**专业技术服务招标参数**

**注：1、参数中不可出现任何品牌、规格、尺寸、型号，商品冠名**

**2、参数中所有的数值，都以区间的形式出现，不可出现固定值。（-~+）**

**3、参数中产品介绍简单易懂，不可出现与同类商品比较优劣势。**

**4、参数中产品不可出现产品图片，和厂家LOGO。**

**5、确认以上参数客观明确，非排他、非歧视，参数设置符合预算标准。**

1. **产品清单**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **技术服务名称** | **单位** | **数量** | **技术服务简介** |
| 肿瘤样本及血样全外显子检测和RNA检测 | 对 | 170 | 全外显子测序（Whole Exome Sequencing，WES）是利用探针杂交富集外显子区域的基因组序列，结合高通量测序检测遗传突变的技术。相比于全基因组测序，全外显子测序更高深度、更加经济、高效。转录组测序（transcriptomics）是在基因组学后新兴的一门学科，即研究特定细胞在某一功能状态下所能转录出来的所有RNA（包括mRNA和非编码RNA）的类型与拷贝数。mRNA测序（mRNA-seq）技术可在整个mRNA领域进行各种相关研究和新的发现。mRNA测序不对引物或探针进行设计，可自由提供关于转录的客观和权威信息。研究人员仅需要一次试验即可快速生成完整的poly-A尾的RNA完整序列信息，并分析基因表达、cSNP、全新的转录、全新异构体、剪接位点、等位基因特异性表达和罕见转录等最全面的转录组信息。 |

**二、技术参数（自行修改）**

**1. 行业内专业技术服务资质：**

1. 具有科技推广和应用服务业资质，。
2. 具有ISO9001质量管理体系认证。
3. 具有国家高新技术企业证书。
4. **技术服务参数：**
5. WES采用Agilent V6全外显子探针，稳定且高效捕获人类编码区基因组序列。
6. WES提供文库质控报告。
7. WES外显子测序深度为，癌组织大于200x，癌旁组织/血液大于100x。
8. WES 测序数据Q30>90%。
9. WES单个样本包含有SNP、InDel和CNV变异检测。
10. mRNA-seq采用polyA富集法，稳定且高效捕获mRNA序列。
11. mRNA-seq提供文库质控报告。
12. mRNA-seq测序数据量为，癌组织、癌旁组织/血液平均数据量6G，不低于5.4G。
13. WES、mRNA-seq联合超级增强子分析，包含超级增强子与SNP的位置关系、超级增强子靶基因的差异表达。
14. **交付期限：**

样本到位后6个自然月内完成。

1. **交付形式：**

原始数据、质控数据、基础分析、测序报告。