

Modification n° 1
Questions et réponses
(Questions et réponses de 1 à 4)

Demande de prix (DP)

Séquençage à haut débit d'extraits d'ADN provenant du sol et d'extraits d'ADN végétal

Numéro de référence dans Achats et ventes : PW-16-00715326

Numéro de la demande de soumissions : 01R11-16-C054

La présente modification à la demande de soumissions vise à répondre aux questions posées par les soumissionnaires possibles pendant la période de soumission. Voici les réponses aux questions qui ont été posées.

QUESTION 1

Est-ce que vous et les utilisateurs finaux êtes au courant de la « cessation des offres liées à la technologie et aux réactifs » d'ici à la fin de 2016 pour les plateformes 454?

RÉPONSE 1

Oui, nous savons que FLX+ est éliminé progressivement; nous croyons toutefois qu'il est important d'inclure cette technologie pour garantir que la totalité de notre travail précédent peut être achevé sur la même plateforme. Selon notre expérience dans l'utilisation de technologies, il arrive que des installations éliminent progressivement leur équipement, mais qu'elles aient toujours les consommables, etc. pour fournir les services associés à l'équipement en question. Par conséquent, nous avons demandé une proposition de prix dans le document de soumission financière, à l'annexe E, même s'il n'est pas certain que nous utilisons cette technologie durant les années d'option. Aussi, il est mentionné ce qui suit à l'annexe E : « Les estimations fournies à la colonne A serviront à évaluer les coûts et ne constituent pas une garantie ou un engagement de la part du Canada quant à l'attribution des travaux ».

QUESTION 2

Est-il acceptable de présenter une soumission pour deux des trois tâches ou faut-il le faire obligatoirement pour les trois tâches?

RÉPONSE 2

Non, il n'est pas acceptable de présenter une soumission pour deux des trois tâches. AAC demande aux fournisseurs des services de séquençage à haut débit d'extraits d'ADN provenant du sol et d'extraits d'ADN végétal au moyen des trois différents types de tâches (technologies). Dans votre soumission, vous devez proposer des prix pour les trois technologies.

QUESTION 3

À la tâche 2 (technologie Illumina MiSeq 600), les regroupements de bibliothèques en particulier sont indiqués (384 et 96 échantillons), et à la tâche 3 (technologie Illumina HiSeq 2500), le protocole de préparation TruSeq gDNA (ou toute autre méthode approuvée) est indiqué dans la description du protocole de création des bibliothèques devant être fourni. Pouvons-nous présenter une soumission à l'aide de nos propres protocoles de création de bibliothèques pour ces deux tâches? Nos protocoles sont compatibles avec les instruments de séquençage Illumina, qui ont été optimisés pour nos propres besoins.

RÉPONSE 3

Oui, vous pouvez utiliser vos propres protocoles de création de bibliothèques. TOUTEFOIS, dans le cas des échantillons MiSeq, pour garantir l'obtention de la bonne amplitude de séquençage, une procédure à 96 échantillons est nécessaire pour les extraits d'ADN bactérien et une procédure à 384 échantillons est nécessaire pour les extraits de champignons mycorhiziens à arbuscules (CMA) et de champignons autres que des CMA. Il est essentiel, pour les deux technologies, de prouver que les méthodes utilisées répondent aux exigences de séquençage établies par Illumina pour ses technologies. Effectuez des renvois vers la documentation d'Illumina pour montrer que vos protocoles internes répondent aux exigences.

QUESTION 4

Y a-t-il un délai d'exécution prévu ou souhaité pour la réception des échantillons? Je constate qu'il est nécessaire que les données soient accessibles 10 jours après l'analyse, mais y a-t-il un délai d'exécution général prévu?

RÉPONSE 4

Non, nous laissons au fournisseur le soin d'indiquer le délai d'exécution. Les soumissionnaires doivent fournir un calendrier de leur délai d'exécution moyen pour la réception des échantillons, etc. Reportez-vous à la section 2.0 de l'annexe D, Critères obligatoires, pour en savoir plus.

Toutes les autres modalités du document de DP demeurent inchangées.