

**MODIFICATION 1**  
**(Questions et réponses n<sup>os</sup> 1 à 4)**

**Demande de prix (DP) pour le séquençage génomique  
des populations de cartographie génétique du haricot sec et du soja**

Numéro d'invitation : 01R11-21-C003

Cette modification à l'invitation à soumissionner vise à répondre à des questions posées par un soumissionnaire éventuel pendant la période de soumission. Voici les questions posées et les réponses.

**QUESTION 1**

Quelle est la profondeur de séquençage?

**RÉPONSE 1**

X25 (couverture standard)

**QUESTION 2**

Pourriez-vous confirmer la taille du génome pour les deux espèces qui vous intéressent?

**RÉPONSE 2**

587 et 1 115 millions de paires de bases (Mpb)

**QUESTION 3**

Quel type de rendement de séquençage souhaitez-vous par échantillon?

**RÉPONSE 3**

Modéré (1SNP par 250-1 000 pb) en fonction du coût

**QUESTION 4**

Est-ce que la méthode de séquençage RAD conviendrait au lieu de la méthode GBS?

**RÉPONSE 4**

La méthode GBS (qui examine une plus grande portion du génome) est la méthode privilégiée, à moins qu'il soit prouvé que la méthode de séquençage RAD (fraction du génome) produira des données équivalentes à la méthode GBS pour ce qui est du total de marqueurs SNP informatifs.