



Procurement Hub | Centre d'approvisionnement
Fisheries and Oceans Canada | Pêches et Océans Canada
301 Bishop Drive | 301 promenade Bishop
Fredericton, NB, E3C 2M6

30002917

December 28th, 2022 / 28 Décembre 2022

Subject/ Object: DNA sequencing services in support of Fisheries and Oceans Canada science activities

Services de séquençage de l'ADN à l'appui des activités scientifiques de Pêches et Océans Canada

ADDENDUM #2 / ADDENDA N° 2

Further to the above-mentioned Request for Standing Offer, this Addendum (#002) is hereby issued.

Pour faire suite à la demande d'offre à commandes susmentionnée, le présent addenda NO 002 est émis.

Questions and Answers / Questions et réponses:

English

Q2 In the case of biological samples, is nucleic acid extraction duty of the tenderer?

A2 No, DNA/RNA extractions will be done by DFO and the contractor will be provided high quality DNA, RNA or sequence-ready libraries.

Q3 Is the sanger analysis mandatory or can the tenderer choose among it WGS, RNA seq or amplicon seq?

A3 Yes, Sanger sequencing is required to meet specific needs such as DNA barcoding and pathogen genotyping.

Q4 Is the list of devices mandatory or can the tenderer choose between Illumina and PacBio?

A4 The contractor must be able to provide Illumina and PacBio sequencing to meet the needs of researchers within DFO. The type of sequencing required (either Illumina or PacBio) will be decided by DFO researchers through call-ups for a specific sequencing service.

Q5 Would it be possible to know in more detail the expected number of samples to be analyzed (Sanger sequencing - regular and fast service - , and HTS sequencing)?

A5 The expected number of samples for Sanger sequencing (fast and regular) should be between 500 to 1000 per year, with the possibility of it being a bit higher (expected maximum of 1500). The amount of fast and regular Sanger sequencing should be about equal. The HTS sequencing requirements are based on individual project needs and have been estimated to be between 0 to 100 units per year. At this time, we expect a higher need for sequencing services such as NovaSeq 6000 sequencing lanes than PacBio Sequel SMT Cells.



Q6 Is the same sample supposed to be used for multiple analyses? Even on different platforms? In this case is the tenderer going to be provided with different samples from the same source material?

A6 No, separate samples (either DNA, RNA or sequence-ready libraries) will be sent for each type of sequencing services required based on the contractor's specific requirements

Q7 I am writing to clarify the differences between the examples you are looking for in M1 of the table and M2 of the table in Annex "C".

A7 The mandatory criteria M1 is to demonstrate that the contractor has provided the requested DNA sequencing services at least twice in the last 3 years. In other words, since 2020 has the contractor provided each of the services at least 2 times? M2 is for the contractor to demonstrate that they have experience working with Sanger sequencing and HTS for at least 3 years. For example, demonstrating with examples that they have provided these services in 2020, 2021 and again in 2022.

Français

Q2 Dans le cas d'échantillons biologiques, est-ce que l'extraction des acides nucléiques est la responsabilité du soumissionnaire?

R2 Non, les extractions d'ADN/ARN seront effectuées par le MPO et l'entrepreneur recevra de l'ADN, ARN de haute qualité ou des bibliothèques prêtes pour le séquençage.

Q3 L'analyse Sanger est-elle obligatoire ou le soumissionnaire peut-il choisir entre le Sanger, WGS, RNA seq ou le séquençage d'amplicons?

R3 Oui, le séquençage Sanger est requis pour répondre à des besoins spécifiques tels que les codes-barres d'ADN et le génotypage d'agents pathogènes

Q4 La liste des appareils est-elle obligatoire ou le soumissionnaire peut-il choisir entre Illumina et PacBio?

R4 L'entrepreneur doit être en mesure de fournir le séquençage Illumina et PacBio pour répondre aux besoins des chercheurs du MPO. Le type de séquençage requis (soit Illumina ou PacBio) sera décidé par les chercheurs du MPO par le biais de commandes pour un service de séquençage spécifique.

Q5 Serait-il possible de connaître plus en détail le nombre prévu d'échantillons à analyser (séquençage Sanger - service régulier et rapide, et séquençage HTS)?

R5 Le nombre d'échantillons attendu pour le séquençage Sanger (rapide et régulier) devrait être entre 500 et 1000 par an, avec la possibilité qu'il soit un peu plus élevé (maximum attendu de 1500). La quantité de séquençage Sanger rapide et régulier devrait être à peu près égale. Les exigences de séquençage HTS sont basées sur les besoins individuels de chaque projet et ont été estimées entre 0 et 100 unités par année. À l'heure actuelle, nous prévoyons un besoin plus élevé de services de séquençage tels que les « NovaSeq 6000 sequencing lanes » que les « PacBio Sequel SMT Cells ».



- Q6** Le même échantillon est-il censé être utilisé pour plusieurs analyses? Même sur différentes plateformes? Dans ce cas, le soumissionnaire recevra-t-il différents échantillons de la même source?
- R6** Non, des échantillons séparés (soit de l'ADN, ARN ou librairies prêtes pour la séquence) seront envoyés pour chaque type de services de séquençage requis en fonction des exigences spécifiques de l'entrepreneur.
- Q7** Je vous écris pour clarifier les différences entre les exemples que vous recherchez dans M1 du tableau et M2 du tableau de l'annexe « C ».
- R7** Le critère obligatoire M1 est de démontrer que l'entrepreneur a fourni les services de séquençage d'ADN demandés au moins deux fois au cours des 3 dernières années. En d'autres termes, depuis 2020, l'entrepreneur a-t-il fourni chacun des services au moins 2 fois. M2 est pour l'entrepreneur de démontrer qu'il a une expérience de travail avec le séquençage Sanger et HTS pendant au moins 3 ans. Par exemple, démontrer avec des exemples qu'ils ont fourni ces services en 2020, 2021 et à nouveau en 2022.