Załącznik nr 1

Dotyczy 30/CTWiT/2022

**Opis przedmiotu zamówienia**

Analizy genetyczne oraz mikrobiomu pszczelego związanego z wprowadzeniem do diety pszczół preparatu

Analiza 10 próbek pod kątem bakterii (region V3-V4 16S rRNA) oraz grzybów (region ITS1) wraz z pełną (rozszerzoną) analizą bioinformatyczną wyników wraz z graficznym i tekstowym opracowaniem w plikach edytowalnych typu .doc. i .xls. Sekwencjonowanie 20 niezależnych bibliotek, wszystko w obecności kontroli o najmniej ZymoBIOMICS Microbial Community Standards.

Dodatkowo wstępna analiza danych na aparacie typu MiSeq z użyciem oprogramowania typu MiSeq Reporter (MSR) v2.6.:

1. automatyczne demultipleksowanie próbek,

2. generowanie plików fastq, zawierających surowe odczyty.

Analiza bioinformatyczna zapewniająca klasyfikację odczytów do poziomu gatunku pakietem oprogramowania typu QIIME w oparciu o bazę sekwencji referencyjnych typu UNITE v8.2 (region ITS1 oraz ITS2) oraz PR2 v4.13.0 (region 18S).

Analiza polegająca na:

1. usunięciu sekwencji adaptorowych – program np. cutadapt,

2. analizie jakości odczytów i usunięcie sekwencji o niskiej jakości (quality < 20,

minimalna długość 30) – program np. cutadapt,

3. połączeniu sekwencji sparowanych – np. algorytm fastq-join,

4. usunięciu chimer sekwencji – np. algorytm usearch61,

5. klastrowaniu w oparciu o wybraną bazę sekwencji referencyjnych – np. algorytm uclust,

6. przypisaniu taksonomii do wybranej bazy sekwencji referencyjnych – np. algorytm blast

(regiony ITS1 oraz ITS2) i uclust (region 18S).