烘干法，绝对差值<0.2%。 2.粗蛋白检测：索式抽提法，绝对偏差<1%。3.粗脂肪：索式提取法，结果以干物质基础且误差<5%。4.粗纤维：酸碱消煮法，偏差<2%。5.总能检测：温度分辨率：0.0001k。精密	个	600	100

		度：≤0.1%。				
43	组织切片	采集死亡或发病动物的组织病料，固定于多聚甲醛固定液中，进行修块、脱水、透明、包埋、石蜡切片和 HE 染色并提供病理报告。	个	40	100	
44	血液、尿液甲状腺激素	使用接化学发光法技术的竞争免疫测定法测定 Triiodothyronine(T3),tetraiodothyronine(T4)、free triiodothyronine (FT3)和 free thyroxine (FT4)	个 (样)	200	405	
45	图像生物特征标注	人工完成动物身体局部位位置基础数据的标注。	张	2	7015	
46	软件算法测评	测评所研发算法	次	15000	1	
47	无线温湿度传感仪外壳开模费	数据采集设备外壳的开模	次	30000	1	
48	多源传感器 PCB 板加工费	数据采集设备模块加工	块	150	10	
49	RF 模块 PCB 板加工费	数据采集设备模块加工	块	50	11	

B 包：

序号	服务名称	技术参数	单位	单价最高限价 (元)	预计数量	备注
1	RNA 真核转录组	每个样品 clean data 不少于 6 Gb；有个性化分析、有功能注释；有完整的报告。	个	1000	21	
2	大熊猫间充质干	根据样品进行 RNA 提取，利用双末端测序 (Paired-End) 的方法，进行转录	个	12000	3	

	细胞单细胞转录组测序	组测序和生物信息学分析, Q30 $\geq 80\%$ 。文库类型: 普通转录组文库; 测序策略: HiSeq PE150, 测序数据量 (Clean data): 6G, 分析内容: 可变剪切分析、新转录本预测、SNP/InDel 分析、基因表达水平分析、样本间基因表达水平的相关性分析、基因差异表达分析、差异表达基因的 GO 及 KEGG 富集分析、差异表达基因的蛋白质互作网络分析、差异表达基因中的转录因子鉴定。				
3	大熊猫乳汁干细胞、子宫内膜干细胞转录组测序	根据样品进行 RNA 提取, 利用双末端测序 (Paired-End) 的方法, 进行转录组测序和生物信息学分析, Q30 $\geq 80\%$ 。文库类型: 普通转录组文库; 测序策略: HiSeq PE150, 测序数据量 (Clean data): 6G, 分析内容: 可变剪切分析、新转录本预测、SNP/InDel 分析、基因表达水平分析、样本间基因表达水平的相关性分析、基因差异表达分析、差异表达基因的 GO 及 KEGG 富集分析、差异表达基因的蛋白质互作网络分析、差异表达基因中的转录因子鉴定。	个	1000	30	
4	全转录组测序	全转录组技术参数: 对样品进行 RNA 提取, 分别通过 PE150 和 SE50 的策略进行 Lnc-RNA 测序和 small-RNA 测序, 进行转录组测序和生物信息学分析, Q30 $\geq 80\%$ 。lnc-RNA 数据量 12G small-RNA 数据量 10M 分析内容: mRNA+Lnc-RNA+cricle-RNA+small-RNA 单独数据结果、可变剪切分析、新转录本预测、SNP/InDel 分析、基因表达水平分析、每两库和三库间的关联分析。	个	4500	12	
5	DNA 甲基化测序	适用于组织及细胞样品; 测序量 100G; 整体基因组或特定位点甲基化检测。	个	8000	6	
6	ChIP-seq	染色质样品并超声处理; ChIP 实验; 建立 ChIP-Seq 测序文库; 二代测序; 发送数据。	个	3100	6	

7	单细胞测序	按照标准程序进行单细胞建库，并进行相关分析和个性化分析，取样方式采用仪器预约上门实验的方式进行，单细胞业务线上门进行样本质控服务并当场反馈质控结果，检测合格后即可用相关仪器进行细胞分选。	个	25000	1	
8	空间转录组测序	5000 个含有数以百万计的寡核苷酸的点 (spots) 来捕获 mRNA；高灵敏性；根据组织类型不同，每个点平均捕获 1-10 个细胞；可以用新鲜-冰冻样本进行验证。	个	45000	1	
9	转录组测序	根据样品进行 RNA 提取，利用双末端测序 (Paired-End) 的方法，进行转录组测序和生物信息学分析，Q30 $\geq$ 80%。文库类型：普通转录组文库；测序策略：HiSeq PE150，测序数据量 (Clean data)：6G，分析内容：可变剪切分析、新转录本预测、SNP/InDel 分析、基因表达水平分析、样本间基因表达水平的相关性分析、基因差异表达分析、差异表达基因的 GO 及 KEGG 富集分析、差异表达基因的蛋白质互作网络分析、差异表达基因中的转录因子鉴定。	个	840	10	
10	引物合成	合成产物应达到 PAGE 纯化	对	100	64	
11	宏基因组测序	根据样品进行 DNA 提取，利用双末端测序 (Paired-End) 的方法，进行转录组测序和生物信息学分析，Q30 $\geq$ 80%。测序数据量 (Clean data)：10G。分析内容：样本间基因表达水平的相关性分析、基因差异表达分析、差异表达基因的 GO 及 KEGG 富集分析、差异表达基因的蛋白质互作网络分析、差异表达基因中的转录因子鉴定等。包括个性化分析。	个	2000	47	宏基因研究方向
12	宏基因组测序	根据样品进行 DNA 提取，利用双末端测序 (Paired-End) 的方法，进行转录组测序和生物信息学分析，Q30 $\geq$ 80%。测序数据量 (Clean data)：10G。分析内容：样本间基因表达水平的相关性分析、基因差异表达分析、差异表达基因的 GO 及 KEGG 富集分析、差异表达基因的蛋白质互作网络分析、差	个	4000	45	野化放归研究方向

		异表达基因中的转录因子鉴定等。包括个性化分析。				
13	粪便微生物分析	根据样品进行 DNA 提取，利用双末端测序（Paired-End）的方法，完成宏基因组测序，Q30 $\geq 80\%$ ；根据微生物的特征和测序数据，进行 de novo 组装和生物信息学分析。文库类型：350bp 小片段文库；测序策略：HiSeq PE150，测序数据量（Clean data）：6G，分析内容：基因预测及丰度分析、物种注释及统计、常用功能数据库注释、抗性基因注释。	个	300	100	
14	扩增子测序	1.多种测序策略可满足 16S/18S/ITS 不同高变区域的研究需求；2.合同签订前沟通确认，不低于合同约定的数据量。	个 (样)	600	250	
15	RAD-Seq 简化基因组测序及初步分析	对与限制性核酸内切酶识别位点相关的 DNA 进行高通量测序，可快速鉴定出高密度的 SNP 位点，实现遗传进化分析及重要性状候选基因的预测。分析内容：基于 RAD-Seq 的变异检测，利用 RAD-Seq 对某一物种个体或群体的基因组进行测序及差异分析，可获得 SNP、InDel 等大量的遗传多态性信息，建立遗传多态性数据库，为后续揭示进化关系、功能基因挖掘等提供理论基础	每 2G 长度 的核 酸样 品	700	30	疾病 研究 方向
16	宏基因组测序	根据样品进行 DNA 提取，利用双末端测序（Paired-End）的方法，进行转录组测序和生物信息学分析，Q30 $\geq 80\%$ 。测序数据量（Clean data）：10G，分析内容：样本间基因表达水平的相关性分析、基因差异表达分析、差异表达基因的 GO 及 KEGG 富集分析、.差异表达基因的蛋白质互作网络分析、差异表达基因中的转录因子鉴定等。包括个性化分析。	个	1800	40	
17	宏条形码测序	对特定长度的 PCR 产物或捕获的片段进行测序，分析序列中的变异。 16S/18S/ITS 等条形码测序即通过提取环境样品的 DNA，选择合适的通用引物扩增 16S/18S/ITS 的目标区域，通过检测目标区域的序列变异和丰度，以	个	1000	10	

		研究环境生物多样性及群落组成差异。				
18	一代测序	对构建的质粒、PCR 产物等进行一代测序，无重叠峰。	个	10	5000	
19	基因合成	能够对任意一段基因序列进行合成，并能用于细菌、酵母、昆虫细胞以及哺乳动物细胞的表达。	个	2500	4	
20	引物合成	合成产物可达到 PAGE 纯。	条	50	720	
21	全基因组测序	检测多种变异：单核苷酸多态性 (SNP)、插入缺失 (InDel)、结构变异 (SV)、拷贝数变异 (CNV) 等基因组信息：检测所有的基因组区域，而不只是局限于蛋白质编码区域，深度测序保证了检测的随机性，重复性好，基本分析高级分析。原始数据整理，过滤和质量评估 CS-WGR-001.SV 结构变异和注释；基因组匹配与数据统计 CS-WGR-002.CNV 拷贝数差异分析；SNPs 检测及注释 Indels 检测及注释。	个	10000	1	
22	扩增子测序	可满足 16S/18S/ITS 不同高变区域的研究需求，测序策略为 PE250 数据量为 5W reads。	个	200	40	
23	单细胞测序	按照标准程序进行单细胞建库，并进行相关分析和个性化分析，取样方式采用仪器预约上门实验的方式进行，单细胞业务线上门进行样本质控服务并当场反馈质控结果，检测合格后可用相关仪器进行细胞分选。	个	20000	2	
24	耐药基因检测	运用高通量测序对细菌携带的各种耐药基因进行检测。	个	950	20	
25	novaseq 高通量深度测序	采用全基因组鸟枪法 (Whole Genome Shotgun, WGS) 策略，将提取获得的宏基因组总 DNA 随机打断为短片段，并构建合适长度的插入片段文库，对文库进行双端 (Paired-end, PE) 测序。	lane	32000	2	
26	微生物 16S 测序	采用 CTAB 或 SDS 方法对样品进行 DNA 提取，利用双末端测序 (Paired-End) 的方法，构建小片段文库进行双末端测序。分析内容：测序数据处理、OUT 聚类 and 物种注释及丰度分析，揭示样品物种构成，挖掘样品之间的差异，筛	个	200	40	营养研究方向

		选差异菌群。				
27	宏基因组测序	根据样品进行 DNA 提取，利用双末端测序（Paired-End）的方法，进行转录组测序和生物信息学分析，Q30 $\geq$ 80%。测序数据量（Clean data）：10G，分析内容：样本间基因表达水平的相关性分析、基因差异表达分析、差异表达基因的 GO 及 KEGG 富集分析、.差异表达基因的蛋白质互作网络分析、差异表达基因中的转录因子鉴定等。包括个性化分析。	个	1500	18	
28	转录组测序	根据样品进行 RNA 提取，利用双末端测序（Paired-End）的方法，进行转录组测序和生物信息学分析，Q30 $\geq$ 80%。文库类型：普通转录组文库；测序策略：HiSeq PE150，测序数据量（Clean data）：6G，分析内容：可变剪切分析、新转录本预测、SNP/InDel 分析、基因表达水平分析、样本间基因表达水平的相关性分析、基因差异表达分析、差异表达基因的 GO 及 KEGG 富集分析、差异表达基因的蛋白质互作网络分析、差异表达基因中的转录因子鉴定。	个	840	20	
29	小 RNA 分析	对粪便、血液和尿液 RNA 提取和 miRNA 鉴定，利用单端 se50 末端测序（Paired-End）的方法，数据不用截取直接使用，有效数据最高的策略，进行 small RNA 测序分析。文库类型：umi 小 RNA 文库，实现真正的绝对定量；测序策略：bgiseq SE50，测序数据量（Clean data）：20Mb，分析内容：Small RNA 分类注释、Small RNA 与 rRNA、tRNA、snRNA、snoRNA 的比对信息、Small RNA 与重复序列的比对信息、Small RNA 与 exon/intron 的比对信息、Small RNA 与 miRBase 中指定范围的已知的 miRNA 的比对、miRNA 家族分析、动物保守 piRNA 注释分析、Small RNA 预测(miRNA/siRNA/piRNA)、已知和新 Small RNA 定量、差异表达和聚类分析(miRNA/siRNA/piRNA)、已知和新 miRNA 靶基因预测、差异 miRNA 靶基因 GO 注释和 KEGG 通路分析、	个	2200	18	

		差异 miRNA 与差异靶基因的相关性分析、差异 miRNA 与差异靶基因互作网络绘制、互作靶基因功能富集分析 (KEGG 和 GO)				
30	引物合成	用于 PCR 或 RT-PCR 病原检测, 合成产物应可达到 PAGE 纯	条	50	32	
31	克隆测序	用 Pacbio 的 long-read 对 BAC 文库质粒进行测序, 每个克隆测 300 倍深度, 平均数据量为 30MB。使用 Celera Assembler PacBio corrected Reads 流程来做组装。	GB	500	14	
32	扩增子测序	对粪便或环境 DNA 样本中的 16S/18S/ITS 不同高变区进行读长为 250bp 的双末端测序 (即 PE250), 测序数据量为 5 万 tags。	个	120	35	保护 信息 研究 方向
33	宏基因组测序	对粪便或环境 DNA 样本进行宏基因组建库测序, 测序策略为 PE150, 测序数据量为 10G clean data。	个	600	10	
34	宏基因组数据分析	对宏基因组测序数据进行分析, 内容主要包括: 样本间基因表达水平的相关性, 基因差异表达, GO 和 KEGG 功能富集, 差异表达基因的互作网络分析等, 以及其他个性化分析内容。	个	1000	10	
35	宏条形码测序	对特定长度的 PCR 产物或捕获的片段进行测序, 主要测序策略 PE150, 测序数据根据实际情况确定。	个	500	25	
36	全基因组重测序建库	进行特定物种的重测序建库。	个	150	10	
37	全基因组重测序和数据分析	进行特定物种的重测序, 测序策略为 PE150, 测序深度为 30X; 分析内容主要包括: 全基因组变异检测 (SNP、InDels 和 CNV), 种群结构和进化分析, 遗传多样性分析, 群体遗传分析, 连锁不平衡, 选择消除分析等, 以及其他个性化分析。	G	68	40	
38	基因组小片段文库构建	对长度为 300-500bp 的 DNA 片段进行文库构建	个	300	10	

39	基因扫描	对特定序列的 PCR 产物进行电泳检测	板	900	10	
40	DNA 测序	对特定 PCR 扩增序列（如线粒体 DNA 扩增片段）进行测序	对	30	400	
41	大熊猫健康状况 核酸检测与分析	大熊猫身体状况检测	次	800	10	
42	STR 分型	1.分子量内标清晰、无错配，SQ 值和 PQVs 值必须通过检测。 2.须提供原始的.fsa 文件以供查询，同时提交分型 EXCEL 汇总表和 PDF 分型图。	孔	10	300	遗传 研究 方向
43	STR 引物合成	用于微卫星 STR 分型，合成产物达到 PAGE 纯级别	OD	3	4200	
44	STR 荧光引物合成	用于微卫星 STR 分型	OD	200	149	
45	普通引物合成	用于普通检测，合成产物应达到 PAGE 纯级别	OD	1.2	5750	
46	基因合成	用于亲子鉴定相关质粒标准品制备，合成产物为质粒	OD	3	3600	
47	Sanger 测序分析	无套峰	个	20	850	
48	Hi-C 建库测序	根据样品进行 DNA 提取，构建 Hi-C 文库，保证 Hi-C 有效数据利用率（Cis+Trans 的总数占总 reads 的比例）达到 70%以上，长 reads 片段的比例至少高于总 reads 比例的 20%以上。	个	13000	8	
49	二代测序	利用 Nanodrop/凝胶电泳等技术对送检样本进行样品质量的检测；按 Illumina 平台或其他同等及更优平台标准文库构建流程进行自动化建库，并在 Illumina NovaSeq6000 测序平台或其他同等及更优平台上完成送检样本的测序；每个样本数据量不低于目标数据量的 95%，平均 Q30≥85%；全基因组测序平均深度不低于 30X，宏基因组测序单个样本量不低于 12GB，转录组测序平均深度不低于 30X 或总 reads 不低于 30 Million；样品送达后 90 天内完成全部样本的提取、建库测序和数据交付；为保障项目稳定进行，投标人需利用平台	GB	45	4600	

		提供服务,且平台需达到 15 台以上,每个样本产生的数据量不低于 12 Gb raw data; 样本质量检测合格的情况下, 确保可用于下游分析的样本数不低于总样本数的 95%。				
50	三代测序	利用 Nanodrop 以及 Qubit、脉冲场电泳或 FA 等技术对样本进行样品质量的检测; 检测合格后采用 PacBio 标准流程进行 SMRT 文库构建; 文库质检合格后, 利用 PacBio Sequel II 测序平台或其他同等及更优平台, 分别构建 15Kb CCS 文库, 完成样本的建库测序, 每例产生的 Subreads 数据量不低于 280Gb; 样品送达后 90 天内完成全部样本的提取、建库测序和数据交付; 为保障项目稳定进行, 投标人需利用符合招标人要求的平台提供服务, 且平台需达到 15 台以上, 每例产生的 Subreads 数据量不低于 280Gb; 样本质量检测合格的情况下, 确保可用于下游分析的样本数不低于总样本数的 95%。	个	25000	7	

注: 以上 A 包、B 包在项目详细内容中所给的预计数量不代表最终订购的实际具体数量, 实际数量将据实结算。

三、服务要求

A 包、B 包:

1、供应商所提供服务的质最必须符合国家相关标准, 必须满足本次采购的要求, 若服务质量不合格, 造成的损失和后果由该供应商负全责。

★2、供应商以承诺函形式承诺, 如分析测试出现问题, 供应商应保证在接到通知后 24 小时内进行解决, 费用由供应商负责。(提供承诺函原件, 格式自拟。)

3、分析测试服务必须严格按照标书所要求的各项指标进行，逐项核对，发现虚假应标，不予支付合同款，保留进一步追究其法律责任的权利。

★4、供应商以承诺函形式承诺，采购人在使用过程中出现技术问题，中标供应商保证在 24 小时内处理解决问题。（提供承诺函原件，格式自拟。）

★5、当采购人对检验结果存疑时，采购人有资格要求供应商或者第三方检测机构进行复检。如供应商提供的检测结果存在造假或泄密等行为，采购人将追究供应商法律责任。（提供承诺函原件，格式自拟。）

6、服务团队要求

（1）供应商需为本项目配备不少于 10 人的服务团队，其中项目负责人必须为固定人员，非经委托方许可，项目负责人不得随意变更。

（2）供应商要根据本项目需求，组建高水平服务团队，团队成员要具备生物信息学领域至少 2 人。

四、商务要求

A 包、B 包：

1、服务期限：因本项目为据实结算，服务期为中标金额结算完毕为止。

2、服务地点：采购人指定地点。

3、付款方式：根据实际订单、验收单、发票，每月据实结算一次。

4、验收：严格按照财政部印发的《财政部关于进一步加强政府采购需求和履约验收管理的指导意见》（财库〔2016〕205号）进行验收。

5、违约责任：

（1）如因中标人在履行职务过程中的疏忽、失职、过错等故意或者过失原因给采购人造成损失或侵害，包括但不限于采购人本身的财产损失、由此而导致的采购人对任何第三方的法律责任等，中标人对此均应承担全部的赔偿责任。

（2）中标人提供的服务不符合采购文件、报价文件或本合同规定的，每项违约中标人须向采购人支付本合同总价 5%的违约金。

（3）中标人未能按本合同规定时间提供服务，每逾期一月支付合同总金额 2%的数额向采购人支付违约金；逾期 3 个月以上的，采购人有权解除合同，由此造成的采购人经济损失由中标人承担。

（4）采购人无正当理由拒收接受服务，到期拒付服务款项的，采购人向中标人偿付本合同总金额 2%的违约金。采购人逾期付款，则每日按本合同总价的 1%向中标人偿付违约金。

★五、报价要求

本项目按照单价报价，单价最高限价详见本章“分析测试服务明细及要求”，报价超过单价最高限价的做无效

投标处理，不允许进入综合评审。

六、其他要求

★1、供应商以承诺函形式承诺，没有本地服务机构的承诺中标后一个月内设立本地化服务机构。（提供承诺函原件，格式自拟。）

2、若中标供应商在合同期内不能完成项目履约，采购人有权取消其中标资格，中标供应商顺延至下一家。

★3、供应商以承诺函形式承诺，中标后将根据采购人需求提供 A 包、B 包 2 个包件中的测试内容的全部分析数据，包括个性化分析数据。（提供承诺函原件，格式自拟。）

★4、供应商以承诺函形式承诺，未经采购人事先书面许可，不得以任何方式自行使用，并且不得以任何方式，无论口头、书面，还是磁盘、通信网络等介质向任何第三方，包括个人、公司、组织机构、社会团体、或其他经济组织等泄露服务项目及数据等保密信息。（提供承诺函原件，格式自拟。）。。